



INSTYTUT BADAWCZY LEŚNICTWA
05-090 Sękocin Stary Braci leśnej 3

Panel Ekspertów „NAUKA”

TERAŻNIEJSZOŚĆ I PRZYSZŁOŚĆ BADAŃ LEŚNYCH

Termin: 8 grudnia 2015 r.

SESJA 3

HODOWLA SELEKCYJNA W WIELOFUNKCYJNEJ GOSPODARCE LEŚNEJ – STAN, PERSPEKTYWY I POTRZEBY BADAWCZE

Prof. dr hab. Andrzej LEWANDOWSKI, Instytut Dendrologii PAN w Kórniku

Dr Daniel J. CHMURA, Instytut Dendrologii PAN w Kórniku

Dr hab. Witold WACHOWIAK, prof. UAM, Instytut Dendrologii PAN w Kórniku, Instytut Biologii Środowiska, Wydział Biologii, Uniwersytet im. A. Mickiewicza w Poznaniu

Mgr inż. Czesław KOZIOŁ, Leśny Bank Genów Kostrzyca

Obecnie w Polsce rozwija się model zrównoważonej, wielofunkcyjnej gospodarki leśnej. Nie oznacza to jednak, że każdy fragment lasu będzie spełniał wszystkie funkcje jednocześnie i w jednakowym stopniu. Funkcja produkcyjna często stoi w konflikcie z pozostałymi funkcjami lasu, jednak prognozowane rosnące zapotrzebowanie na drewno wskazuje na konieczność intensyfikacji produkcji surowca drzewnego. Kumulacja produkcji w drzewostanach o wiodącej funkcji produkcyjnej pomoże złagodzić to wymaganie w stosunku do ekosystemów leśnych, w których pozaprodukcyjne funkcje lasu będą mogły być zaspokajane w większym stopniu. Głównym celem tego opracowania jest zwrócenie uwagi na konieczność zintensyfikowania w Polsce hodowli selekcyjnej drzew leśnych, ściśle związanej z funkcją produkcyjną oraz wskazanie związanych z nią perspektyw i potrzeb badawczych.

Znaczenie i zadania hodowli selekcyjnej

W trakcie prowadzenia hodowli selekcyjnej dąży się do poprawy dziedziczących się cech, korzystnych z punktu widzenia hodowcy. Dla określonych celów człowiek korzysta ze zmienności ukształtowanej przez naturalne procesy: mutacji, doboru i migracji, wykorzystując część tej zmienności w sztucznie tworzonych populacjach hodowlanych. Populacje hodowlane z założenia są więc genetycznie zawężone w porównaniu do populacji podstawowej, z której zostały wyprowadzone. Naszą rolą jest umiejętne zarządzanie tą zmiennością, tak aby uzyskać postęp hodowlany w kolejnych cyklach selekcji. Postęp selekcyjny jest możliwy tak długo, jak długo w populacji hodowlanej istnieje zmienność cech, które są obiektem ulepszania. Należy podkreślić, że podstawowym zadaniem hodowli selekcyjnej jest ulepszanie materiału pod kątem potrzeb człowieka, a nie troska o zachowanie całkowitej zmienności genetycznej. W racjonalnie prowadzonej gospodarce leśnej, jak najszerszy zakres zmienności genetycznej utrzymywany jest w populacji podstawowej, poprzez zrównoważony udział powierzchniowy lasów powstałych z materiału prowadzonego w sposób tradycyjny i materiału ulepszanego. Troska o utrzymanie odpowiedniego poziomu zmienności genetycznej w populacji hodowlanej jest oddzielnym zagadnieniem.

Można zaryzykować stwierdzenie, że w powszechnej świadomości leśników hodowla lasu reprezentuje bardziej „uprawę” niż „hodowlę”. Mianem „hodowli lasu” określa się całokształt zabiegów związanych zarówno z wyborem i rozmnażaniem drzew o pożądanym cechach, produkcją materiału rozmnożeniowego, uzyskaniem odnowień, prowadzeniem zalesień, jak i zapewnieniem odpowiednich warunków wzrostu i rozwoju drzew przez pielęgnację drzewostanów. W takim ujęciu termin „hodowla” lasu obejmuje zarówno zabiegi zmierzające do ulepszania dziedzicznych cech materiału sadzeniowego, określane w naukach rolniczych jako „hodowla”, jak i „uprawę”, oznaczającą zapewnienie odpowiednich warunków do wzrostu i rozwoju uzyskanych odmian. Odmienne niż w rolnictwie traktowanie hodowli wynika być może po części z faktu, że hodowla i uprawa w leśnictwie często się przenikają, np. przy wykorzystaniu odnowienia naturalnego, a po części z mniejszej intensywności zabiegów hodowlanych prowadzonych w leśnictwie.

Obowiązujący w Polsce „Program zachowania leśnych zasobów genowych i hodowli selekcyjnej drzew na lata 2011-2035” (Chałupka i in. 2011), będący kontynuacją programu realizowanego w poprzednim dwudziestolecu, określa kierunek postępu w dziedzinie genetycznego ulepszania drzew leśnych realizowany w Lasach Państwowych. Hodowla selekcyjna w LP rozpoczęła się krótko po II wojnie światowej od programu wyboru drzew

doborowych, realizowanego przez Instytut Dendrologii PAN w Kórniku. Z wybranych drzew założono też pierwsze plantacje nasienne. Po przejściu programu przez Instytut Badawczy Leśnictwa, główny nacisk położono na selekcję populacyjną, która niestety jest mniej efektywna pod kątem osiąganego zysku genetycznego w porównaniu do selekcji indywidualnej. Mimo tego, po latach prowadzenia selekcji na poziomie populacyjnym, można dostrzec stopniową poprawę produktywności i jakości drzewostanów. Niestety, uzyskane w trakcie realizacji „Programu” osiągnięcia hodowlane, będące wynikiem prowadzenia selekcji indywidualnej, jak dotąd nie znalazły należnego wykorzystania w praktyce leśnej. Na pełne wykorzystanie potencjału produkcyjnego wyselekcjonowanego materiału nie pozwalają także restrykcyjne zasady regionalizacji nasiennej, ukierunkowane raczej na zachowanie odrębności wybranych populacji i w niewielkim stopniu wykorzystujące współczesną wiedzę genetyczną. Prawdopodobnie powyższe uwarunkowania i dotychczasowa niewystarczająca kapitalizacja zysku genetycznego przyczyniły się do krytyki celowości prowadzenia hodowli selekcyjnej, podniesionej i zaakcentowanej w rekomendacjach panelu Narodowego Programu Leśnego „Klimat”.

Prognozy zapotrzebowania na drewno jednoznacznie wskazują, że w najbliższych latach niezbędna będzie intensyfikacja produkcji masy drzewnej. Realizacja programów z wykorzystaniem hodowli selekcyjnej może dostarczyć materiału, który w powiązaniu z odpowiednią jego uprawą pomoże zaspokoić przyszłe potrzeby. Hodowla selekcyjna jest drogą do osiągnięcia trwałej poprawy korzystnych cech oraz właściwości drzewostanów. Jednak z tego względu, że jest przedsięwzięciem długotrwałym, szczególnie w odniesieniu do drzew, niezbędne jest dokładne określenie celu selekcji, który będzie możliwie stabilny w ciągu trwania programu. Historycznie, jednym z najważniejszych celów hodowli selekcyjnej była poprawa produktywności drzewostanów, dlatego w naszym mniemaniu ten cel powinien zostać utrzymany. W podziale powierzchniowym obszarów leśnych należy wydzielić obszary z wiodącą produkcyjną funkcją lasu, przy zrównoważonym udziale innych funkcji. Genetycznie ulepszony materiał należy wprowadzać tam, gdzie funkcja produkcyjna będzie wiodąca, również w formie plantacji drzew szybkorosnących, nie wyłączając terenów leśnych. Postulujemy, aby szczególnie w odniesieniu do gatunków o wysokim potencjalnie produkcyjnym, zintensyfikować prace nad selekcją indywidualną, zapewniającą osiągnięcie w najkrótszym czasie największego zysku genetycznego. Jednocześnie wskazane byłoby prowadzenie badań, które dostarczą odpowiedzi na pytanie, jakie zabiegi uprawowo-hodowlane dadzą najlepsze efekty przy uprawie ulepszonych genotypów drzew. W ramach dotychczasowych prac związanych z prowadzeniem selekcji indywidualnej w Polsce

dokonano wyboru drzew matecznych (doborowych) na podstawie cech fenotypowych oraz założono z nich plantacje nasienne pierwszej generacji. Szacuje się, że w porównaniu do materiału nieselekcjonowanego, spodziewany zysk genetyczny dla miąższości drzew osiągnięty dla potomstwa plantacji nasiennych pierwszej generacji zawiera się w granicach 6-7%, bez prowadzenia cięć selekcyjnych oraz 12-13% po cięciach selekcyjnych (Squillace 1989). Ogólnie zaś, w programach hodowli selekcyjnej drzew, w zależności od strefy klimatycznej, generacji cyklu selekcyjnego i intensywności selekcji spodziewany zysk miąższości wynosi 10-30% (McKeand i in. 2003). Jak podaje McKeand (2014), po 40 latach realizacji programu w południowych stanach USA zrealizowany zysk w trzeciej generacji selekcji wyniósł około 20%. W naszych warunkach, z plantacji nasiennych pierwszej generacji możemy spodziewać się więc zysku genetycznego w granicach 10-15%. Niestety, w stosunku do wcześniej rozpoczętych działań związanych z zakładaniem plantacji nasiennych, znacznie opóźnione jest testowanie potomstwa drzew matecznych, które metodycznie realizowane jest dopiero od kilku lat. Z uwagi na długowieczność drzew, wiarygodne wyniki testów potomstwa można będzie uzyskać w czasie około połowy zakładanego wieku rębności. W związku z tym, na razie nie dysponujemy pełną informacją o wartości hodowlanej drzew matecznych, na podstawie której można by zakładać plantacje nasienne drugiej i kolejnych generacji. Jednak do czasu uzyskania tych wyników, do oceny wartości hodowlanej drzew matecznych można i należy wykorzystać istniejące od wielu lat rodowe plantacje nasienne (plantacyjne uprawy nasienne – PUN), na których reprezentowane jest generatywne potomstwo drzew matecznych.

Wydaje się, że w niedalekiej przyszłości, alternatywą dla zwykle długotrwałych i kosztownych tradycyjnych metod hodowli, opartych na selekcji fenotypowej i testach potomstwa, będą metody selekcji oparte na wykorzystaniu markerów molekularnych. Tworzenie baz danych zasobów genomowych drzew leśnych oraz rozwój metod analitycznych pozwala na wykorzystanie tradycyjnych populacji hodowlanych do selekcji w oparciu o markery genetyczne. Jednym z obiecujących podejść jest selekcja genomowa, oparta na określeniu wartości hodowlanej pojedynczych drzew poprzez ocenę wpływu zmienności genetycznej wielu markerów DNA badanych równocześnie i wykorzystania ich jako wskaźników zmienności danej cechy. Podejście to, wykorzystywane w selekcji drzew leśnych, pozwala na przyspieszenie cyklu hodowlanego i podniesienie skuteczności selekcji, szczególnie względem cech ulegających późnej ekspresji (Desta i Ortiz 2014, Grattapaglia 2014). Rozwój metod selekcji genomowej staje się możliwy dzięki dostępności i znacznej redukcji kosztów sekwencjonowania i genotypowania DNA nowej generacji oraz dostępności

nowych markerów i zasobów genomowych opracowanych ostatnio np. dla sosny zwyczajnej (Wachowiak i in. 2015). Pomyślny rozwój i zastosowanie metod molekularnych w leśnictwie może być ogromnym skokiem technologicznym, pozwalającym na zwiększenie efektywności hodowli selekcyjnej, wspomagającym działania oparte głównie na selekcji fenotypowej.

Zachowanie i ochrona zasobów genowych

Jako jeden z warunków niezbędnych dla utrzymania zdolności adaptacyjnej drzew i trwałości lasów podnosi się konieczność zachowania jak największego poziomu zmienności genetycznej. Obecnie zachodzące i prognozowane zmiany klimatyczne, w tym wzrost temperatury oraz zmiany w ilości opadów (IPCC, 2013), prawdopodobnie będą miały niekorzystny wpływ na populacje drzew leśnych o utrwalonych optimach adaptacyjnych do lokalnych warunków środowiskowych. W konsekwencji, obniżone dopasowanie (*fitness*) populacji drzew leśnych może znacząco wpłynąć na produkcję leśną i wskaźniki przeżywalności objawiające się obniżeniem zdolności do naturalnej regeneracji, zwiększoną podatnością na pożary, czy obniżoną odpornością na nowe patogeny i szkodniki. Scenariusz ten stanowi szczególne wyzwanie w przypadku drzew leśnych stanowiących ponad 80% całkowitej biomasy lądowej i skupiających ponad 50% bioróżnorodności ziemskiej o fundamentalnym znaczeniu m.in. w globalnej regulacji obiegu węgla, wody i regulacji klimatu (Anderson i in. 2011).

W tym kontekście szczególnie istotne będzie utrzymanie odpowiedniego poziomu zmienności genetycznej w populacji podstawowej, reprezentującej ogół mniej lub bardziej naturalnych populacji drzew w ramach gatunku. Z drugiej zaś strony, w świetle spodziewanych szybkich zmian klimatu, uprawa genetycznie ulepszonych drzew może być postrzegana jako rozpraszanie ryzyka w odniesieniu do funkcji produkcyjnej. Uprawa w krótkich i średnich cyklach rotacyjnych pozwala na zmniejszenie ryzyka w przypadku wystąpienia niepożądanych zjawisk klimatycznych oraz szybszą wymianę materiału, który będzie lepiej przystosowany do zmienionych warunków.

W naszym kraju podjęto wiele działań skierowanych na ochronę zasobów genowych drzew leśnych *in situ*, poprzez ochronę całych ekosystemów leśnych w parkach narodowych, rezerwach przyrody, tzw. powierzchniach referencyjnych, a także w drzewostanach zachowawczych lub wyłączonych drzewostanach nasiennych. Dobry przykład dają tu Lasy Państwowe, które posiadają swój własny program zachowania leśnych zasobów genowych i hodowli selekcyjnej drzew leśnych w Polsce na lata 2011-2035 (Chałupka i in. 2011).

Jednak, jak dotąd, brak jest programu ogólnokrajowego obejmującego wg takich samych kryteriów wszystkie lasy naszego kraju, w tym lasy prywatne oraz tereny leśne parków narodowych, który powinien być opracowany na szczeblu Ministerstwa Środowiska. W związku z przewidywanym szybkim tempem zmian klimatu i niedostatecznym tempem naturalnych procesów adaptacyjnych utrzymanie zmienności *in situ* może nie być wystarczające. Stąd też potrzeba rozpoczęcia w Polsce badań nad zmiennością adaptacyjną populacji naszych gatunków drzewiastych. Służyć temu mogą z powodzeniem założone wcześniej, dla niektórych lasotwórczych gatunków, powierzchnie proweniencyjne. W przypadkach, gdy działania ochrony *in situ* zawodzą a zmienność genetyczna populacji ulega dryfowi genetycznemu poprzez zmniejszanie się liczby osobników zdolnych do reprodukcji oraz chów wsobny, należy obligatoryjnie prowadzić działania ochrony *ex situ*. Działania takie prowadzi się poprzez zakładanie upraw pochodnych i zachowawczych oraz archiwów klonów poza miejscem występowania danej populacji. Należy również rozważyć możliwość wykorzystania tzw. „migracji wspomagananej” czy „wspomaganego przepływu genów” w odniesieniu do populacji drzew leśnych (McLachlan i in. 2007; Aitken i Bemmels 2015). Szczególnej uwagi i odpowiedniego podejścia badawczego wymagają także populacje marginalne naszych gatunków drzewiastych, gdyż mogą one być źródłem korzystnych cech adaptacyjnych do zmieniających się warunków środowiska (Kelleher i in. 2015). W najbliższym czasie powinno się także rozpocząć, zgodnie z zaleceniami EUFORGEN’u (European Forest Genetic Resources Programme), badanie zmienności genetycznej (genetic screening) wyznaczonych przez nasz kraj „dynamicznych jednostek zachowawczych” (DCU), a w dalszej kolejności prowadzić dla nich genetyczny monitoring zmian, który powinien być włączony do ogólnego monitoringu środowiskowego (Koskela i in. 2013; Lefèvre i in. 2013; De Vries S. i in. 2015).

Dla dodatkowego zabezpieczenia zmienności genetycznej najcenniejszych lub zagrożonych obiektów tworzy się banki genów. Zasoby w nich zgromadzone w pierwszej kolejności służą do odtwarzania ginących i utraconych populacji (Chałupka i in 2011). Poza samą czynnością długoterminowego przechowywania nasion lub innych części roślin w niskich temperaturach, niebagatelne znaczenie dla przechowywanych zasobów mają zabiegi dotyczące stałego monitoringu ich żywotności i wigoru, jak również rozwoju nowoczesnych biotechnologii (State of the World, 2014). Problemem do rozwiązania pozostaje wypracowanie nowych metod i technologii przechowalniczych dla nasion z kategorii *recalcitrant*, do których zaliczamy gatunki ciężkonasienne oraz często biocenotyczne, nie

tworzące dużych populacji. Należy zaznaczyć, że znaczenie banków genów dla możliwości odtwarzania populacji i ekosystemów jest w Polsce ciągle niedoceniane.

Nowe podejścia z zakresu genetyki populacyjnej i genomiki drzew leśnych opierają się na wykorzystaniu ich wzorów zmienności wewnątrz- i międzypopulacyjnej do efektywnej ochrony i gospodarowania zasobami genowymi w naturalnych populacjach. Metody te dotyczą analizy korelacji polimorfizmu nukleotydowego w rejonach kodujących genomu ze zmiennością cech fenotypowych, a także gradientem czynników środowiskowych wywołujących presję selekcyjną w obrębie populacji (Savolainen i in. 2007). Zastosowanie próby o dużej liczbie osobników pozwala na skonstrastowanie frekwencji substytucji nukleotydowych względem zmienności tła genetycznego i identyfikację polimorfizmu poddanego działaniu naturalnej selekcji. Procesy demograficzne takie jak ekspansja populacji, efekt założyciela czy izolacja populacji działają jednakowo na wszystkie loci w obrębie genomu, stąd rejony poddane działaniu naturalnej selekcji charakteryzują się kontrastowym wzorem zmienności w formie klinalnej lub ekstremalnej frekwencji polimorfizmu względem tła genetycznego gatunku. Wykorzystanie metod oceny zmienności na poziomie całego genomu pozwoli na analizę wpływu procesów naturalnej selekcji na wzorce zmienności fenotypowej w skali naturalnych zasięgów gatunków oraz lepsze poznanie genetycznych podstaw zmienności adaptacyjnej, w tym rejonów genomowych podlegających działaniu naturalnej selekcji. Wiedza na temat mutacji, genów oraz szlaków metabolicznych związanych z ewolucją gatunków jest szczególnie istotna w aspekcie efektywnej ochrony i gospodarowania zasobami genowymi w naturalnych populacjach. Badania z wykorzystaniem metod analiz korelacji polimorfizmu genetycznego zastosowano dotychczas z powodzeniem do identyfikacji m.in. genów związanych z odpornością na patogeny, fenologią i dynamiką wzrostu u roślin uprawnych (Pasam i in. 2012), miejsc polimorficznych (SNPs) skorelowanych z parametrami jakości drewna u świerka (Beaulieu i in. 2011), czy też fenologii przerywania spoczynku zimowego u topoli (Ingvarsson i in. 2008).

Pochodzenie i jednorodność genetyczna drzewostanów

Istotnym elementem badań genetycznych w programach selekcji i ochrony drzew leśnych jest kwestia pochodzenia i jednorodności genetycznej materiału biologicznego. Struktura genetyczna współcześnie występujących populacji drzew leśnych jest wypadkową wielu procesów. Najważniejszym z nich było naturalne kształtowanie się zasięgów w trakcie rozprzestrzeniania się gatunków po ostatnim zlodowaceniu. Na te procesy nałożyły się

działania człowieka, z początku związane z wylesieniami pod rozwijające się osadnictwo, pozyskiwaniem drewna na cele gospodarcze, aż po zastępowanie naturalnych drzewostanów sztucznymi nasadzeniami. Na terenie Europy w dziewiętnastym i na początku dwudziestego wieku dochodziło do wielkoobszarowych przeobrażeń powierzchni leśnych. Na szeroką skalę, w miejsce wycinanych drzewostanów, często liściastych, wprowadzono szybko rosnące monokultury świerkowe i sosnowe, przy czym używany materiał siewny był zazwyczaj nieznanego pochodzenia. W tym czasie na zachodzie Europy, głównie w Austrii i Niemczech prężnie działały firmy nasienne (Lewandowski 2014). Powszechnie stosowaną przez te firmy praktyką było mieszanie nasion różnych pochodzeń. Dane literaturowe wskazują, że z powodu wysokiej ceny oraz słabej jakości rodzimych nasion, większość materiału siewnego wykorzystywana na ziemiach polskich była sprowadzana z zewnątrz (Anonim 1884; Trąpczynski 1850). Należy więc mieć świadomość, że struktura genetyczna większości współczesnych drzewostanów jest bardzo silnie przekształcona. Drzewostany te mogą też być mieszaniną populacji o różnym pochodzeniu.

Wpływ człowieka na strukturę genetyczną populacji drzew leśnych był zapewne różny w zależności od gatunku, a największa presja była wywierana na gatunki ważne z gospodarczego punktu widzenia, takie jak sosna zwyczajna i świerk pospolity. Do tej pory uzyskaliśmy tylko częściową wiedzę na temat poziomu zmienności i genetycznego zróżnicowania pomiędzy populacjami zaledwie niektórych naszych gatunków drzewiastych. Wyniki badań wskazują, że dla większości gatunków, ponad 90% całkowitej zmienności jest zlokalizowana wewnątrz populacji (Lewandowski i Burczyk 2002). Jednak, mimo postępu badań genetycznych, ciągle brak dostatecznej wiedzy odnośnie stopnia wymieszania pul genowych różnych pochodzeń w wyniku działalności człowieka. Dobrym przykładem obrazującym skalę przemieszczenia materiału genetycznego może być świerk pospolity. Na przełomie dziewiętnastego i dwudziestego wieku na teren naszego kraju, na dużą skalę, w sposób niekontrolowany wprowadzono świerka pochodzenia obcego. Wstępne badania wskazują, że na 143 do tej pory zbadane populacje, 76 jest zanieczyszczonych świerkiem pochodzenia alpejskiego, a zanieczyszczenie to wynosi od 3% do 100%. Świerk pochodzenia alpejskiego jest obecny nawet w mikroregionach matecznych, które zostały utworzone z myślą o ochronie lokalnych ekotypów oraz wśród drzew doborowych (Lewandowski i in. 2012). Wydaje się, że stopień zanieczyszczenia obcym materiałem nasiennym może w podobnym stopniu dotyczyć i innych naszych gatunków drzewiastych, w tym głównie sosny zwyczajnej. W tym kontekście niezwykle ważnym jest kompleksowe poznanie struktury genetycznej oraz zróżnicowania genetycznego pomiędzy populacjami gatunków drzewiastych

występujących w naszym kraju, ze szczególnym uwzględnieniem zbadania jednorodności i czystości genetycznej populacji wewnątrz regionów nasiennych.

Rekomendacje

- Intensyfikacja prac nad selekcją indywidualną wybranych gatunków drzew o wysokim potencjale realizacji zysku genetycznego w relatywnie krótkim czasie oraz położenie mniejszego nacisku na ich selekcję populacyjną. Konieczna jest kontynuacja programu testowania potomstwa drzew matecznych. Dla pozostałych gatunków należy kontynuować selekcję populacyjną.
- Określenie wiodącej funkcji lasu przy zrównoważonym udziale powierzchniowym różnych funkcji. Wprowadzanie wyselekcjonowanych genetycznie drzew w formie zbliżonej do plantacji tam, gdzie funkcja produkcyjna jest wiodąca. Jednocześnie wskazane jest prowadzenie badań, które dostarczą odpowiedzi na pytanie, jakie zabiegi uprawowo-hodowlane dadzą najlepsze efekty przy uprawie ulepszonych genotypów drzew.
- Zastosowanie nowych metod sekwencjonowania i genotypowania DNA w skali całego genomu do analizy genetycznych podstaw wydzielenia stref nasiennych gatunków uprawnych, adaptacji i zmienności fenotypowej cech użytkowych drzew leśnych oraz opracowania metod dla selekcji genomowej w programach hodowlanych.
- Racjonalna gospodarka leśna powinna prowadzić do zachowania zmienności genetycznej w populacjach podstawowych, przy jednoczesnej kapitalizacji zysku genetycznego uzyskanego w populacjach hodowlanych.
- Zachowanie zasobów genowych *ex situ*. Konieczna jest identyfikacja populacji szczególnie narażonych na wpływ zmian klimatu do zachowania w bankach genów. W odniesieniu do długoterminowego przechowywania materiału genetycznego problemem do rozwiązania pozostaje wypracowanie nowych metod i technologii przechowalniczych dla nasion z kategorii *recalcitrant*.
- Intensyfikacja badań genetycznych nad kompleksowym poznaniem struktury genetycznej populacji gatunków drzewiastych, ze szczególnym uwzględnieniem problemu jednorodności i czystości genetycznej populacji wewnątrz regionów nasiennych.
- Rozpoczęcie prac nad zmiennością genetyczną „dynamicznych jednostek zachowawczych” znajdujących się w bazie EUFGIS i prowadzenie stałego monitoringu genetycznego zmian w nich zachodzących.

Literatura:

Aitken S.N, Bemmels J.B. 2015. Time to get moving: assisted gene flow of forest trees. Evolutionary Applications: DOI: <http://dx.doi.org/10.1111/eva.12293>

Anderson J.T., Willis J.H., Mitchell-Olds T. 2011. Evolutionary genetics of plant adaptation. Trends in Genetics 27: 258-266.

Anonim 1884. Produkcja nasion. Sylwan, 139.

Beaulieu J., Doerksen T., Boyle B., Clement S., Deslauries M., Beauseigle S., Blais S., Poulin P.-L., Lenz P., Caron S., i in. 2011. Association genetics of wood physical traits in the conifer white spruce and relationships with gene expression. Genetics 188:197-214.

Chałupka W., Matras J., Barzdajn W., Blonkowski S., Burczyk J., Fonder W., Grądzki T., Gryzłó Z., Kacprzak P., Kowalczyk J., Koziół C., Pytko T., Rzońca Z., Sabor J., Szelağ Z. Tarasiuk S. 2011. Program zachowania leśnych zasobów genowych i hodowli selekcyjnej drzew w Polsce na lata 2011-2035. Centrum Informacyjne Lasów Państwowych, Warszawa.

Desta Z.A., Ortiz R. 2014. Genomic selection: genome-wide prediction in plant improvement. Trends in Plant Science 19:592-601.

De Vries S., Alan M., Bozzano M., Burianek V., Collin E., Cotrell J., Ivancovic M., Kelleher C., Koskela J., Rotach P., Vietto L., Yrjänä. 2015. Pan-European strategy for genetic conservation of forest tree species and establishment of a core network of dynamic conservation units. European Forest Genetic Programme (EUFORGEN), Bioversity International, Rome, Italy. Xiv+40p. ISBN 978-92-9255-029-5.

Grattapaglia D. 2014. Breeding forest trees by Genomic selection: current progress and the way forward. W: Genomics of plant genetic resources, Tuberosa, R., A. Graner and E. Frison (eds.). Springer Science, Business Media, Dordrecht, str. 651-682.

Ingvarsson P.K., Garcia M.V., Luquez V., Hall D., Jansson S. 2008. Nucleotide polymorphism and phenotypic associations within and around the phytochrome B2 locus in European Aspen (*Populus tremula*, Salicaceae). Genetics 178:2217-2226.

Kelleher C., De Vries S., Bozzano M., Frýdl J., Goicoechea P.G., Ivancovic M., Kandemir G., Koskela J., Koziół C., Liesebach M., Rudow A., Vietto L., Stoyanov P. 2015. Approaches to the conservation of Forest Genetic Resources in Europe in the context of climate change. European Forest Genetic Programme (EUFORGEN), Biodiversity International, Rome, Italy. Xiv+47pp. ISBN 978-92-9255-032-5.

Koskela J., Lefevre F., Schueler S., Kraigher H., Olrik D.C., Hubert J., Longauer R., Bozzano M., Yrjana L., Alizoti P., i in. 2013. Translating conservation genetics into management: Pan-European minimum requirements for dynamic conservation units of forest tree genetic diversity. Biological Conservation 157: 39-49.

[Lefevre F.](#), Koskela J., Hubert J., Kraigher H., Longauer R., Olrik D.C., Schueler S., Bozzano M., Alizoti P., Bakys R., i in. 2013. Dynamic conservation of forest genetic resources in 33 European countries. *Conservation Biology* 27: 373-384.

Lewandowski A. 2014. Kwestia rodzimości polskich populacji w świetle XIX- i XX-wiecznego importu nasion – przykład świerka pospolitego. Materiały Zimowej Szkoły Leśnej przy Instytucie Badawczym Leśnictwa. VI Sesja: Przyrodnicze, społeczne i gospodarcze uwarunkowania oraz cele i metody hodowli lasu. Sękocin Stary, 18-20 marca, str.: 272-276.

Lewandowski A., Burczyk J. 2002. Allozyme variation of *Picea abies* in Poland. *Scandinavian Journal of Forest Research* 17: 487-494.

Lewandowski A., Litkowiec M., Grygier A., Dering M. 2012. Weryfikacja pochodzenia świerka pospolitego (*Picea abies*) w Nadlesnictwie Gołdap. *Sylwan* 156 (7): 494-501.

McKeand S., Mullin T., Byram T., White T. 2003. Deployment of genetically improved loblolly and slash pines in the south. *Journal of Forestry* 101:32-37.

McKeand S. 2014. Today's successes and future challenges for the NC State University Cooperative Tree Improvement Program. In 2014 IUFRO Forest Tree Breeding Conference, August 25-29, Prague, Czech Republic.

McLachlan J.S., Hellmann J.J., Schwartz M.W. 2007. A framework for debate of assisted migration in an era of climate change. *Conservation Biology* 21:297-302.

Pasam R., Sharma R., Malosetti M., van Eeuwijk F., Haseneyer G., Kilian B., Graner A. 2012. Genome-wide association studies for agronomical traits in a world wide spring barley collection. *BMC Plant Biology* 12:16

Savolainen O., Bokma F., Knürr T., Kärkäinen K., Pyhäjärvi T., Wachowiak W. 2007. Adaptation of forest trees to climate change? W: Koskela J., Buck A., Teissier du Cros E., (eds). *Climate change and forest genetic diversity: Implications for sustainable forest management in Europe*. Biodiversity International, Rome Italy, str. 19-30.

Squillace A.E. 1989. Tree improvement accomplishments in the South. 20th Biennial Southern Forest Tree Improvement Conference, June 26-30, 1989, Charleston, SC, USA.

The State of the World's Forest Genetic Resources. 2014. FAO, Rome. ISBN 978-92-5-108402-1.

Trąpczyński H. 1850. Zatrudnienia leśne. *Ziemiańin* 1: 359-361.

Wachowiak W., Trivedi U., Perry A., Cavers S. 2015. Comparative transcriptomics of a complex of four European pine species. *BMC Genomics* 16:234