

Zmienność genetyczna jodły pospolitej (*Abies alba* Mill.) zachowanej na terenie Nadleśnictwa Katowice

Genetic variation of silver fir (*Abies alba* Mill.) preserved in the Katowice Forest District

Katarzyna Masternak^{1*}, Barbara Niebrzydowska², Katarzyna Głębocka¹

¹Institut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Wydział Agrobiotechnologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Akademicka 15, 20-950 Lublin, ²Nadleśnictwo Katowice, ul. Kijowska 37b, 40-754 Katowice

*Tel. +48 81 4456675, e-mail: katarzyna.masternak@up.lublin.pl

Abstract. Environmental pollution greatly decreases a tree's health and results in dieback of forest stands. Due to increasing industrial activity in the 20th century, silver fir became almost totally extinct in the Katowice Forest District. Only 19 individuals have survived to this day. The aim of the present study was to analyze growth characteristics and polymorphisms of 25 inter-simple sequence repeats (ISSR) of the preserved trees.

The mean height of the inventoried silver firs was 19 m with a diameter at breast height (DBH) of 29 cm. Flowers were observed on few trees only. However, all trees were of high vitality without signs of fungal pathogen infections or insect outbreaks. Parameters of genetic variability, including mean effective number of alleles per locus and expected heterozygosity, were higher than described in the literature so far and they amounted to 1,659, 0,396 respectively.

Keywords: genetic diversity, ISSR markers, growth traits, industrial pollution

1. Wstęp i cel

Od połowy XVII do połowy XIX wieku udział jodły pospolitej (*Abies alba* Mill.) na terenie Górnego Śląska obniżył się z 41 do 32% (Nyrek 1975), czego główną przyczyną było stosowanie zrębowego sposobu zagospodarowania lasu prowadzącego do powstawania monokulturowych drzewostanów sosnowych i świerkowych oraz tzw. „lasu klas wieku”. W połowie XIX wieku zanotowano na Śląsku zamieranie z nieznanymi przyczyn gatunku *Abies alba* (Korpel, Vinš 1965). Dalszy spadek udziału jodły, obserwowany od połowy XIX wieku, był efektem znacznego zanieczyszczenia środowiska, które doprowadziło do rozwoju choroby spiralnej (Bernadzki 1983; Zientarski et al. 1994; Jaworski 1995). W efekcie długo trwających zmian w środowisku lasy w zasięgu Regionalnej Dyrekcji Lasów Państwowych w Katowicach składają się obecnie głównie z gatunków iglastych (78%), z czego jedynie 1,3% stanowi jodła. Całkowity udział gatunku *Abies alba* w Lasach Państwowych wynosi natomiast 2,2% (Wyniki aktualizacji stanu powierzchni leśnej 2013).

W ostatnich latach jodła dość licznie pojawia się na terenie Nadleśnictwa Katowice. Wprowadzana jest sukcesywnie od 2007 roku na nowo zakładane uprawy, tam gdzie są do

tęgo odpowiednie warunki siedliskowe i świetlne. Źródłem pozyskania leśnego materiału rozmnożeniowego są drzewostany kategorii I – ze zidentyfikowanego źródła – gospodarcze drzewostany nasienne (GDN), zlokalizowane w Nadleśnictwie Kłobuck (654. region pochodzenia), oraz w niewielkim stopniu także z GDN z Nadleśnictwa Limanowa (851. region pochodzenia). Najkorzystniejsze byłoby zapewne odnawianie materiałem roślinnym pochodzenia rodzimego, który jest najlepiej dostosowany do lokalnych warunków środowiska. Trwałość ekosystemów leśnych jest bowiem wynikiem ich zdolności adaptacyjnej uwarunkowanej genetycznie i przekazywanej następnym pokoleniom (Degen 1995). Ze względu na rozproszone występowanie jodły na obszarze Nadleśnictwa Katowice zachowane genotypy nie mogą posłużyć jako źródło pozyskania leśnego materiału rozmnożeniowego służącego do odtworzenia populacji. Nie jest bowiem możliwe zachowanie ich zasobów genowych w efekcie krzyżowania. W takim przypadku niezbędne jest utworzenie „klonowych archiwów genetycznych” lub „zachowawczych plantacji nasiennych”, które poprzez zgromadzenie drzew na jednym obszarze, umożliwią ich włączenie do procesów reprodukcyjnych poprzez zapylenie krzyżowe (Barzdajn 2000). Powrót jodły do śląskich lasów można również oprzeć

Wpłynęło: 26.09.2014 r., recenzowano: 27.10.2014 r., zaakceptowano: 18.05.2015 r.

na introdukcji proveniencji obcych. W tym przypadku sprowadzane populacje powinny odzwierciedlać zmienność populacji lokalnych, a w drzewostanach gospodarczych lepiej spełniać zadania hodowlane (Barzdajn 2006).

Celem podjętych badań jest inwentaryzacja jodły, która została zachowana na terenie Nadleśnictwa Katowice, a także określenie jej parametrów wzrostowych (wysokości, pierśnicy) oraz zmienności genetycznej przy zastosowaniu markerów ISSR. Efektem podjętych badań będzie ocena genotypu zachowanych drzew, by mogły posłużyć w przyszłości do introdukcji gatunku na tym obszarze.

2. Materiały i metody

Materiał badawczy

Wykonano inwentaryzację oraz pomierzono cechy wzrostowe jodeł zachowanych na obszarze Nadleśnictwa Katowice. Wysokość pomierzono za pomocą wysokościomierza Suunto z dokładnością do 1 m, a pierśnicę (na wysokości 1,3 m) średnicomierzem z dokładnością do 0,5 cm. Oceniono stopień porażenia przez owady i grzyby oraz obecność szyszek na poszczególnych drzewach. Lokalizację oraz charakterystykę jodeł z Nadleśnictwa Katowice przedstawiono w tabeli 1.

Analiza loci międzymikrosatelitarnych (ISSR)

Ekstrakcję genomowego DNA wykonano za pomocą metody podanej przez Rogersa i Bendicha (1988). Każdą reakcję amplifikacji wykonano w mieszaninie o objętości 10 μ l zawierającej wodę, 10 \times stężony bufor reakcyjny, 31 mM chlorku magnezu, 40 mM dNTP, 50 mM startera, 0,46 U Taq polimerazy i 40 ng genomowego DNA. Sekwencję użytych starterów zamieszczono w tabeli 2. Reakcje PCR wykonywano w termocyklerze „T1” firmy Biometra zaprogramowanym na 38 cykli amplifikacji, na które składała się denaturacja (95°C – 30 sekund), przyłączanie starterów (45 sekund w trzech pierwszych cyklach w temperaturze 54°C, w trzech kolejnych 53°C, w pozostałych 52°C) i powielanie DNA (72°C – 2 minuty). Wymienione cykle poprzedzała 7-minutowa denaturacja wstępna w temperaturze 95°C, natomiast kończyła 7-minutowa elongacja powstałych produktów w temperaturze 72°C. Po każdej reakcji przeprowadzano elektroforezę w 2% żelu agarozowym, a uzyskane wyniki wizualizowano w świetle UV i archiwizowano.

Analiza danych

Obliczono frekwencję poszczególnych alleli oraz średnią liczbę alleli w locus (N_a). Oszacowano efektywną liczbę al-

Tabela 1. Lokalizacja jodeł zachowanych na terenie Nadleśnictwa Katowice
Table 1. Location of firs preserved within the area of the Forest District Katowice

Nr drzewa Tree No.	Leśnictwo Forest Division	Oddział Compartment	Siedliskowy typ lasu Forest habitat type	Współrzędne geograficzne Geographical coordinates	
				Długość Longitude	Szerokość Latitude
1	Murcki	123b	Lw	19,048676	50,179996
2		97d	LMśw	19,064944	50,186631
3		96i	Lw	19,067455	50,184023
4		95a	LMw	19,071771	50,190207
5	Czułów	178h	LMw	19,046023	50,161480
6	Podlesie	107j	LMśw	19,014022	50,174835
7	Wesoła	41g	LMśw	19,099448	50,219373
8	Śmiłowice	79Ak	LMw	18,869625	50,211539
9		87Ag	LMw	18,880393	50,207601
10		87Am	LMśw	18,880679	50,206542
11	Górki	163Ac	LMw	19,115206	50,134240
12		163Bc	LMw	19,111439	50,113409
13		168Bg	LMśw	19,116242	50,099856
14		159g	LMśw	19,135601	50,117411
15	Panewnik	38k	BMśw	18,905517	50,238181
16		38k	BMśw	18,905234	50,238061
17		38k	BMśw	18,905273	50,238116
18		38k	BMśw	18,905283	50,238073
19		38k	BMśw	18,909523	50,238076

leli w locus (N_e), opisującą jaka część alleli zostanie przekazana kolejnemu pokoleniu (Bergmann, Gregorius 1979) oraz heterozygotyczność oczekiwaną (H_e), czyli taką jaka istniałaby w populacji będącej w stanie równowagi genetycznej Hardy’ego-Weinberga (Nei, Roychoudry 1974). Przy zastosowaniu programu NTSys ver. 5,1 (Rohlf 2001) obliczono podobieństwo genetyczne pomiędzy poszczególnymi osobnikami, a na tej podstawie wykonano drzewo dystansu genetycznego.

Tabela 2. Sekwencja zastosowanych starterów ISSR oraz liczba generowanych przez nie produktów

Table 2. Sequence of ISSR markers and the number of produced amplification products

Lp. No.	Sekwencja Sequence (5'-->3')	Liczba generowanych produktów Number of amplification products	Liczba produktów polimorficznych Number of polymorphic products
1	(AG) ₈ G	9	5
2	(GT) ₈ C	7	5
3	(AC) ₈ G	7	6
4	(GA) ₈ C	7	4
5	(GA) ₈ YC	10	9
6	(CA) ₈ G	4	2
7	(CA) ₈ GC	7	6
8	(TC) ₈ G	7	7
9	(TG) ₈ G	4	4
10	(AG) ₈ YT	7	3
11	(AC) ₈ C	5	3
12	(AG) ₇ A	9	7
13	(CA) ₈ A	9	3
14	(TC) ₉ A	5	4
15	(CT) ₉ T	7	5
16	(CTC) ₆ G	6	5
17	(ACC) ₆ T	4	2
18	(AC) ₉ G	5	4
19	(ATG) ₆ G	3	2
20	(ATG) ₈ C	5	2
21	(ATG) ₈ AC	5	3
22	(ATG) ₈ T	2	0
23	(AC) ₈ T	11	8
24	(AC) ₈ G	12	9
25	(AC) _{8Y} G	8	7

Y – oznacza T lub C

Y – specifies T or C

3. Wyniki

Najwyższą liczbę jodeł zinwentaryzowano na terenie leśnictwa Panewnik, natomiast najniższą w leśnictwach Czulów, Podlesie i Wesoła. Drzewa zachowane na terenie Nadleśnictwa Katowice charakteryzowały się średnią wysokością wynoszącą 19 m oraz pierśnicą równą 29 cm. Najniższe wartości cech wzrostowych zanotowano dla drzew: 17 – Panewnik oraz 18 – Panewnik. Osobniki o najwyższych wartościach wysokości oraz pierśnicy były zlokalizowane w leśnictwach Murcki (nr 2) i Czulów (nr 5). Wszystkie jodły charakteryzowały się wysoką żywotnością, brakiem porażenia przez patogeny grzybowe oraz brakiem oznak żerowania owadów. Większość drzew nie obradzała. Obecność szyszek zanotowano na drzewach zlokalizowanych w leśnictwach Czulów (nr 5), Podlesie (nr 6) oraz Śmiłowice (nr 9) (tab. 3).

Najwyższą wartością efektywnej liczby alleli w locus (N_e) oraz heterozygotyczności oczekiwanej (H_e) charakteryzowała się jodła z numerem 13 – Górki. Najniższe wartości wymienionych parametrów zanotowano dla drzew 9 – Śmiłowice oraz 17 – Panewnik. Średnia liczba alleli w locus (N_a) dla każdego drzewa wyniosła 1,000. Średnia efektywna liczba alleli badanej populacji 19 jodeł wyniosła 1,659, natomiast heterozygotyczność oczekiwana – 0,396.

Średni dystans genetyczny wyniósł 0,163. Nie zaobserwowano znacznego podobieństwa genetycznego jodeł pochodzących z tych samych leśnictw. Drzewa z odległych obszarów Nadleśnictwa Katowice, np. 6 – Podlesie i 14 – Górki są bowiem skupione w jednej grupie na dendrogramie. Z kolei duży dystans genetyczny zanotowano pomiędzy jodłami zlokalizowanymi w jednym leśnictwie, np. 1 – Murcki i 2 – Murcki. Najbardziej odległe od pozostałych jodeł okazało się drzewo z numerem 13 – Górki, które na dendrogramie utworzyło osobne skupienie (ryc. 1).

4. Dyskusja

Tworzenie monokulturowych drzewostanów świerkowych, stosowanie zrębowego sposobu zagospodarowania lasu oraz znaczne zanieczyszczenie powietrza doprowadziło do obniżenia udziału jodły pospolitej w Polsce, który obecnie szacuje się na 2,5% (Wyniki aktualizacji stanu powierzchni leśnej 2013). W Nadleśnictwie Katowice zachowało się jedynie 19 drzew. Źródło ich pochodzenia nie jest znane. Przypuszcza się, że zachowane osobniki mają co najmniej 50–65 lat. Przetrzywały zatem okres największych zagrożeń imisjami przemysłowymi, który przypadła na lata 80.

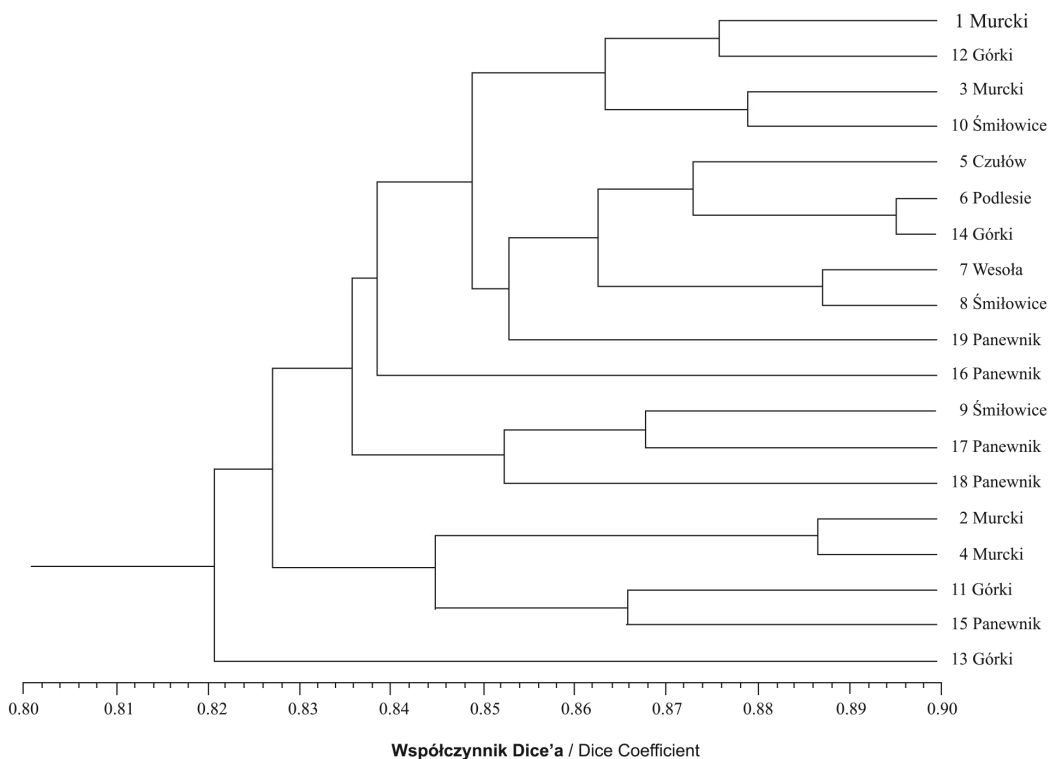
W pracy przedstawiono wyniki inwentaryzacji zachowanych jodeł oraz analizy ich zmienności genetycznej przy użyciu techniki ISSR. Metoda została opracowana przez Ziętkiewicz i in. (1994). Początkowo badania z jej wykorzystaniem dotyczyły gatunków roślin uprawnych (Wolfe, Liston 1998), jednak szybko została zaadoptowana do analiz w dziedzinie genetyki populacji (Qian et al. 2001; Smissen et al. 2003; Pérez-Collazos, Catalán 2007; Dantas et al. 2015). Mimo tego w dalszym ciągu istnieje niewiele

Tabela 3. Cechy wzrostowe oraz parametry zmienności genetycznej jodeł zachowanych na obszarze Nadleśnictwa Katowice
 Table 3. Growth characteristics and genetic variability parameters of firs preserved within the area of the Forest District Katowice

Numer drzewa Tree No.	Leśnictwo Forest Division	Wysokość Height [m]	Pierśnica DBH [cm]	Obecność szyszek Presence of cones	N_e	H_e
1	Murcki	22	34		1,645	0,392
2		31	65		1,634	0,388
3		26	47		1,667	0,400
4		28	42		1,645	0,392
5	Czułów	35	52	tak / yes	1,706	0,414
6	Podlesie	21	32	tak / yes	1,592	0,372
7	Wesoła	12	28		1,613	0,380
8	Śmiłowice	18	28		1,634	0,388
9		28	38	tak / yes	1,524	0,344
10		23	39		1,626	0,385
11	Górki	17	30		1,639	0,390
12		24	31		1,730	0,422
13		15	23		1,869	0,465
14		15	17		1,701	0,412
15	Panewnik	14	20		1,660	0,398
16		7	8		1,718	0,418
17		6	7		1,587	0,370
18		5,5	6		1,695	0,410
19		11	10		1,639	0,390
Średnia / Mean		19	29		1,659	0,396

N_e – efektywna liczba alleli w locus, H_e – heterozygotyczność oczekiwana

N_e – effective number of alleles at locus, H_e – expected heterozygosity



Rycina 1. Dendrogram podobieństwa genetycznego analizowanych jodeł
 Figure 1. Dendrogram of genetic similarity among tested firs

badań skupiających się na ocenie zróżnicowania genetycznego populacji różnych gatunków drzew leśnych za pomocą markerów ISSR (Tani et al. 1998; Mehes et al. 2007; Rubio-Moraga et al. 2012), w tym nieliczne dotyczące gatunków z rodzaju *Abies* (Tsumura et al. 1996; Woo et al. 2008). W niniejszej pracy po raz pierwszy przedstawiono wyniki zróżnicowania genetycznego jodły pospolitej uzyskane na podstawie metody ISSR. Należy podkreślić, że technika ta łączy w sobie prostotę markerów RAPD, umożliwiając przy tym uzyskanie większej ilości produktów podczas pojedynczej reakcji. Do amplifikacji stosuje się jeden starter, komplementarny do sekwencji mikrosatelitarnej. Sekwencje te występują powszechnie w genomach eukariotycznych (Tautz, Renz 1984; Fang, Roose 1997), dlatego w trakcie reakcji amplifikacji można uzyskać nawet kilkadziesiąt oflanowanych mikrosatelitami produktów, zazwyczaj więcej niż w reakcji ze starterami losowymi. Dzięki temu w krótszym czasie i przy mniejszym zużyciu odczynników uzyskuje się wyniki, które odzwierciedlają adekwatny poziom zmienności populacji. Ponadto startery ISSR są dłuższe niż startery RAPD, a to wymusza zastosowanie wyższej temperatury hybrydyzacji i powoduje, że przyłączają się one bardziej swoiście do matrycy. Efektem jest większa powtarzalność metody. Wadą tej techniki jest dominujący charakter uzyskanych produktów. Jednak w literaturze można spotkać wiele prac dotyczących zmienności genetycznej drzew leśnych przy użyciu markerów dominujących (Nkongolo et al. 2005; Vicario et al. 1995).

Zachowane w Nadleśnictwie Katowice jodły charakteryzowały się wysokim poziomem zmienności genetycznej. Ze względu na brak informacji na temat polimorfizmu loci międzymikrosatelitarnych (ISSR) gatunku *Abies alba* nie jest możliwe skonfrontowanie uzyskanych badań z wynikami otrzymanymi przez innych autorów. Natomiast biorąc pod uwagę wyniki analiz izoenzymowych tego gatunku, wyraźnie zaznacza się wyższa zmienność genetyczna jodeł z Nadleśnictwa Katowice w porównaniu z populacją ze Słowacji ($H_e=0,210-0,250$) (Kormutak et al. 2008), Włoch ($H_e=0,129-0,180$) (Parducci et al. 1996), Francji ($H_e=0,139-0,161$) (Fady et al. 1999) oraz Bałkanów ($H_e=0,119-0,184$) (Ballian et al. 2012). Na podstawie markerów izoenzymowych stwierdzono również, że oprócz niższej heterozygotyczności oczekiwanej, populacje jodeł z Włoch, Bułgarii, Macedonii, Rumunii oraz wschodnich i południowych Karpat charakteryzują się także niższą wartością efektywnej liczby alleli w locus ($N_e=1,114-1,03$, $H_e=0,102-0,188$) (Longauer et al. 2003). Zbliżone wartości heterozygotyczności oczekiwanej uzyskał natomiast Mejnartowicz (1980) ($H_e=0,416$) analizujący jedynie dwa loci izoenzymowe u polskich populacji jodły pospolitej.

Badania innych gatunków drzew leśnych markerami ISSR również wykazały ich niższą zmienność w porównaniu z polimorfizmem jodeł z terenu Nadleśnictwa Katowice. Niższymi wartościami parametrów efektywnej liczby alleli w locus i heterozygotyczności obserwowanej charakteryzowały się m.in. populacje jodły białokorej ($H_e=0,240$) (Woo et al. 2008), sosny czarnej ($N_e=1,228-1,410$, $H_e=0,123-0,242$) (Rubio

-Moraga 2012), jałowca fenickiego ($H_e=0,101-0,146$) (Meloni et al. 2006) czy krzyżówek świerka czarnego i świerka czerwonego ($N_e=1,22-1,34$) (Narendrula, Nkongolo 2012).

Na podstawie uzyskanego dystansu genetycznego nie można jednoznacznie stwierdzić, czy analizowane osobniki należą do jednej proveniencji gatunku *Abies alba*. Taką przynależność będzie można jedynie wykazać poprzez porównanie większej liczby pochodzeń z różnych regionów występowania w Polsce. Ponadto ze względu na brak informacji na temat pochodzenia zachowanych drzew istnieje duże prawdopodobieństwo, że stanowią one potomstwo rosnących tam niegdyś populacji jodły, a jako pojedynczo zachowane osobniki nie odzwierciedlają w pełni zróżnicowania pomiędzy tymi populacjami. Może to tłumaczyć brak uzyskanej zależności pomiędzy dystansem genetycznym a geograficznym.

Do prezentowanych odniesień do wyników badań innych autorów należy podchodzić ostrożnie. W trakcie interpretacji najbardziej prawidłowe i niebudzące zastrzeżeń jest bowiem porównanie uzyskanych parametrów zmienności genetycznej z innymi wynikami otrzymanymi dla tych samych gatunków oraz za pomocą tych samych markerów genetycznych. Jednak w literaturze dotychczas nie zanotowano informacji na temat zmienności genetycznej jodły pospolitej uzyskanej za pomocą techniki ISSR. Prezentowane odniesienie do wyników prac nad innymi systemami markerowymi u jodły pospolitej oraz do poziomu zmienności genetycznej innych gatunków drzew leśnych ma na celu wskazanie, że jodła zachowana na terenie Nadleśnictwa Katowice charakteryzuje się wysoką zmiennością genetyczną, która jest niezwykle cenna, warunkuje bowiem potencjał adaptacyjny drzew (Gregorius 1989; Hattemer et al. 1993). Zachowane na terenie nadleśnictwa jodły są najprawdopodobniej potomstwem proveniencji rodzimych, które przetrwały selekcję naturalną oraz selekcję przez czynniki pochodzenia antropogenicznego. Stanowią więc cenne genotypy, które mogą stać się materiałem badawczym dostarczającym informacji na temat odporności drzew na zanieczyszczenia przemysłowe oraz zależności tej cechy od zróżnicowania genetycznego drzew. Takie korelacje odkryto dotychczas na podstawie nielicznych markerów biochemicznych. Badania drzewostanów znajdujących się na obszarze zanieczyszczeń wykazują m.in. niższą zmienność izoenzymową u osobników z widocznymi uszkodzeniami w porównaniu z drzewami zdrowymi (Ziegenhagen et al. 1997). Udowodniono również korelację pomiędzy stopniem defoliacji jodeł a frekwencją genotypów i alleli w loci izoenzymowych biorących udział w szlakach metabolicznych (Konnert 1993). Polimorfizm genetyczny markerów izoenzymowych koreluje także z odpornością na stres środowiskowy u świerka (Bergmann, Scholz 1985) i buka (Müller-Starck 1989; Brus 1996). Przytoczone wyniki wskazują, że tego typu korelacje są możliwe do znalezienia zarówno na poziomie szlaków metabolicznych, jak i kwasu dezoksyrybonukleinowego, bowiem zmienność białkowa jest uwarunkowana zmiennością DNA.

XIX-wieczny sposób gospodarowania w lasach nie przewidywał ujmowania jodły w składach gatunkowych prowa-

dzonych odnowień, wskutek czego samoistne odtwarzanie się lokalnych populacji nie jest możliwe (Barzdajn 2012). Średnia liczba drzew na jednym stanowisku w Sudetach to około 15 sztuk, przy czym 75% obszarów liczy mniej niż 10 drzew (Filipiak, Barzdajn 2004). W samym Nadleśnictwie Katowice jest jedynie 19 osobników jodły. W celu odtworzenia gatunku tworzy się bazy nasienne, głównie w postaci archiwów klonowych, które obejmują materiał genetyczny pozyskany z rozproszonych drzew. Według „Programu zachowania leśnych zasobów genowych i hodowli selekcyjnej drzew na lata 2011-2035” (2011) na terenie RDLP Katowice powierzchnia jodłowych wyselekcjonowanych (wyłączonych) drzewostanów nasiennych zostanie zwiększona z 76,69 ha do 96,69 ha, upraw pochodnych z 75,19 ha do 195,19 ha, a gospodarczych drzewostanów nasiennych obniży się z 584,05 ha do 560 ha. Liczba drzew matecznych zostanie zwiększona z 30 do 70 sztuk. Planowane jest również założenie 60 ha upraw zachowawczych, 5 ha plantacji nasiennych oraz 5 ha plantacyjnych upraw nasiennych, których obecnie na terenie RDLP Katowice nie ma. Obiekty te będą stanowiły bazę nasienną służącą podwyższeniu udziału jodły na tym obszarze.

Z wykonanych badań wynika, że drzewa zachowane na terenie Nadleśnictwa Katowice charakteryzują się wysokim poziomem zmienności genetycznej. Stanowią zatem cenne źródło drzew zachowawczych, służących do utworzenia plantacji klonowych. Nasiona uzyskane z takich plantacji mogłyby zostać wykorzystane w trakcie zakładania upraw na tym terenie. Za wprowadzaniem jodły do składu gatunkowego drzewostanów w Nadleśnictwie Katowice przemawia fakt, że jodła na tym terenie była obecna do lat pięćdziesiątych XX wieku. Obecność właściwych dla jodły siedlisk oraz ograniczenie zanieczyszczeń przemysłowych mogą sprzyjać powrotowi tak cennego gatunku drzewa do śląskich lasów.

Konflikt interesów

Autorzy deklarują brak potencjalnych konfliktów.

Podziękowania

Autorzy składają serdeczne podziękowania Panom Leśniczemu Nadleśnictwa Katowice za pomoc w inwentaryzacji jodeł oraz zbiorze materiału biologicznego do analiz genetycznych.

Praca finansowana przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego jako część badań statutowych (RGH/MN/5).

Literatura

- Ballian D., Boguni F., Bajrij M., Kajba D., Kraigher H., Konnert M. 2012. The genetic population study of Balkan Silver Fir (*Abies alba* Mill.). *Periodicum Biologorum* 114(1): 55–65.
- Barzdajn W. 2000. Strategia restytucji jodły pospolitej (*Abies alba* Mill.) w Sudetach. *Sylwan* 144(2): 63–77.
- Barzdajn W. 2006. Restytucja jodły pospolitej w Sudetach. Dotychczasowe osiągnięcia. *Studia i Materiały Centrum Edukacji Przyrodniczo-Leśnej* 1(11): 69–84.
- Barzdajn W., Kowalkowski W. 2012. Restytucja jodły pospolitej (*Abies alba* Mill.) w Sudetach. Charakterystyka drzew zachowawczych. *Forestry Letters* 103: 7–16.
- Bergmann F., Gregorius H.R. 1979. Comparison of the genetic diversities of various populations of Norway spruce (*Picea abies*), w: Proceedings of the Conference on Biochemical Genetics of Forest Trees (red. F. Rudin) Umea, 99–107.
- Bergmann F., Scholz F. 1985. Effects of selection pressure by SO₂ pollution on genetic structures of Norway spruce (*Picea abies*), w: Population genetics in forestry. Lecture notes in biomatematics (red. H. R. Gregorius). Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg, New York, Tokyo, 267–275.
- Bernadzki E. 1983. Zamieranie jodły w granicach naturalnego zasięgu, w: Jodła pospolita *Abies alba* Mill. Nasze drzewa leśne (red. S. Białobok). PWN, Warszawa-Poznań, 483–501.
- Brus R. 1996. Vpliv onesnazevanja ozracja na genetsko strukturo bukovih populacij v Sloveniji. *Zbornik gozdarstva in lesarstva* 49: 67–103.
- Degen B. 1995. Zum Einsatz der Systemanalyse zur Beurteilung der Stabilität und Anpassungsfähigkeit von Waldökosystem, w: Klimawirkungsforschungen Geschäftsbereich des BML (ed. H.J. Weigel, D. Dämmgen, F. Scholz). Angewandte Wissenschaft, Landwirtschaftsverlag, Münster, 442: 167–177.
- Dantas L.G., Esposito T., Barbarosa de Sousa A.C., Félix L., Amorim L.L.B., Benko-Iseppon A.M., Batalha-Filho H., Pedrosa-Harand A. 2015. Low genetic diversity and high differentiation among relict populations of the neotropical gymnosperm *Podocarpus sellowii* (Klotz.) in the Atlantic Forest. *Genetica* 143: 21–30. DOI: 10.1007/s10709-014-9809-y.
- Fady B., Forest I., Hochu I., Ribiollet A., de Beaulieu J.-L., Pastuszka P. 1999. Genetic differentiation in *Abies alba* Mill. Populations from Southeastern France. *Forest Genetics* 63: 129–138.
- Fang D.Q., Roose M.L. 1997. Identification of closely related citrus cultivars with inter-simple sequence repeat markers. *Theoretical and Applied Genetics* 95: 408–417. DOI: 10.1007/s001220050577.
- Filipiak M., Barzdajn W. 2004. Assessment of the natural resources of European silver fir (*Abies alba* Mill.) in the Polish Sudety Mts. *Dendrobiology* 51: 19–24.
- Gregorius H.R. 1989. The importance of genetic multiplicity for tolerance of atmospheric pollution, w: Genetic effects of air pollutants in forest tree populations (red. F. Scholz, H.-R. Gregorius, D. Rudin). Springer, Berlin-Heidelberg, 163–172.
- Hattemer H.H., Bergmann F., Ziehe M. 1993. Einführung in die Genetik für Studierende der Forstwissenschaft. J. D. Sauerländer's Verlag, Frankfurt am Main, 292.
- Jaworski A. 1995. Charakterystyka hodowlana drzew leśnych. Wyd. 2. Gutenberg, Kraków.
- Konnert M. 1993. Untersuchungen zum Einfluss genetischer Faktoren auf die Schädigung der Weißtanne. *Forstwissenschaftliche Centralblatt* 112: 20–26. 10.1007/BF02742125.
- Kormuták A., Kádasi-Horáková M., Vooková B., Gömöry D. 2008. Genetic structure of Silver fir Primeval Forest in Slovakia. *Leśnický Časopis – Forestry Journal* 54: 37–42.
- Korpel' Š., Vinš B. 1965. Pestovanie jedle. SVPL, Bratislava.
- Longauer R., Paule L., Andonoski A. 2003. Genetic diversity of Southern populations of *Abies alba* Mill. *Forest Genetics* 10(1): 1–10.

- Mehes M.S., Nkongolo K.K., Michael P. 2007. Genetic analysis of *Pinus strobus* and *Pinus monticola* populations from Canada using ISSR and RAPD markers: development of genome-specific SCAR markers. *Plant Systematics and Evolution* 267: 47–63. DOI: 10.1007/s00606-007-0534-1.
- Mejnartowicz L. 1980. Polymorphism at the LAP and GOT loci in *Abies alba* Mill. populations. *Bulletin de l'Academie Polonaise des Sciences. Serie des Sciences Biologiques*. C1. V., 27(12): 1063–1070.
- Meloni M., Perini D., Filigheddu S., Binell G. 2006. Genetic Variation in Five Mediterranean Populations of *Juniperus phoenicea* as Revealed by Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR) Markers. *Annals of Botany* 97: 299–304. DOI: 10.1093/aob/mcj024.
- Müller-Starck G. 1989. Genetic implications of environmental stress in adult forest stands of *Fagus sylvatica* L., w: Genetics effects of air pollutants in forest tree populations (red. F. Scholz, H. R. Gregorius, D. Rudin) Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg, 127–142.
- Narendrula R., Nkongolo K.K. 2012. Genetic Variation in *Picea mariana* × *P. rubens* Hybrid Populations Assessed with ISSR and RAPD Markers. *American Journal of Plant Sciences* 3: 731–737. DOI: 10.4236/ajps.2012.36088.
- Nei M., Roychoudry A.K. 1974. Sampling variances of heterozygosity and genetic distance. *Genetics* 76: 379–390.
- Nkongolo K. K., Michael P., Demers T. 2005. Application of ISSR, RAPD, and cytological markers to the certification of *Picea mariana*, *P. glauca*, and *P. engelmannii* trees, and their putative hybrids. *Genome* 48(2): 302–11. DOI: 10.1139/G04-118.
- Nyrek A. 1975. Gospodarka leśna na Górnym Śląsku od połowy XVII w. do połowy XIX w. Zakład Narodowy im. Ossolińskich, Wrocław, 234.
- Parducci L., Szmidt A.E., Villani F., Wang X-R., Cherubini M. 1996. Genetic variation of *Abies alba* in Italy. *Hereditas* 125: 11–18. DOI: 10.1111/j.1601-5223.1996.00011.x.
- Pérez-Collazos E., Catalán P. 2007. Genetic diversity analysis and conservation implications for the iberian threatened populations of the irano-turanian relict *Krascheninnikovia ceratoides* (Chenopodiaceae). *Biological Journal of the Linnean Society* 92: 419–429. DOI: 10.1111/j.1095-8312.2007.00882.x
- Qian W., Ge S., Hong D-Y. 2001. Genetic variation within and among populations of a wild rice *Oryza granulata* from China detected by RAPD and ISSR markers. *Theoretical and Applied Genetics* 102: 440–449. DOI: 10.1007/s001220051665.
- Rogers S.O., Bendich A.J. 1988. Extraction of DNA from plant tissue, w: Plant Molecular Biology Manual (S.B. Glewin, R.A. Schilperoot). Kluwer, Dordrecht.
- Rohlf F.J. 2001. NTSYS-pc numerical taxonomy and multivariate analysis system. Version 5.1. Exeter Publishing Ltd., Setauket, N.Y. DOI: 10.1086/416356.
- Rubio-Moraga A., Candel-Perez D., Lucas-Borja M. E., Tiscar P. A., Viñebla B., Linares J. C., Gómez-Gómez L., Ahrazem O. 2012. Genetic Diversity of *Pinus nigra* Arn. Populations in Southern Spain and Northern Morocco Revealed By Inter-Simple Sequence Repeat Profiles. *International Journal of Molecular Science* 13. DOI: 10.3390/ijms13055645.
- Sabor J., Barzdajn W., Blonkowski S., Chałupka W., Fonder W., Giertych M., Korczyk A., Matras J., Potyrański A., Szeląg Z., Zajączkowski S. 2011. Program zachowania leśnych zasobów genowych i hodowli selekcyjnej drzew na lata 2011–2035. CILP, Warszawa.
- Smissen R.D., Breitwieser I., Ward J.M., McLenachan P.A., Lockhart P.J. 2003. Use of ISSR profiles and ITS-sequences to study the biogeography of alpine cushion plants in the genus *Raoulia* (Asteraceae). *Plant Systematics and Evolution* 239: 79–94. DOI: 10.1007/s00606-002-0249-2.
- Tani N., Tomaru N., Tsumura Y., Araki M., Ohba K. 1998. Genetic structure within a Japanese stone pine (*Pinus pumila* Regel) population on Mt. Aino-Dake in central Honshu, Japan. *Journal of Plant Research* 111: 7–15. DOI: 10.1007/BF02507145.
- Tautz D., Renz M. 1984. Simple sequences are ubiquitous repetitive components of eucaryotic genomes. *Nucleic Acids Research* 12: DOI: 4127–4138. 10.1093/nar/12.10.4127.
- Tsumura Y., Ohba K., Strauss S.H. 1996. Diversity and inheritance of inter-simple sequence repeat polymorphism in Douglas-fir (*Pseudotsuga menziesii*) and sugi (*Cryptomeria japonica*). *Theoretical and Applied Genetics* 92(1): 40–45. DOI: 10.1007/BF00222949.
- Vicario F., Vendramin G. G., Rossi P., Liò P., Giannini R. 1995. Allozyme, chloroplast DNA and RAPD markers for determining genetic relationships between *Abies alba* and the relic population of *Abies nebrodensis*. *Theoretical and Applied Genetics* 90: 1012–1018. DOI: 10.1007/BF00222915.
- Wolfe A.D., Liston A. 1998. Contributions of PCR-based methods to plant systematics and evolutionary biology, w: Plant molecular systematics (red. D. E. Soltis, P. E. Soltis, J. J. Doyle) Kluwer, 43–86.
- Woo L.S., Hoon Y.B., Don H.S., Ho S.J., Joo L.J. 2008. Genetic variation in natural populations of *Abies nephrolepis* Max. in South Korea. *Annals of Forest Science* 65(3): 302. DOI: 10.1051/forest:2008006.
- Wyniki aktualizacji stanu powierzchni leśnej i zasobów drzewnych w Lasach Państwowych na dzień 1 stycznia 2011 roku. Praca wykonana przez Biuro Urządzenia Lasu i Geodezji Leśnej na zamówienie Dyrekcji Generalnej Lasów Państwowych. Warszawa.
- Ziegenhagen B., Gómez L.L., Bergmann F., Braun H., Scholz F. 1997. Protection of genetic variability in polluted stands. A case study with silver fir (*Abies alba* Mill.) *Forest Biocoena* 7: 357–365.
- Zientarski J., Ceitel J., Szymański S. 1994. Zamieranie lasów – dynamika i prognozy, w: Protection of forest ecosystems, selected problems of forestry in Sudety Mountains. (eds. P. Paschalis, S. Zajączkowski) Warszawa, 10–28.
- Ziętkiewicz E., Rafalski A., Labuda D. 1994. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics* 20: 176–183. DOI: 10.1006/geno.1994.1151.

Wkład autorów

K.M. – koncepcja badań, inwentaryzacja i zbiór materiału biologicznego, analizy genetyczne, opracowanie wyników, napisanie manuskryptu; B.N. – koncepcja badań, inwentaryzacja i zbiór materiału biologicznego, napisanie manuskryptu; K.G. – analizy genetyczne, opracowanie wyników, napisanie manuskryptu.