

Zróżnicowanie potomstw z wolnego zapylenia świerka pospolitego (*Picea abies* (L.) Karst.) po 5 latach wzrostu na powierzchni testującej w Tomaszowie Lubelskim

Diversity of Norway spruce (*Picea abies* (L.) Karst.) half-sib progeny after five years of growth in a Tomaszów Lubelski testing plot

Tomasz Wojda* , Vasyl Mohytych , Jan Kowalczyk 

Instytut Badawczy Leśnictwa, Zakład Hodowli i Genetyki Drzew Leśnych, Sękocin Stary, ul. Braci Leśnej 3, 05-090 Raszyn

*e-mail: T.Wojda@ibles.waw.pl, nr tel. +48 22 71 50 475

Abstract. Norway spruce (*Picea abies* (L.) Karst.) is gradually disappearing from many stands due to limited water availability and rising temperatures. In addition, obtaining seeds from seed stands encounters specific difficulties. For this reason, in recent years, selection and breeding activities have focused on identifying the properties of individual genotypes and establishing seed plantations from selected individuals. Spruce seeds are currently obtained from such plantations that, as many original populations have been degraded or have ceased to exist.

The aim of forest tree progeny testing is to determine the genetic value and breeding quality of the components of forest basic material used in forest management. The genetic value of an individual differs from its phenotypic value. When assessing genotype traits, the interrelationships between offspring and parent individuals in terms of trait transmission should be examined, and the best way to determine the genetic value of parents is to breed their offspring. Testing forest basic material therefore involves setting up experiments that compare the growth of the tested origins or individuals under different environmental conditions.

The research was conducted on a test plot located in south-eastern Poland. It contained a total of 123 Norway spruce families belonging to 11 provenances (Fig. 1). The aim of the study was to assess the variability of Norway spruce families and provenances in terms of adaptive and growth traits. The survival rate in the first, second, and fifth years of tree growth was determined, and the height of surviving trees after 5 years was measured.

The average overall survival rate of trees after the first growing season was 93.01% (Tab. 1) and varied between provenances from 90.83% (Św50 Janów Lubelski) to 96.76% (Św50 Gościeradów). The average overall height of Norway spruce trees after five years of growth on the test area (Tab. 1) was 169.9 cm. The tallest trees belonged to the Kolonowskie II generation provenance (194.8 cm), while the shortest ones belonged to Św50 Gościeradów (154.7 cm). The family with the lowest average tree height (126.4 cm) was 8525 from the provenance Św50 Tomaszów, while the family with the highest average height (228.0 cm) was G4226 from the provenance Kolonowskie II generation. The three tallest individuals (364, 350, 349 cm) in the entire test area came from the G4226 family, provenance Kolonowskie II generation.

We found that tree survival in the first and second years after planting, as well as after five years, was not significantly dependent on genotype. In contrast, tree height and growth rate showed strong genetic determination. The families differed significantly in height, while variability in survival did not reach statistical significance and was characterised by very low individual heritability. This indicates that environmental factors mainly determined the young tree mortality, with family affiliation being of secondary importance.

After five years of growth, the genetic component accounted for less than 5% of the total phenotypic variability in the survival trait. The occurrence of clear differentiation and a relatively high heritability value ($h^2 > 0.5$) indicate a real possibility of effective selection and breeding progress for growth traits.

The effectiveness of phenotypic selection was also demonstrated by the better growth of offspring from populations with documented potential, such as Kolonowskie II generation, spruce from the Suchedniów Forest District (offspring of IBL seed plantation No. 200 in the Pińczów Forest District), and spruce from Zwierzyniec Lubelski.

Słowa kluczowe: testowanie potomstwa drzew leśnych, program testowania, hodowla selekcyjna, wartość genetyczna, fenotyp, zmienność rodowa, zmienność proveniencyjna, przeżywalność, wysokość drzew

Keywords: forest tree progeny testing, tree breeding, genetic value, phenotype, heritability, provenance, survival rate, tree height

Wpłynęło: 12.11.2025 r., zrecenzowano: 02.12.2025 r., zaakceptowano: 05.12.2025 r., opublikowano: 18.12.2025 r.

1. Wstęp

Świerk pospolity (*Picea abies* (L.) Karst.) dotychczas był jednym z najważniejszych gatunków lasotwórczych w strefie klimatu umiarkowanego. Jego naturalny zasięg, dobrze znany z podręczników, ulega jednak stopniowym zmianom. Niewątpliwie świerk należy do gatunków, które – w wyniku ograniczonej dostępności wody oraz wzrostu temperatur – stopniowo ustępuje z wielu drzewostanów.

W Polsce istnieje wiele obiektów nasiennych ze świerkiem pospolitym, zarejestrowanych w Krajowym Rejestrze Leśnego Materiału Podstawowego (BNL 2025). Doświadczenia prowadzone wykazały istnienie populacji charakteryzujących się większymi przyrostami i wyższą elastycznością, takich jak Istebna, Zwierzyniec Lubelski czy Kolonowskie. Pochodząca z południowej Polski, populacja zwana Kolonowskie, ma bardzo wysoką wartość hodowlaną wśród 1100. populacji europejskich przebadanych w ramach eksperymentu pochodzenia IUFRO 1964/1968. Jednak pierwotny drzewostan macierzysty tej populacji już nie istnieje. Dzięki międzynarodowej współpracy udało się założyć klonalną plantację nasienną dla tej populacji, zbierając w tym celu materiał z drzew rosnących na różnych powierzchniach doświadczalnych. Działanie to przyczyniło się do zachowania puli genowej i pozwala na jej restytucję (Chałupka i in. 2008).

W praktyce leśnej wykorzystanie nasion pozyskiwanych z drzewostanów gospodarczych czy wyłączonych drzewostanów nasiennych (WDN), napotyka jednak pewne ograniczenia. Wynikają one m.in. z trudności w zbiorze szyszek, nierównomiernego obradzenia drzew, a także zamierania drzewostanów nasiennych wskutek suszy lub uszkodzeń powodowanych przez owady. Z tego powodu w ostatnich latach działania z zakresu selekcji i hodowli koncentrują się na poznaniu właściwości poszczególnych genotypów oraz na zakładaniu plantacji nasiennych z osobników wyselekcjonowanych. To właśnie z takich plantacji obecnie pozyskuje się nasiona świerka, albowiem wiele drzewostanów uległo znacznemu uszkodzeniu lub przestało istnieć.

Populacja świerka białowieskiego została zachowana w plantacjach nasiennych w nadleśnictwach Pniewy oraz Bielsk Podlaski, natomiast świerk istebniański utrzymywany jest w obiektach zachowawczych Nadleśnictwa Wisła (Młynarczyk i in. 2011). Z kolei populacja świerka zwierzynieckiego z Roztocza reprezentowana jest w plantacjach nasiennych w Nadleśnictwie Zwierzyniec. Wspomniane drzewostany wybrano w wyniku selekcji fenotypowej, co stało się podstawą do dalszych badań nad przystosowaniem tych populacji do warunków środowiskowych oraz nad ich właściwościami wzrostowymi. W tym celu założono testy potomstwa pochodzącego z wolnego zapyleńia, umożliwiające ocenę zmienności cech ilościowych wśród potomstwa drzew matecznych.

W Ustawie o leśnym materiale rozmnożeniowym (Ustawa 2001) wyróżniono 4 kategorie leśnego materiału rozmnożeniowego (LMR), który pozyskuje się z leśnego materiału podstawowego (LMP), rejestrowanego odpowiednio w czterech częściach

rejstru. Są to kategorie: I – ze zidentyfikowanego źródła (znanego pochodzenia), II – wyselekcjonowany, III – kwalifikowany i IV – przetestowany. Trzy pierwsze kategorie tworzone są w oparciu o ocenę fenotypową cech populacji i pojedynczych osobników w drzewostanie lub plantacji. Kategoria LMP IV – „przetestowany” tworzona jest zaś z kategorii II i III po wykonaniu oceny wartości genetycznej i wykazaniu w testach polowych, że określona populacja, drzewo mateczne, plantacja nasienna (PN) lub plantacyjna uprawa nasienna (PUN), różni się pozytywnie od standardu przynajmniej pod względem jednej analizowanej cechy hodowlanej przyjętej jako kryterium oceny.

Celem testowania potomstwa drzew leśnych prowadzonego w ramach hodowli selekcyjnej drzew leśnych jest określenie wartości genetycznej i jakości hodowlanej składników leśnego materiału podstawowego, który jest wykorzystywany w gospodarce leśnej. Wyniki testowania posłużą do optymalizacji zadań realizowanych w Lasach Państwowych w zakresie zachowania trwałości lasów, tj. doskonalenia gospodarki leśnej na podstawach ekologicznych i zachowania leśnych zasobów genowych. Obecnie „Program testowania potomstwa wyłączonych drzewostanów nasiennych, drzew doborowych, plantacji nasiennych i plantacyjnych upraw nasiennych” realizowany jest w Polsce od dwóch dekad. Dla świerka pospolitego założono 22 powierzchnie testujące, najstarsze w 2011 roku (Banach i in. 2025).

Wartość genetyczna (hodowlana) osobnika nie jest tożsama z wartością fenotypową. Przy ocenie cech genotypowych należy badać wzajemne relacje pomiędzy potomstwem a osobnikami rodzicielskimi odnośnie przekazywania cech przyrostowych, adaptacyjnych, odpornościowych czy też morfologicznych (Sabor 2002). Najlepszym sposobem, aby poznać wartość genetyczną wybranych rodziców, jest wyhodowanie ich potomstwa. Testowanie potomstwa leśnego materiału podstawowego polega więc na zakładaniu doświadczeń porównujących jego wzrost w różnych warunkach środowiska. Pozwala to na ocenę komponentu wariancji genotypowej zależnego od genotypu. Wartość hodowlana definiowana jest jako uwarunkowana genetycznie zdolność drzewa do przekazywania określonej cechy lub cech potomstwu.

W wielu pracach dotyczących teorii i założeń metodycznych programów selekcyjnych i testowania, jako główny ich cel wskazuje się polepszenie cech ekonomicznych przy jednoczesnym zapewnieniu odpowiedniego poziomu zmienności genetycznej populacji hodowlanych (Eriksson i in. 1995; Matras, Fonder 2006; Matras i in. 2010; Skroppa, Steffenrem 2021). Zróżnicowanie genetyczne jest konieczne, aby możliwy był dalszy postęp genetyczny w następnych pokoleniach, a populacja mogła przystosować się do zmiennych warunków środowiska (Budeanu i in. 2021). W Polsce preferowana jest selekcja populacyjna (Kocięcki 1988), co oznacza, że do rozmnażania wybierane są całe populacje drzew. Jednak, również w ramach populacji w czasie zabiegów pielęgnacyjnych prowadzimy selekcję osobników. Jest to sposób mniej efektywny niż selekcja indywidualna (Giertych 1991), zapewnia jednak dużo większy poziom zmienności genetycznej populacji hodowlanych (Wei 1996).

Zasadniczym celem badań było określenie wartości genetycznej i jakości hodowlanej składników leśnego materiału podstawowego wykorzystywanego w gospodarce leśnej oraz selekcja w oparciu o informacje genetyczne ich potomstwa. Wykorzystywanie tych populacji i rodów dla celów gospodarczych powinno skutkować istotnym wzrostem produktywności nowo zakładanych upraw oraz podwyższoną stabilnością drzewostanów, co jest bardzo istotne w warunkach wyraźnych zmian klimatycznych i fluktuacji tych warunków w krótkich okresach czasu.

Badania prowadzono na powierzchni testującej potomstwa drzew matecznych świerka pospolitego zlokalizowanej w Nadleśnictwie Tomaszów (RDLP w Lublinie). Po pięciu latach wzrostu przeprowadzono wstępną analizę materiału badawczego, która pozwoliła na sformułowanie i weryfikację następujących hipotez:

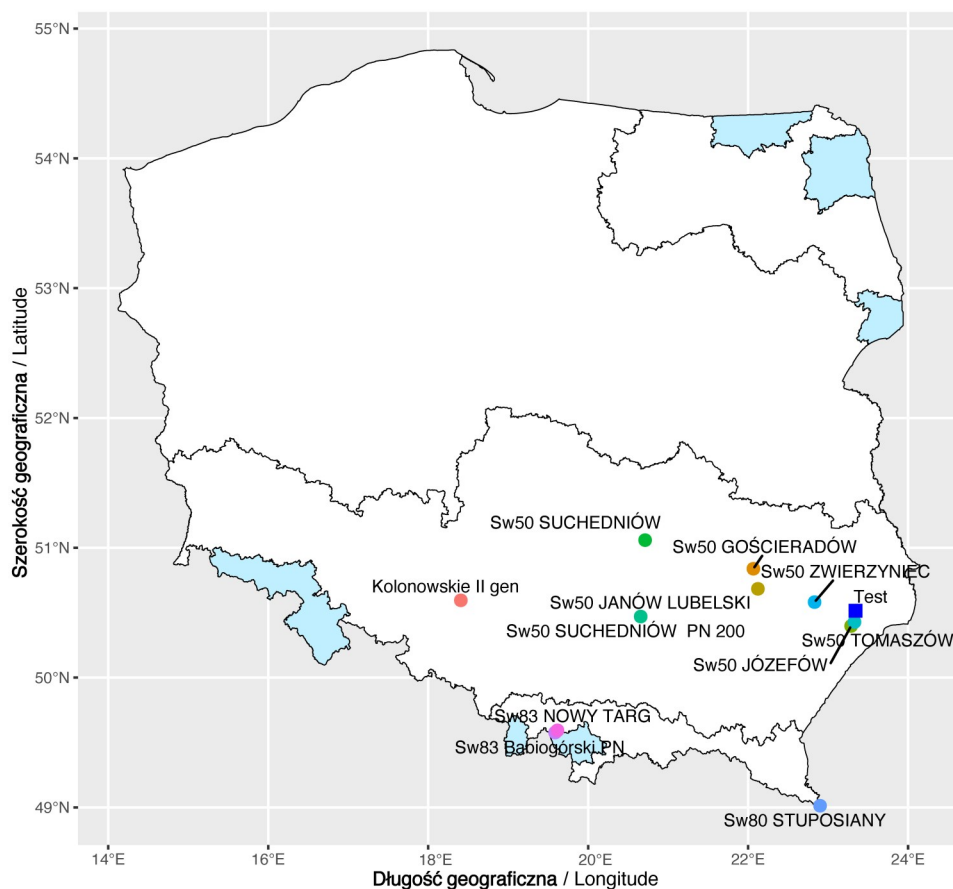
- Potomstwo pochodzące z wolnego zapylenia nie wykazuje istotnych różnic w przeżywalności ani w cechach wzrostowych po pięciu latach od założenia doświadczenia.
- Potomstwa z różnych regionów nasiennych nie różnią się istotnie pod względem analizowanych cech morfologicznych i wzrostowych.
- Potomstwo populacji Kolonowskie, wyselekcjonowanej fenotypowo w doświadczeniach proveniencyjnych i odtworzonej w formie plantacji nasiennej w Nadleśnictwie Syców,

nie różni się istotnie od potomstwa drzew matecznych innych populacji.

Weryfikacja hipotez badawczych umożliwi lepsze poznanie właściwości genetycznych świerka pospolitego analizowanych rodów oraz przyczyni się do odpowiedzi na pytanie, czy gatunek ten może być nadal stosowany w składzie gatunkowym odnowień leśnych na siedliskach odpowiednich dla jego wymagań ekologicznych.

2. Materiał i metodyka

Powierzchnia testująca potomstwo drzew matecznych świerka pospolitego została założona w październiku 2020 roku w oddziale 400f Leśnictwa Pańków, Nadleśnictwa Tomaszów, na terenie Regionalnej Dyrekcji LP w Lublinie i otrzymała numer 202/Św/D/V/3/DM2. Jest to jedna z czterech równoległych powierzchni testujących wchodzących w skład regionu V testowania (południowo-wschodniego) dla świerka pospolitego, obejmującego RDLP w: Krakowie, Krośnie, Lublinie i Radomiu. Testowane jest na niej potomstwo drzew matecznych, łącznie 123 rody z wolnego zapylenia (dalej zwanych rodami) świerka pospolitego które można przypisać do 11. grup, umownie zwanych dalej proveniencjami, z regionu Św50 (69 rodów), Św80 (9 rodów), Św83 (37 rodów) oraz potomstwo 8. rodów tzw. II generacji populacji Kolonowskie (ryc. 1).



Rycina 1. Lokalizacja powierzchni testującej 202/Św/D/V/3/DM2 i pochodzenie testowanego materiału na tle regionów matecznych świerka pospolitego. Regiony o charakterze matecznym zaznaczono kolorem niebieskim. Niebieski kwadrat (TEST) oznacza lokalizację powierzchni testującej

Figure 1. Location of trial 202/Św/D/V/3/DM2 and origin of the tested material with areas of seed regions. Regions with maternal characteristics are marked in blue. The blue square (TEST) indicates the location of the trial

Nasiona do wyhodowania sadzonek użytych w doświadczeniu pochodziły z drzew matecznych lub pojedynczych genotypów z plantacji nasiennej „Kolonowskie” zlokalizowanej w Sycowie oraz plantacji nasiennej nr 200 w Pińczowie (Sw50 SUCHEDNIÓW PN 200) (tab. 1). Zebrane nasiona były przechowywane do czasu wysiewu w chłodni Leśnego Banku Genów w Kostrzycy. Powierzchnia testująca zajmuje obszar 1,7 ha i została założona na siedlisku LMśw w więźbie 1,5 x 1,5 m, w październiku 2020 roku, jednorocznymi sadzonkami świerka z zakrytym systemem korzeniowym, wyhodowanymi w szkółce kontenerowej w Nadleśnictwie Wisła. Ogółem w doświadczeniu wysadzono 7380 drzew, liczebność sadzonek każdego ze 123. badanych rodów wynosiła 60 sztuk. Powierzchnia testująca została założona w układzie poletek jednodrzewowych i 4. równolicznych kwaterach (po 1845 sztuk drzew).

Ocenę przeżywalności, czyli odsetek sadzonek żywych w stosunku do liczby sadzonek posadzonych, wykonano po pierwszym, drugim i piątym roku wzrostu. Po piątym roku wzrostu, czyli jesienią 2025 roku, zmierzono wysokość całkowitą wszystkich drzew przy pomocy łąty mierniczej, z dokładnością do 1 cm.

Dane dotyczące przeżywalności oraz wysokości analizowano za pomocą analizy wariancji (ANOVA). Analizę przeżywalności przeprowadzono zgodnie z procedurą (Przybylski, Matras 2021). Przeżywalność określono jako liczbę żywych sadzonek w każdym rodzie na każdej kwaterze, wyrażoną w procentach w stosunku do liczby posadzonych sadzonek. W przypadku, gdy dane przeżywalności nie mieściły się w przedziale od 20% do 80%, zastosowano transformację Blissa (Laudański, Mańkowski 2007). Analizę wysokości przeprowadzono na wartościach fenotypowych poszczególnych drzew. Do analizy wariancji obu cech zastosowano poniższy model liniowy:

$$\text{Wartość cechy} = m + P_i + R(P)_{ki} + K_p + E_n \quad [1]$$

m – średnia ogólna dla doświadczenia,
 P_i – wpływ pochodzenia i ,
 $R(P)_{ki}$ – wpływ rodu k w pochodzeniu i ,
 K_p – wpływ kwatery p ,
 E_n – błąd doświadczenia.

Istotność różnic między średnimi określono przy użyciu testu Tukey'a. Przyjęto poziom istotności $\alpha = 0,05$. Do obliczeń komponentów wariancji oraz odziedziczalności badanych cech użyto wzorów Wright'a (1976):

Odziedziczalność rodowa:

$$h_R^2 = \sigma_R^2 / \left(\frac{\sigma_E^2}{n} + \sigma_R^2 \right) \quad h_R^2 = \sigma_R^2 / \left(\frac{\sigma_E^2}{n} + \sigma_R^2 \right) \quad [2]$$

$$\text{Odziedziczalność indywidualna: } h_i^2 = \frac{4 \sigma_R^2}{\sigma_R^2 + \sigma_E^2} \quad [3]$$

Gdzie: n – arytmetyczna średnia liczba drzew w rodzie,

σ_E^2 – komponent wariancji dla błędu, σ_R^2 – komponent wariancji rodowej.

Błąd odziedziczalności obliczono w programie R wykorzystując metodę delta:

$$SEh^2 = \left(\frac{\sigma_n^2}{\sigma_d^2} \right)^2 \left(\frac{Var(\sigma_n^2)}{\sigma_n^4} + \frac{Var(\sigma_d^2)}{\sigma_d^4} - \frac{2Cov(\sigma_n^2 \sigma_d^2)}{\sigma_n^2 \sigma_d^2} \right) \quad [4]$$

gdzie: σ_n^2 i σ_d^2 oznaczają odpowiednio wariancję licznika i mianownika we wzorze na odziedziczalność.

Korelację genetyczną i fenotypową pomiędzy analizowanymi cechami obliczono według wzoru (Falconer, Mackay 1996)

$$r_A = \frac{cov_{xy}}{\sqrt{var_x var_y}} \quad [5]$$

gdzie: var_x i var_y oznaczają komponenty wariancji genetycznej lub fenotypowej, x i y to badane cechy, a cov_{xy} komponent kowariancji genetycznej (fenotypowej). Obliczenia wykonano w programie R (Muñoz, Sanchez 2020).

3. Wyniki

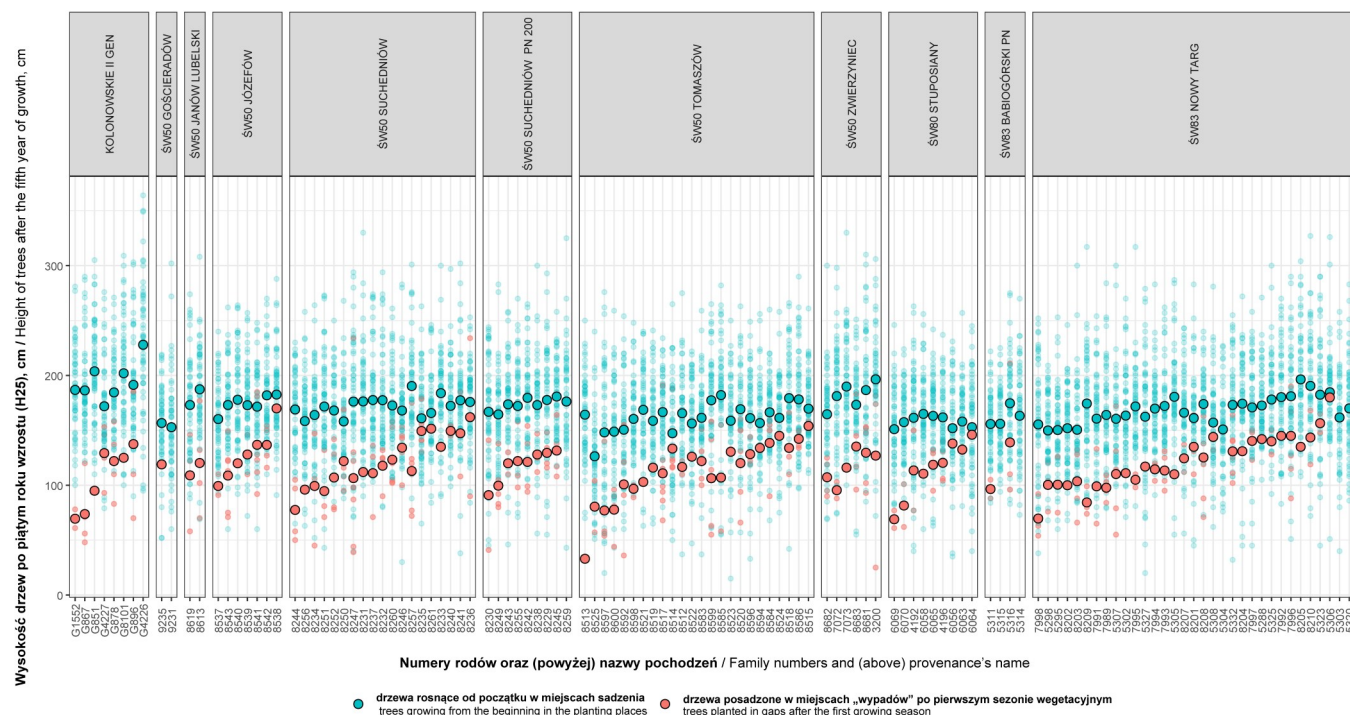
Średnia przeżywalność drzew po pierwszym sezonie wegetacyjnym na uprawie testującej wyniosła 93,01% (tab. 1) i była zróżnicowana pomiędzy pochodzeniami od 90,83% (Św50 Janów Lubelski) do 96,76% (Św50 Gościeradów). W związku z tym, jesienią pierwszego roku miejsca „wypadów” zdecydowano się uzupełnić drzewkami z rezerwy, należącymi do tych samych rodów i będących w tym samym wieku. Uzupełnienia te zakończyły się sukcesem i stanem na rok 2025 (po piątym sezonie wegetacyjnym) ogólnej udatności upraw po dosadzeniach wynoszącej 96%.

Jednakże, dla celów dalszych analiz statystycznych wykonano porównanie wysokości drzew rosnących od samego początku w miejscach sadzenia, z wysokością drzew przesadzonych jesienią po pierwszym sezonie wegetacyjnym – jako uzupełnienie „wypadów” (ryc. 2). Ze względu na to, że dosadzone drzewka były wyraźnie niższe, wyłączono je z dalszych obliczeń. Ranking badanych pochodzeń dotyczących przeżywalności drzew po pierwszym roku – nieuwzględniający dosadzeń – pozostał więc taki sam po drugim i piątym roku obserwacji (tab. 1), a cecha ta nie wykazuje wyraźnej korelacji z mikrosiedliskiem i rozkład wypadów jest równomierny na całej powierzchni testującej (ryc. 3). Średnia przeżywalność ogółem na całej powierzchni testującej po piątym roku wzrostu wynosi 91,62%.

Średnia ogólna wysokość drzew świerka pospolitego po 5 latach wzrostu na powierzchni testującej (tab. 1) wyniosła 169,9 cm. Analizując średnie dla pochodzeń można zauważyć, że najwyższe drzewa należą do proveniencji „Kolonowskie II generacja” (194,8 cm), najniższe zaś do „Św50 Gościeradów” (154,7 cm). Rodem o najniższej średniej wysokości drzew (126,4 cm) jest 8525 z proveniencji „Św50 Tomaszów”, natomiast rodem o najwyższej średniej wysokości (228,0 cm) jest G4226 z proveniencji „Kolonowskie II generacja”. Najwyższe trzy osobniki (364, 350, 349 cm) na całej powierzchni testu-

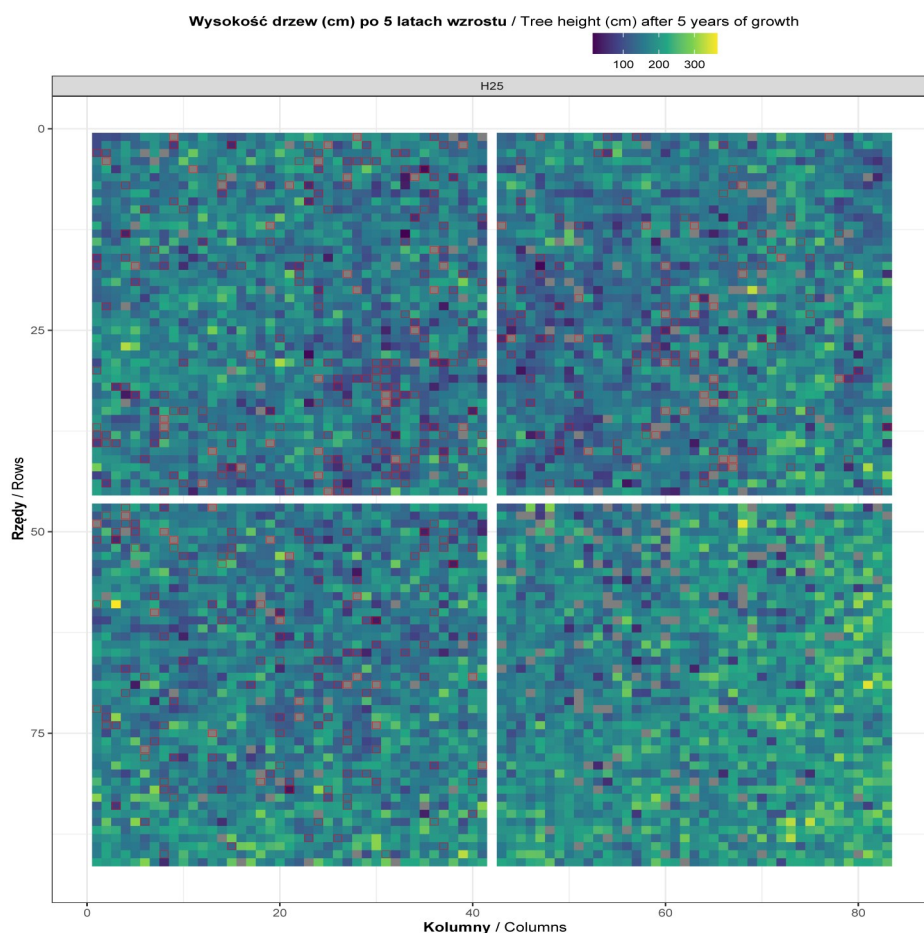
jącej pochodzą właśnie z rodu G4226 (proweniencji „Kolonowskie II generacja”). Wyniki analizy wariancji dla wysokości wykazują (tab. 2) statystycznie istotne zróżnicowanie pomiędzy badanymi pochodzeniami ($P < 0,001$). Ponad-

to, niektóre rody wykazują istotnie lepszy wzrost na wysokość w porównaniu do pozostałych rodów z tego samego pochodzenia ($P < 0,001$)



Rycina 2. Wysokość drzew po 5 latach wzrostu na powierzchni testującej 202/Św/D/V/3/DM2. Duże punkty – wartości średnie dla rodów, pozostałe punkty - wysokości poszczególnych drzew w rodzie

Figure 2. Tree height after 5 years of growth in plot 202/Św/D/V/3/DM2. Large points indicate average values for families; other points represent the heights of individual trees within the family



Rycina 3. Wysokość drzew po 5 latach wzrostu (kolory według skali na górze ryciny) na powierzchni testującej 202/Św/D/V/3/DM2 w układzie czterech kwadrantów. Czerwone kwadraty – miejsca dosadzenia drzew po pierwszym sezonie wegetacyjnym, szare kwadraty – lokalizacje, w których w 2025 roku odnotowano wypadki

Figure 3. Tree height after 5 years of growth (colours according to the scale at the top of the figure) on test plot 202/Św/D/V/3/DM2 in a four-plot layout. Red squares indicate tree planting sites after the first growing season; gray squares indicate no seedlings in 2025

Tabela 1. Przeżywalność drzew (%) po pierwszym (P21), drugim (P22) i piątym roku wzrostu (P25) oraz wysokość (H25) rodów świerka pospolitego na powierzchni testującej 202/Św/D/V/3/DM2. SE_H25 – błąd standardowy wysokości dla poszczególnych rodów. Litery w kolumnie H25 wskazują grupy jednorodności dla wysokości na podstawie testu post-hoc; indeks górny i małe litery – porównania dla rodów, indeks dolny i duże litery – porównanie dla pochodzeń

Table 1. Survival rate (%) of trees after the first (P21), second (P22), and fifth year of growth (P25) and height (H25) of Norway spruce families on test plot 202/Św/D/V/3/DM2. SE_H25 – standard error of height for families. The letters in column H25 indicate homogeneous groups for height based on a post-hoc test; superscript lowercase letters indicate comparisons for families, subscript uppercase letters indicate comparisons for origins

Pochodzenie / Provenance	Ród / Family	P21 (%)	P22 (%)	P25 (%)	H25 (cm)	SE_H25
Kolonowskie II generacja	G1552	96,7	96,7	95,0	186,8 ^b	5,26
	G4226	95,0	95,0	95,0	228,0 ^a	7,93
	G4227	88,3	88,3	88,3	171,9 ^c	6,06
	G8101	96,7	95,0	95,0	202,0 ^b	6,75
	G851	98,3	98,3	98,3	203,8 ^b	5,89
	G867	93,3	91,7	91,7	186,4 ^b	5,92
	G878	90,0	90,0	90,0	184,6 ^c	5,16
	G896	86,7	85,0	85,0	191,4 ^b	6,97
	Średnia / Avg	93,1	92,5	92,3	194,8 _A	6,24
Św50 Gościeradów	9231	96,7	98,3	98,3	152,9 ^c	5,89
	9235	96,7	95,0	93,3	156,7 ^d	4,78
	Średnia / Avg	96,67	96,67	95,83	154,7 _F	5,33
Św50 Janów Lubelski	8613	91,7	88,3	88,3	187,4 ^b	5,60
	8619	90,0	88,3	88,3	173,1 ^c	6,36
	Średnia / Avg	90,83	88,33	88,33	180,2 _B	5,98
Św50 Józefów	8537	91,7	90,0	90,0	160,3 ^d	4,68
	8538	98,3	96,7	96,7	182,6 ^c	5,09
	8539	95,0	95,0	95,0	172,9 ^c	5,33
	8540	98,3	98,3	98,3	177,9 ^c	5,69
	8541	90,0	86,7	85,0	171,6 ^c	5,42
	8542	93,3	93,3	93,3	181,9 ^c	4,84
	8543	88,3	88,3	88,3	173,1 ^c	5,13
	Średnia / Avg	93,57	92,62	92,38	174,5 _C	5,17
Św50 Suchedniów	8231	95,0	95,0	95,0	176,3 ^c	6,33
	8232	91,7	91,7	90,0	177,5 ^c	6,31
	8233	98,3	98,3	98,3	183,9 ^c	4,91
	8234	90,0	88,3	88,3	164,0 ^d	5,90
	8235	91,7	88,3	88,3	161,0 ^d	5,79
	8236	93,3	91,7	91,7	175,8 ^c	4,89
	8237	93,3	91,7	91,7	177,6 ^c	6,26
	8240	95,0	91,7	91,7	172,3 ^c	5,23
	8241	95,0	95,0	95,0	177,4 ^c	5,93
	8244	91,7	88,3	88,3	169,0 ^d	4,85
	8246	90,0	88,3	88,3	168,1 ^d	5,62
	8247	83,3	83,3	83,3	176,2 ^c	8,15
	8250	91,7	88,3	88,3	158,2 ^d	5,20
	8251	95,0	91,7	95,0	171,7 ^c	6,31
	8252	88,3	81,7	81,7	168,1 ^d	5,18
	8256	98,3	96,7	98,3	158,5 ^d	5,10
	8257	88,3	86,7	86,7	190,4 ^b	5,85
	8260	86,7	86,7	86,7	172,7 ^c	5,40
	8261	95,0	95,0	95,0	165,8 ^d	4,75
	Średnia / Avg	92,19	90,44	90,61	171,8 _C	5,68
Św50 Suchedniów PN 200	8229	86,7	85,0	85,0	177,6 ^c	7,09
	8230	95,0	95,0	95,0	166,9 ^d	6,45
	8238	88,3	83,3	83,3	173,1 ^c	6,18
	8242	93,3	93,3	93,3	179,6 ^c	5,27
	8243	96,7	91,7	91,7	173,7 ^c	5,75
	8245	90,0	88,3	88,3	180,8 ^c	4,49
	8249	90,0	90,0	90,0	164,5 ^d	5,16
	8255	90,0	90,0	90,0	172,2 ^c	5,81
	8259	95,0	91,7	93,3	176,2 ^c	6,44
	Średnia / Avg	91,67	89,81	90,00	173,8 _C	5,85

cd. Tabela 1. Przeżywalność drzew (%) po pierwszym (P21), drugim (P22) i piątym roku wzrostu (P25) oraz wysokość (H25) rodów świerka pospolitego na powierzchni testującej 202/Św/D/V/3/DM2. SE_H25 – błąd standardowy wysokości dla poszczególnych rodów. Litery w kolumnie H25 wskazują grupy jednorodne dla wysokości na podstawie testu post-hoc; indeks górny i małe litery – porównania dla rodów, indeks dolny i duże litery – porównanie dla pochodzeń

cont. Table 1. Survival rate (%) of trees after the first (P21), second (P22), and fifth year of growth (P25) and height (H25) of Norway spruce families on test plot 202/Św/D/V/3/DM2. SE_H25 – standard error of height for families. The letters in column H25 indicate homogeneous groups for height based on a post-hoc test; superscript lowercase letters indicate comparisons for families, subscript uppercase letters indicate comparisons for origins

Pochodzenie / Provenance	Ród / Family	P21 (%)	P22 (%)	P25 (%)	H25 (cm)	SE_H25
Św50 Tomaszów	8512	91,7	90,0	90,0	165,6 ^d	5,45
	8513	95,0	93,3	95,0	164,3 ^d	5,00
	8514	88,3	90,0	88,3	147,4 ^e	6,57
	8515	95,0	95,0	95,0	169,7 ^c	4,07
	8517	88,3	88,3	88,3	166,6 ^d	4,67
	8518	93,3	91,7	91,7	179,4 ^c	5,68
	8519	96,7	93,3	93,3	158,7 ^d	5,30
	8520	81,7	78,3	78,3	169,3 ^d	5,74
	8521	93,3	90,0	90,0	168,7 ^d	5,40
	8522	98,3	96,7	96,7	156,3 ^d	5,16
	8523	91,7	88,3	90,0	158,8 ^d	6,02
	8524	95,0	95,0	93,3	161,4 ^d	4,84
	8525	91,7	90,0	88,3	126,4 ^f	5,35
	8583	90,0	90,0	90,0	161,4 ^d	5,22
	8584	90,0	83,3	83,3	166,4 ^d	4,85
	8585	93,3	91,7	91,7	182,1 ^c	6,87
	8586	91,7	91,7	91,7	178,2 ^c	6,14
	8592	88,3	86,7	86,7	150,6 ^e	6,24
	8594	95,0	95,0	95,0	156,6 ^d	4,81
	8596	95,0	95,0	95,0	161,2 ^d	5,74
	8597	81,7	81,7	81,7	148,1 ^e	8,85
	8598	90,0	88,3	88,3	160,4 ^d	4,97
	8599	88,3	88,3	88,3	177,4 ^c	6,37
	8600	88,3	86,7	86,7	148,8 ^e	6,44
	Średnia / Avg	91,32	89,93	89,86	161,9 _E	5,66
Św50 Zwierzyniec	3200	90,0	88,3	88,3	196,5 ^b	6,18
	7072	96,7	96,7	96,7	181,2 ^c	6,43
	7073	98,3	96,7	95,0	189,9 ^b	5,91
	8681	86,7	86,7	86,7	186,7 ^b	7,60
	8682	93,3	90,0	90,0	164,6 ^d	5,62
	8683	93,3	93,3	93,3	173,3 ^c	5,23
	Średnia / Avg	93,06	91,94	91,67	182,0 _B	6,16
Św80 Stuposiany	4192	91,7	88,3	90,0	161,4 ^d	6,73
	4196	90,0	85,0	85,0	161,8 ^d	4,28
	6056	86,7	88,3	88,3	152,0 ^e	5,96
	6058	95,0	93,3	93,3	164,9 ^d	5,01
	6063	95,0	93,3	91,7	158,0 ^d	4,36
	6064	96,7	93,3	95,0	152,9 ^e	6,09
	6065	91,7	90,0	90,0	163,2 ^d	5,29
	6069	91,7	90,0	88,3	151,1 ^e	5,28
	6070	96,7	95,0	95,0	157,5 ^d	4,06
	Średnia / Avg	92,78	90,74	90,74	158,1 _F	5,23
Św83 Babiogórski PN	5311	93,3	91,7	91,7	155,8 ^e	4,01
	5314	96,7	96,7	96,7	163,3 ^d	5,55
	5315	96,7	96,7	96,7	155,9 ^d	4,06
	5316	93,3	93,3	93,3	174,7 ^c	5,55
	Średnia / Avg	95,00	94,58	94,58	162,4 _E	4,79
Św83 Nowy Targ	5288	95,0	95,0	95,0	172,6 ^c	4,28
	5295	93,3	95,0	93,3	150,3 ^e	5,22
	5298	95,0	91,7	91,7	149,9 ^e	4,49
	5302	95,0	95,0	93,3	163,4 ^d	5,97
	5303	93,3	93,3	91,7	161,7 ^d	5,71
	5304	100,0	96,7	96,7	150,8 ^e	4,75
	5305	98,3	95,0	96,7	180,6 ^c	5,89
	5306	90,0	86,7	86,7	184,7 ^c	5,84
	5307	85,0	85,0	83,3	160,5 ^d	5,65
	5308	91,7	91,7	91,7	157,1 ^d	5,70
	5320	96,7	96,7	96,7	170,0 ^c	5,79

cd. Tabela 1. Przeżywalność drzew (%) po pierwszym (P21), drugim (P22) i piątym roku wzrostu (P25) oraz wysokość (H25) rodów świerka pospolitego na powierzchni testującej 202/Św/D/V/3/DM2. SE_{H25} – błąd standardowy wysokości dla poszczególnych rodów. Litery w kolumnie H25 wskazują grupy jednorodne dla wysokości na podstawie testu post-hoc; indeks górny i małe litery – porównania dla rodów, indeks dolny i duże litery – porównanie dla pochodzeń

cont. Table 1. Survival rate (%) of trees after the first (P21), second (P22), and fifth year of growth (P25) and height (H25) of Norway spruce families on test plot 202/Św/D/V/3/DM2. SE_{H25} – standard error of height for families. The letters in column H25 indicate homogeneous groups for height based on a post-hoc test; superscript lowercase letters indicate comparisons for families, subscript uppercase letters indicate comparisons for origins

Pochodzenie / Provenance	Ród / Family	P21 (%)	P22 (%)	P25 (%)	H25 (cm)	SE _{H25}
Św83 Nowy Targ	5323	95,0	95,0	95,0	182,5 ^c	6,72
	5325	93,3	93,3	93,3	178,1 ^c	5,48
	5327	95,0	91,7	91,7	162,4 ^d	7,53
	5332	85,0	81,7	81,7	173,2 ^c	6,35
	7989	91,7	90,0	90,0	164,1 ^d	6,21
	7991	93,3	90,0	91,7	160,7 ^d	5,73
	7992	98,3	96,7	96,7	180,3 ^c	5,88
	7993	90,0	88,3	86,7	172,2 ^c	5,13
	7994	90,0	90,0	90,0	169,8 ^c	4,89
	7995	93,3	91,7	91,7	171,8 ^c	4,72
	7996	85,0	85,0	85,0	181,1 ^c	7,02
	7997	93,3	91,7	91,7	170,9 ^c	6,00
	7998	91,7	91,7	91,7	155,4 ^e	7,55
	8201	90,0	90,0	90,0	161,2 ^d	6,02
	8202	96,7	95,0	95,0	151,9 ^e	4,85
	8203	91,7	88,3	90,0	150,5 ^e	5,78
	8204	96,7	95,0	95,0	174,3 ^c	5,87
	8205	95,0	95,0	95,0	196,4 ^b	6,19
	8207	95,0	93,3	93,3	166,1 ^d	5,41
	8208	83,3	80,0	80,0	174,0 ^c	4,54
	8209	95,0	93,3	93,3	174,4 ^c	6,02
	8210	95,0	93,3	93,3	190,5 ^b	6,71
	Srednia / Avg	92,93	91,57	91,46	168,6 ^D	5,75
Srednia / Average	123	93,01	91,74	91,62	169,9	5,62

Tabela 2. Wyniki analizy wariancji dla przeżywalności drzew oraz ich wysokości

Table 2. Analysis of variance for tree survival rate and tree height

Źródła wariancji / Sources of variance	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	PctExp
Przeżywalność 2021 / Survival rate 2021						
Pochodzenie / Provenance	10	0,3	0,03	1,1	0,34	2,1
Kwatera / Block	3	0,9	0,30	10,9	<0,001***	6,1
Ród (Pochodzenie) / Family (Provenance)	112	3,6	0,03	1,2	0,157	24,1
Reszty modelu / Residuals	366	10,1	0,03			67,8
Przeżywalność 2022 / Survival rate 2022						
Pochodzenie / Provenance	10	0,5	0,05	1,8	0,058	3,2
Kwatera / Block	3	1,4	0,47	17,5	<0,001***	9,4
Ród (Pochodzenie) / Family (Provenance)	112	3,2	0,03	1,1	0,315	21,6
Reszty modelu / Residuals	366	9,8	0,3			65,8
Przeżywalność 2025 / Survival rate 2025						
Pochodzenie / Provenance	10	0,4	0,04	1,5	0,138	2,7
Kwatera / Block	3	1,2	0,40	14,9	<0,001***	8,1
Ród (Pochodzenie) / Family (Provenance)	112	3,5	0,03	1,1	0,179	23,1
Reszty modelu / Residuals	366	9,9	0,03			66,1
Wysokość 2025 / Height 2025						
Pochodzenie / Provenance	10	545 994,3	54 599,4	32,4	<0,001***	4,2
Kwatera / Block	3	735 314,1	245 104,7	145,5	<0,001***	5,6
Ród (Pochodzenie) / Family (Provenance)	112	721 597,7	6 442,8	3,8	<0,001***	5,5
Reszty modelu / Residuals	6 597	11 110 567,4	168 412,00			84,7

Df – stopnie swobody / degrees of freedom, Sum Sq – suma kwadratów / sum of squares, Mean Sq – średni kwadrat / mean square, F value – wartość statystyki F / F statistic, Pr(>F) – wartość P / p-value, PctExp – proporcja wyjaśnionej zmienności R² * 100 / proportion of variance explained, or R² * 100

Tabela 3. Współczynniki korelacji fenotypowych (kursywa) oraz genetycznych (pogrubione) między badanymi cechami (oznaczenia jak w tabeli 2)

Table 3. Phenotypic correlations (in *italics*) and genetic correlations (in **bold**) between the traits (designations as in Table 2)

	P21	P22	P25	H25
P21	x	1,00	0,999	0,170
P22	<i>0,88**</i>	x	0,993	0,212
P25	<i>0,89**</i>	<i>0,98**</i>	x	0,245
H25	<i>0,16**</i>	<i>0,21**</i>	<i>0,19**</i>	x

Korelacje fenotypowe i genetyczne mają taki sam charakter, nie odnotowano przypadku, gdy wartości mają przeciwny znak, tzn. mają odwrotny charakter zależności pomiędzy cechami. Wszystkie korelacje fenotypowe są istotne statystycznie. Zależność pomiędzy wysokością a przeżywalnością, pomimo że istotna - nie jest silna (po pięciu latach $r=0,19$). Korelacje genetyczne są większe niż korelacje fenotypowe (tab. 3).

Odziedziczalności indywidualne i rodowe przeżywalności drzew dla rodów przyjmowały wartości od 0,13 do 0,22; jednak precyzja ich oszacowania jest obciążona dużym błędem. Wynika to ze sposobu obliczania tych wartości uwzględniającego jedynie średnie rodów dla kwater. Natomiast odziedziczalność wysokości drzewek po pięciu latach wzrostu na powierzchni osiąga duże wartości (tab. 4).

4. Dyskusja

Analiza zmienności fenotypowej na powierzchni doświadczalnej w Tomaszowie Lubelskim dostarcza informacji na temat uwarunkowań genetycznych i środowiskowych kluczowych cech świerka pospolitego (*Picea abies* (L.) Karst.). Stwierdzono, że przeżywalność drzew w pierwszym i drugim roku po posadzeniu oraz po pięciu latach, nie była cechą w tak dużym stopniu zależną od genotypu, jak wysokość. Badane rody różniły się wysoce istotnie statystycznie pod względem wysokości, podczas gdy zmienność przeżywalności nie osiągnęła wysokiego progu istotności charakteryzując się bardzo niską odziedziczalnością indywidualną. Wskazuje to, że śmiertelność młodocianych drzew była w głównej mierze determinowana przez czynniki środowiskowe – prawdopodobnie przez suszę w 2021 roku oraz mikro zróżnicowanie siedliskowe – a przynależność do określonego rodu miała znaczenie drugorzędne. Podobne zależności wykazano w pracy Sebastian-Azcona i in. (2019).

Po pięciu latach wzrostu komponent rodowy (genetyczny) stanowił 23% całkowitej zmienności fenotypowej dla przeżywalności. Wyniki te są zgodne z rezultatami uzyskanymi w innych badaniach nad zmiennością świerka w warunkach Europy Środkowej (Pâques 2013). Występowanie dużego zróżnicowania i stosunkowo wysoka wartość odziedziczalności rodowej wysokości ($h_R^2=0,728$) wskazują na realną możliwość prowadzenia skutecznej selekcji i uzyskania postępu hodowlanego w zakresie cech przyrostowych (Chmura i in. 2016).

Uzyskane wyniki częściowo potwierdzają pierwszą hipotezę badawczą. Brak istotnych różnic w przeżywalności potomstwa

pochodzącego z wolnego zapylenia sugeruje brak specyficznej, wywołanej reakcji adaptacyjnej na poziomie rodowym na presję środowiskową. Jest to zjawisko korzystne z punktu widzenia hodowli, gdyż wskazuje na możliwość efektywnej selekcji fenotypowej najsilniejszych osobników, nawet w warunkach silnego stresu, bez obawy o eliminację określonych genotypów. Z kolei stwierdzone, istotne statystycznie zróżnicowanie między rodami pod względem wysokości drzew po pięciu latach wzrostu, pozwala na identyfikację genotypów o wysokim potencjale gospodarczym i przydatności do hodowli.

Wyniki badań wskazują również na efektywność selekcji fenotypowej. Uwidoczniło się to w lepszym wzroście potomstwa pochodzącego z populacji o udokumentowanym potencjale, takich jak Kolonowskie II generacja (Fober 2004) (plantacja nasienna) oraz świerków z Nadleśnictwa Suchedniów (plantacja IBL nr 200 w Nadleśnictwie Pińczów), a także świerków ze Zwierzyńca Lubelskiego (Matras 2009).

W kontekście prognozowanych zmian klimatycznych i przewidywanego ograniczenia zasięgu świerka pospolitego w Polsce, pojawia się pytanie o zasadność kontynuowania działań hodowlanych dla tego gatunku. Liczne opracowania wskazują, że na siedliskach suchszych świerk będzie stopniowo ustępował gatunkom bardziej kserotermicznym, takim jak dąb czy sosna (Chakraborty i in. 2021; Dyderski i in. 2025). Jednak w aktualnych strategiach ochrony zasobów genetycznych i przeciwdziałania skutkom zmian klimatu coraz większą rolę przypisuje się koncepcji wspomaganej migracji wewnątrzgatunkowej (termin angielski: *assisted population migration*). Polega ona na wykorzystaniu w odnowieniach i zalesieniach populacji pochodzących z cieplejszych i suchszych regionów, które są lepiej przystosowane do przyszłych warunków klimatycznych. Koncepcja ta nie jest jednak wolna od pewnych ograniczeń (Gömöry i in. 2020). W tym kontekście kluczowe znaczenie ma rozpoznanie zmienności genetycznej. Przeprowadzone badania, podobnie jak inne prace w tej dziedzinie potwierdzają, że u świerka pospolitego zmienność wewnątrzpopulacyjna jest znacznie większa niż międzypopulacyjna (Tyszkiewicz 1968; Kowalczyk i in. 2009; Klisz i in. 2015). Oznacza to, że w obrębie jednej populacji (np. ze Zwierzyńca Lubelskiego) można znaleźć większe zróżnicowanie genetyczne niż między średnimi dla populacji z Polski centralnej i z populacji alpejskich. Choć zgromadzony materiał badawczy nie obejmuje w pełni całego zasięgu gatunku, ta ogólna prawidłowość uwiadamia się na powierzchni w Tomaszowie Lubelskim, co daje ogromne możliwości. Można przypuszczać, że znaczne zróżnicowanie

Tabela 4. Odziedziczalność indywidualna (h_i^2) i rodowa (h_R^2) cech (oznaczenia jak w tabeli 2) wraz z odpowiednimi błędami
Table 4. Individual (h_i^2) and family (h_R^2) heritability of traits (designations as in Table 2) with the relevant errors

	P21	P22	P25	H25
h_i^2	0,135	0,162	0,223	0,181
h_i^2 error	0,080	0,165	0,169	0,032
h_R^2	0,074	0,088	0,121	0,728
h_R^2 error	0,084	0,088	0,080	0,037

genetyczne umożliwi identyfikację genotypów o większej odporności na suszę i inne niekorzystne czynniki, jednocześnie charakteryzujących się dobrymi cechami wzrostowymi. Przykładem populacji o dużej plastyczności fenotypowej i zdolnościach adaptacyjnych są właśnie te z rejonu Kolonowskiego oraz Zwierzynca Lubelskiego (Chałupka i in. 2008; Matras 2009; Chmura i in. 2016).

Występowanie wyraźnego zróżnicowania między populacjami, a jeszcze większego wewnątrz populacji, można uznać za zjawisko optymistyczne z punktu widzenia hodowli selekcyjnej i ochrony zasobów genowych. Wskazuje ona ogromny potencjał adaptacyjny gatunku, który może dostosować się do zmieniających się warunków poprzez selekcję genotypów najmniej wrażliwych, a jednocześnie dobrze rosnących. Należy jednak pamiętać, że istnieje granica zdolności adaptacyjnych, powyżej której świerk może utracić znaczenie gospodarcze na danym terenie (Beuker i in. 1996; Benomar i in. 2016). Zgromadzona wiedza i cenny materiał genetyczny mogą natomiast znaleźć zastosowanie w innych regionach kraju lub Europy, gdzie warunki siedliskowe pozostaną korzystne dla tego gatunku. Wyniki badań potwierdzają drugą hipotezę badawczą, wskazując, że wzorzec zmienności populacyjnej świerka pospolitego (większa zmienność wewnątrzpopulacyjna) ma podobny charakter do zmienności rodowej mimo, iż badania obejmowały jedynie wycinek zasięgu gatunku (Skrøppa, Steffenrem 2016).

5. Wnioski

Przedstawione wyniki badań dotyczących przeżywalności i wzrostu świerka pospolitego różnych proveniencji zostały oparte na materiale badawczym po 5 latach jego wzrostu na powierzchni testującej i należy je traktować jako wstępne. Jednakże, u wielu gatunków drzew ekspresja dynamiki ich wzrostu w wieku 5 czy 10 lat pozostaje niezmienna również w późniejszym wieku. Uzyskane wyniki wskazują ogólne tendencje we wzroście badanych populacji i genotypów, a ich pełniejszy obraz będzie można uzyskać po przeanalizowaniu pozostałych powierzchni równoległych. Można zatem wnioskować, że znaczne zróżnicowanie genetyczne stwarza szansę na identyfikację genotypów charakteryzujących się większą odpornością na niekorzystne czynniki środowiskowe, przy jednoczesnym zachowaniu pożądanych cech wzrostowych. Przykładem populacji o dużej plastyczności i wysokich zdolnościach adaptacyjnych, predestynowanych do wykorzystania w przyszłych programach hodowlanych są genotypy z populacji Kolonowskie oraz Zwierzyniec Lubelski.

Wkład autorów

J.K. – koncepcja badań, wstęp, metodyka, V.M. – wyniki i analiza statystyczna, T.W. – zbiór danych, korekta tekstu.

Konflikt interesów

Autorzy deklarują brak potencjalnych konfliktów.

Źródło finansowania badań

Sfinansowano z tematu 500475 „Poznanie wartości hodowlanej leśnego materiału podstawowego przez testowanie potomstwa” zleconego przez DGLP.

Literatura

- Banach J., Nabielec W., Szymański N. 2025. Spring flushing dynamics of *Picea abies* (L.) Karst. growing at a test site in the Koszęcin Forest District, *Sylvan* 169 (5): 305–320. DOI: <https://doi.org/10.26202/sylvan.2025011>.
- Benomar L., Lamhamedi M. S., Rainville A., Beaulieu J., Bousquet J., Margolis H.A. 2016. Genetic adaptation vs. Ecophysiological plasticity of photosynthetic-related traits in young *Picea glauca* trees along a regional climatic gradient, *Frontiers in Plant Science* 7 (48). DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.00048>.
- Beuker E. 1996. Implications of climate adaptability in provenance trials with Scots pine and Norway spruce in Finland for the possible effects of climate warming. Academic Dissertation. University of Joensuu, Faculty of Forestry, Joensuu.
- BNL 2025. <https://registry.bnl.gov.pl/registry/LMP> (dostęp 6.11.2025).
- Budeanu M., Apostol E.N., Radu R.G., Ioniță L. 2021. Genetic variability and juvenile–adult correlations of Norway spruce (*Picea abies*) provenances tested in multisite comparative trials, *Ann. For. Res.* 64 (2): 105–122. DOI: <https://doi.org/10.15287/afr.2021.2122>.
- Chakraborty D., Móricz N., Rasztovits E., Dobor L., Schueler S. 2021. Provisioning forest and conservation science with high-resolution maps of potential distribution of major European tree species under climate change, *Annals of Forest Science* 78 (2). DOI: <https://doi.org/10.1007/s13595-021-01029-4>.
- Chałupka W., Mejnartowicz L., Lewandowski A. 2008. Reconstitution of a lost forest tree population: A case study of Norway spruce (*Picea abies* [L.] Karst.), *Forest Ecology and Management* 255 (7), 2103–2108.
- Chmura D.J., Matras J., Barzdajn W., Buraczyk W., Kowalkowski W., Kowalczyk J., Rożkowski R., Szeligowski H. 2016. Variation in growth of Norway spruce in the IUFRO 1972 provenance experimental series, *Silvae Genetica* 67 (1), 26–33. DOI: <https://doi.org/10.2478/sg-2018-0004>.
- Dyderski M.K., Paż-Dyderska S., Jagodziński A.M., Puchałka R. 2025. Shifts in native tree species distributions in Europe under climate change, *Journal of Environmental Management* 373. 123504. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2024.123504>.
- Eriksson G., Namkoong G., Roberds J. 1995. Dynamic conservation of forest tree gene resources, *Forest Genetic Resources* 23: 2–8.
- Falconer D.S., Mackay T.F.C. 1996. Introduction to quantitative genetics. Longman, New York.
- Fober H. 2004. An assessment of family variation of Norway spruce (*Picea abies* (L.) Karst.) of the Kolonowskie provenance from a reconstitution seed orchard, *Silvae Genetica* 53 (1-6), 249–253. DOI: <https://doi.org/10.1515/sg-2004-0046>.
- Giertych M. 1991. Provenance variation in growth and phenology, w: M. Giertych, C. Mátyás (red.) Genetics of Scots Pine. Akadémiai Kiadó, Budapest. s. 87–101.
- Gömöry D., Krajmerová D., Hrivnák M., Longauer R. 2020. Assisted migration vs. close-to-nature forestry: What are the prospects for tree populations under climate change?, *Central European Forestry Journal* 66 (2): 63–70.
- Klisz M., Jastrzębowski S., Chojnacka-Ozga L., Kowalczyk J. 2015. Zmienność wzrostu promieniowego czterech proveniencji świerka pospolitego w warunkach środkowej Polski, *Leśne Prace Badawcze* 76 (1): 59–65. DOI: <https://doi.org/10.1515/lfp-2015-0006>.
- Kocięcki S. 1988. Wytyczne w sprawie selekcji drzew na potrzeby nasienictwa leśnego, *Prace IBL, Ser. B* nr 7: 1–61.
- Kowalczyk J., Markiewicz P., Matras J. 2009. Intra-population variability of *Picea abies* from Zwierzyniec Lubelski and Bliżyn (Poland), *Dendrobiology* 61 (Supplement). <https://bibliotekanauki.pl/articles/41233.pdf> (dostęp 5.12.2025).
- Laudański Z., Mańkowski D.R. 2007. Planowanie i wnioskowanie statystyczne w badaniach rolniczych. IHAR, Radzików.
- Matras J. 2009. Growth and development of Polish provenances of *Picea abies* in the IUFRO 1972 experiment, *Dendrobiology* 61: 145–158.

- Matras J., Barzdajn W., Chałupka W., Sabor J., Tarasiuk S. Kowalczyk J., Markiewicz P., Klisz M., Przybylski P. 2010. Realizacja programu testowania potomstwa drzewostanów wyselekcjonowanych i drzew matecznych w latach 2005-2010, Spr. Nauk. IBL, Warszawa. 341 s.
- Matras J., Fonder W. 2006. Założenia Programu ochrony leśnych zasobów genowych i hodowli selekcyjnej drzew leśnych w Polsce na lata 2011-2035. *Post. Tech. Leś.* 95: 7–15.
- Młynarczyk A., Sabor J., Banach J., Rożkowski R. 2011. Ocena zasobów genowych świerka istebniańskiego na powierzchniach zachowawczych in situ i ex situ, *Sylwan* 155 (10): 674–686.
- Muñoz F., Sanchez L. 2020. breedR: Statistical Methods for Forest Genetic Resources Analysts. R package version 0.12-5, <https://github.com/famuvie/breedR> (dostęp 5.12.2025).
- Pâques L.E. (red.). 2013. Forest Tree Breeding in Europe: Current State of-the-Art and Perspectives, T. 25. Springer, Dordrecht. DOI: <https://doi.org/10.1007/978-94-007-6146-9>.
- Przybylski P., Matras J. 2021. Poznanie wartości hodowlanej leśnego materiału podstawowego wykorzystywanego w gospodarce leśnej przez testowanie potomstwa, Sprawozdanie IBL z 500-439 / OR.271.3.8.2016.
- Sabor J. 2002. Czemu służy genetyka leśna, *Głos lasu* 1. 5–9.
- Sebastian-Azcona J., Hamann A., Hacke U.G., Rweyongeza D. 2019. Survival, growth and cold hardiness tradeoffs in white spruce populations: Implications for assisted migration, *Forest Ecology and Management* 433: 544–552. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2018.10.046>.
- Skrøppa T., Steffenrem A. 2016. Selection in a provenance trial of Norway spruce (*Picea abies* L. Karst) produced a land race with desirable properties, *Scandinavian Journal of Forest Research* 31 (5): 439–449. DOI: <https://doi.org/10.1080/02827581.2015.1081983>.
- Skrøppa T., Steffenrem A. 2021. Performance and Phenotypic Stability of Norway Spruce Provenances, Families, and Clones Growing under Diverse Climatic Conditions in Four Nordic Countries, *Forests* 12. 230. DOI: <https://doi.org/10.3390/f12020230>.
- Tyszkiewicz S. 1968. Population studies of Norway spruce in Poland. Forest Research Institute, Warszawa. 180 s.
- Ustawa 2001. Ustawa z dnia 7 czerwca 2001 r. o leśnym materiale rozmnożeniowym, *Dziennik Ustaw* 2001.73.761. <https://isap.sejm.gov.pl/isap.nsf/download.xsp/WDU20010730761/T/D20010761L.pdf> (dostęp 5.12.2025).
- Wei R.P. 1996. Loss of genetic diversity following selection from populations with a family structure, *Silvae Genetica* 45 (2-3): 153–159.
- J.W. 1976. Introduction to Forest Genetics, New York. 463 s.