

Streszczenie

Nowoczesne leśnictwo coraz częściej wykorzystuje w hodowli nasiona o podwyższonej wartości genetycznej. Źródłem takich udoskonalonych genetycznie nasion są plantacje nasienne, przez które rozumie się „grupę wyizolowanych klonów lub rodów, założoną celem łatwego pozyskania nasion o cechach gwarantujących wzrost intensywności występowania przynajmniej jednej cechy hodowlanej przyjętej jako kryterium oceny”. Niestety prace naukowe, dowodzą o istotnym „zanieczyszczeniu” plantacji obcym pyłkiem prawdopodobnie dolatującym z zewnątrz plantacji. Pyłek ten jest zanieczyszczeniem genetycznym obniżającym oczekiwany efekt hodowlany. Autor rozprawy sugeruje natomiast o ważniejszym źródle „zanieczyszczenia” genetycznego plantacji, którym są występujące na plantacjach obce do teoretycznego zestawu genotypy (błędy). Celem weryfikacji sugestii autora przeprowadzono badania, które miały odpowiedzieć na następujące pytania: jaki jest ogólny poziom błędów w wybranych sektorach analizowanych plantacji nasiennych, oraz porównanie zmienności i zróżnicowania genetycznego dla wybranych markerów genetycznych pomiędzy zaplanowanym zestawem i układem szczepów, a zestawem szczepów rzeczywiście rosnących na terenie badanych plantacji.

Prace badawcze przeprowadzono na trzech różnowiekowych plantacjach nasiennych zlokalizowanych w Nadleśnictwach: Susz (MP/3/41105/05), Zdrojowa Góra (MP/3/41117/05) oraz Pniewy (MP/3/41141/05). Najstarszą z plantacji był obiekt z Nadleśnictwa Susz, a najmłodszy z Pniew. Próby w terenie pobrano z szczepów które docelowo mają zostać na plantacjach po ostatnim cięciu rozrzedzającym oraz z wzorca. Wzorcem było drzewo mateczne rosnące w terenie lub klon z archiwum klonów. Dla badanych szczepów i ich wzorców określono genotyp odnoszący się do zestawu siedemnastu markerów genetycznych. Badano zmienność czterech wybranych loci mikrosatelitarnych i trzynastu białek izoenzymatycznych.

Na podstawie przeprowadzonych badań dowiedziono że procent szczepów zgodnych na terenie wybranych sektorów badanych plantacji wynosi od 63,4% w Suszu do 96,7% w Zdrojowej Górze. Błędy można było podzielić na dwie grupy: błędy pierwszego i drugiego typu. Do pierwszej grupy należą szczepy błędnie przypisane, rosnące niezgodnie z ich planowanym położeniem na mapie plantacji. Do drugiej grupy należą szczepy „obce”, o genotypie niezgodnym z genotypem drzew matecznych z terenu plantacji. Szczepy błędnie przypisane stanowiły od 2,6% w Zdrojowej Górze do 8,2% w Pniewach, a obce szczepy od 0,6% w Zdrojowej Górze do 30,9% w Suszu. Najwyższy odsetek błędów obu typów stwierdzono w najstarszej z badanych plantacji, ich poziom był równy 36,6 %.

Obce szczepy wprowadziły na teren plantacji nowe allele. Najwięcej, bo 5 alleli przybyło dla plantacji z Susza, a 2 allele dla plantacji z Zdrojowej Góry i Pniew. Średnia liczba alleli w locus na plantację wynosiła 15,8 i była nieznacznie wyższa od średniej dla plantacji po skorygowaniu błędów, gdzie była równa 14,9. Dodanie obcych genotypów zwiększyło zatem nieznacznie średnią liczbę alleli w locus na plantację. W badanych plantacjach stwierdzono występowanie alleli „prywatnych”, czyli takich które występują tylko na terenie jednej plantacji. Najwięcej, bo 7 prywatnych alleli stwierdzono dla plantacji z Zdrojowej Góry, a ich frekwencja mieściła się w zakresie od 0,03 do 0,097. Średnia heterozygotyczność oczekiwana (H_e) we wszystkich analizowanych plantacjach wynosiła 0,77. Najbardziej heterozygotyczną

plantacją była plantacja ze Zdrojowej Góry ($H_e=0,82$), a najmniej plantacja z Pniew ($H_e=0,73$). Heterozygotyczność oczekiwana po skorygowaniu błędów nie zmieniła się istotnie. Na plantacjach nasiennych Zdrojowa Góra i Pniewy odnotowano natomiast niedobór heterozygot w stosunku do częstości oczekiwanej. Średnio deficyt heterozygot dla dwóch omawianych plantacji wynosił 15%.

Otrzymane wyniki wskazują na duży ogólny poziom zróżnicowania genetycznego (F_{st}) pomiędzy badanymi plantacjami, od 0,039 do 0,089. Porównanie wskaźnika F_{st} wykazało najwyższy poziom zróżnicowania genetycznego pomiędzy plantacjami w Suszu i Zdrojowej Górze równy $F_{st} = 0,089$. Podobne wyniki uzyskano analizując skorygowane miary oparte na statystyce G_{st} , takie jak G'_{stN} i G'_{stH} oraz współczynnik Josta (D_{st}). Dają one podobne wyniki dla wszystkich analizowanych loci.

Uzyskane wyniki mają charakter zarówno poznawczy jak i aplikacyjny. W rozprawie, dowiedziono występowanie błędów na trzech badanych plantacjach nasiennych, co jest typowe nie tylko dla polskich plantacji. Oprócz pomyłek w przypisaniu szczepów, stwierdzono również obecność „obcych” szczepów co w związku z niewielką efektywną dyspersją pyłku sosny, autor uważa, za główne źródło „zanieczyszczenia” genetycznego plantacji. Nie wiadomo jednak na podstawie przeprowadzonych badań w jakim stopniu genotyp obcych szczepów będzie przekazywany do puli potomnej co wymagałoby przeprowadzenia odrębnych badań. Nie stwierdzono natomiast istotnego wpływu obcych szczepów na podstawowe parametry genetyczne analizowanych plantacji.