

MACIEJ GIERTYCH

Zmienność rodowa sosny i wybór drzew elitarnych

Abstract

Giertych M. 1995 Family variability and selection of elite trees in Scots pine. *Arbor. Kórnickie* 40: 55-70.

Provenance, family and single tree heritabilities were calculated for tree height and stem diameter on a 14-year-old half-sib progeny trial with Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) growing in forest range Zwierzyniec, near Kórnik. Basing on these heritabilities a genotypic selection was made of the best provenances, the best progenies and of the best trees within the progenies, evaluating the expected genetic gains for various selection strategies. The selected 50 clones (elite trees) when used as parents would assure a wide genetic base and high genetic gain, estimated to be 58% of stem volume at age 14. The very high genetic gain is the consequence of high family heritabilities (0.40 for tree height and 0.60 for DBH) obtained thanks to the very uniform site under the experiment and its single-tree-plot design. The genetic selection (elite trees) coincides only 48% with phenotypic selection of the largest trees (as when selecting plus trees).

Additional key words: heritability, genetic gain, plus trees, elite trees, half-sib progenies, selection strategies.

Address: M. Giertych, Polish Academy of Sciences, Institute of Dendrology, 62-035 Kórnik, Poland.

Accepted for publication, February 1995.

WSTĘP

Zimą 1974 roku zebrano szyszki z pojedynczych drzew w 8 nadleśnictwach, a wiosną 1975 roku wysiano nasiona w szkółce na Zwierzyncu, w leśnictwie doświadczalnym Instytutu Dendrologii PAN w Kórniku. Dwuletnie sadzonki wysadzono wiosną 1977 roku na powierzchni doświadczalnej w oddz. 10z tego leśnictwa, w układzie losowym „jedno drzewo – jedno poletko” (single tree-plots). Plan powierzchni, stan z wiosny 1994, przedstawia ryc. 1. Jesienią 1989 roku na 14-letnich drzewach pomierzono wysokość i pierśnicę. Doświad-

Ryc. 1. Plan powierzchni doświadczalnej. Każda liczba reprezentuje jedno drzewo rosnące na danym stanowisku, a oznacza numer rodu, z którego drzewo pochodzi. Drzewa wybrane jako elitarne (tab. 6 i 8) są podkreślone. Drzewa wybrane fenotypowo (tab. 7) są oznaczone tustym drukiem.

----- N																						
Nr rzędu		Nr kolumny																				
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22
24	#	1141	1128	<u>1102</u>		x	1141	x	x	<u>1146#</u>	x	1095	1076	1075	x	x	1075	x		1141#	1075	
23	x	x	x	<u>1149</u>			x	x	1133	x	1133	x		1124	x	x	1077	1112	1131	x		
22	1099	x	x	x	1091			1096	1132	1084		1145	<u>1149</u>		x	<u>1149</u>	x		1142	1132	x	x
21	1145	x	1132	1134	x	x	x	x	x			1113	1132		1124	x	x	x	1127	1150	x	x
20	#1091	1113		x		1081		x	1149	#	x	1141	1145	1091	x	1091	x	1093	1091	1093	x	x
19	x	x	x	x			1133		1113		1113	x	1128	x	1091	x	1145	x	x	1113	x	x
18	1092	1076	1146	1079	x		x	1117	x	1084		<u>1102</u>	x	1076		1126	1117	1128	1081	1131	1081	1081
17	<u>1131</u>		1110	1145	x	x	1101	x		1134	x			x	x	x	x		x	x	1077	x
16	1079	1142	1089	x	1080	1143	1079	1148	x	1076	1079	1077	x	x		x	x	1131	1133	x		x
15	#1092	x	x	1146	1092	1092		x	1142	1077#	1084	x	1142		x	x	<u>1098</u>			1103#	x	x
14		x	1149	1148	x	1131	<u>1149</u>	x	1110	1088	1103		1103	x	<u>1100</u>	1119	x	x	1119	x	1086	1088
13	1087	1087		x		1133	1088	x	1092	x	x	1135		x	x	1098	1126	1127	<u>1146</u>	1115	x	x
12	1087	<u>1096</u>	1080	x	1127	x	x		1074	x	1080	1103		x	1084	x		x	1148	x	1145	x
11	x	x	1087	1127	1114	1087	x	1096	1103	x	1127	x	x		1104	x	1096	1124	1103	x		x
10	#1114	x	1132		1088			1077	1132	x#	x	1077	x	x	1119	x	1076	1076	x	x#		x
09		1091	x	x	x	1091	x		x	<u>1100</u>	x	1075	x	1075	1142	1084	1077	1086	1099			
08	1077	1103	1077	1103	1148	1077	1103	x	1146	x	1125	1148	x	x	x	x	x	1148	x			x
07	1084	x	x	1084	1084	x		1098		1092	1084	x	1075	1092	1084	x	1087	<u>1146</u>	1092		x	1126
06	x	x	1134	1134	1133	1134	1084	1134	1134	x	1087	1091	1084	x	<u>1133</u>	x	1087	x	x	1116	x	x
05	#1141	x	x			1104	x		1089	x#	x	1093	<u>1104</u>	1102	x	x	x		x	1077	1148	1150
04	x		1087	x	x	1082	x	1133	<u>1146</u>	1134	1127	1133	1098	1098	x	1128		x	1142		1100	1076
03	x	1104	x	<u>1104</u>		1115	1084	1087	x	1111	x	1091	1145	x	1098	1087		x	1116	x	1084	x
02	1079	x	1124	x	1150	x	1124	x	1092	1141	x	1112	1141	1112	1141	1082	1076	x	1089	1076	1148	x
01	#1076	1149	1092	x	1116	1092	1076	1128	1092	1116#	1079	x	1104	1110	1092	1110	1114	x	x	x#		1092

– lokalizacja palika, T – lokalizacja tablicy informacyjnej, x – *Pinus nigra* nie należąca do doświadczenia, o – *Pinus sylvestris* nie należąca do doświadczenia.

<----- N

Nr rzędu	Nr kolumny																					
	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44
24	<u>1102</u>	1141	1079	x	1096	1098	x	1128#	1096	x		x	x	1114		x	1096	1128#	x	1117	x	1079
23	1128	x	1124	x			1141	x		x	x	1112	x		1124	x	x	x	1113	x	1131	1133
22		x	1124	1081	x	1142	1081	x	1081	x	x	1149		1093	x	x	1081	1093	1091	1133	x	1133
21	1145	1080	1124	1145		1133	1132	x	1132	x	x	1081	1145	1133	x	x	1080	1081	x	x	1132	x
20	x	x	x	x		1110	1149	x		x	x	1132		1124	1114	1080	1110	x	x	1131	x	x
19	x	1128	x	1145		x		x	x	x		1081	1131	x	1143	1128	1131	x	x	x	1082	
18	x	1111	x	1128	x		1117		1119	1119	x	1113	1079		x	1116	x	1150	1074		1084	1126
17	1149	1077	1076	x	x	1115	1077	1077	1149	1110	<u>1125</u>		1125	<u>1125</u>	1125	1077	1077	1092		x	1092	
16	1079	1079	1079		1127		1079	1081	x	x	<u>1098</u>	1150	1133	<u>1125</u>	x	1113	x	1127		1133	1127	x
15		x	x	1076	x		x	x#		x	1086	x		x	1079	x	<u>1096</u>	x#	1117		x	x
14	x	x	1103	1124			1081	x	x	x	1082			1091	1143	x	x	1088	x	1143	1131	1133
13		<u>1149</u>	1143	<u>1096</u>		1086	x	<u>1133</u>	x	x	x	<u>1131</u>	1088	1079	x	x	x	x	1098		x	
12	1148	x	x	1142		1091	1132	x	1148	1080	x		1080		x	1148	1143	1096	x	x	1143	<u>1104</u>
11	x	1127	x	x	<u>1100</u>	x	x	1143	1079	1080	x	1089	x	x	1110	x	x	x	1103	1128	1143	x
10		x		1119	<u>1125</u>	<u>1131</u>	x	1132#	1079	1119	1098			x	1125	1132	x	<u>1125#</u>	1145	x	<u>1146</u>	
09	1125	x	1110	x	<u>1102</u>	1128	1132	<u>1125</u>	x	o	1075	x	x	<u>1104</u>	x	x		x	1131	1088	<u>1096</u>	
08	x	1127	1080	1084	x	x	1080	1119	1135	<u>1100</u>	x	x	1080	1102		1116	1116	x	1119	1080	1091	
07	x	x	1150	x		1098	x	x	1143	x	1098	x	x	1104	1146	x	x	1104	x			
06	1127	x	1134	1087	x	1148	1143	1084	1148	1075	1150	x	x		x	1082	x		1148		1082	1150
05		1141		1098	1104	1082	x	1141		1141	1142					1133	x	1086	1086	1104	x	
04	1096	x		1146	x	x	x			x			1086		x	x	x	1148	1104			1082
03	1150	1150	x	x	1119	x			1091	x	x	1081	1087	x		1150	x	x	1096	x		
02	x	x		1128			x	x#		1141	1084		1141	x	1092	1116		#	1141			x
01	1141#	x	x		o	o																

– lokalizacja palika, T – lokalizacja tablicy informacyjnej, x – *Pinus nigra* nie należąca do doświadczenia, o – *Pinus sylvestris* nie należąca do doświadczenia.

<----- N																						
Nr rzędu		Nr kolumny																				
	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	
24	1075	1146	x		1116	1075#	1074	1096	1075		x	1117	x	1135	1150	x#		1141	1135	1115	1117#	
23	1127		1127	1117	1081	x		x	1114	1132	x	1087	1081	1103	x	x		1132		1145	1081	
22		1132	x	1131	x	x	1133	x	x	x	1076	x	1150		x	1096	x	1132		1089	x	
21	x	1149	x		x	1142			1132		x	1080	1132	1124	1132	x	x	x		<u>1131</u>	x	
20	1114	<u>1131</u>		1142	x		1110	x		1131	x	x			x		x			1092	x	
19		x		x	1099	x		x							1127	<u>1098</u>		1111			1096	1092
18	x	x			x						x		x	x	x		1075			1127	1081	
17	1134		x	1149		x		1092	1134									x			x	
16	1088	x	1080	x		x	1087	<u>1133</u>			x	x	1127		x	1127		x		x		
15	1114	1110	1114	1110	1110	x#	1096	1087	x		x	x	1088	1096		1124#	1132				#	
14		x		1088	<u>1096</u>	1104	x				1133		x		x	x						
13	1143			x		x	1149	x			x		x	x	1119		1079			x		
12	1133					x	<u>1104</u>	1150	1119	x	x	1093		x				x	1103	x	1102	
11		x		x	x			x	x	x	x	x		1079	1081	x	x					
10			1082	<u>1100</u>	x	#		x		x		1081		1143	x	1094#		x	x		#	
09			x	x	x	1086	1131	1086	x		1096		x	x								
08	x	x	x	x		<u>1133</u>					x		x	1146	1100						x	
07		x					x					x	1075	x	1146		<u>1102</u>	x	1134		x	
06	x	x		x						x	x		x			x		x		x		
05	x	x	x	x	x	x			x	x	x		x		x		x		x		x	
04		1084		x	x		x				<u>1098</u>	x	x				x	x		x	x	
03	x	x	x	x	x		x	x			x	x		x	x		x		x			
02		x	x	x		x#	x	<u>1098</u>	x		x			1141	x	#			x		#	
01				o		o				o												

– lokalizacja palika, T – lokalizacja tablicy informacyjnej, x – *Pinus nigra* nie należąca do doświadczenia, o – *Pinus sylvestris* nie należąca do doświadczenia.

czenie potraktowane jest jako modelowe dla ukazania sposobu przeprowadzania selekcji genetycznej w ramach doświadczeń rodowych, tutaj dodatkowo skomplikowanego przez obecność zróżnicowania proveniencyjnego. Celem opracowania jest ukazanie pożytków z selekcji opartej o parametry genetyczne w porównaniu z selekcją fenotypową drzew doborowych. Opracowanie to można traktować jako rozwinięcie w stosunku do opracowanej 30 lat temu metodologii wyboru drzew doborowych (Giertych i in. 1964).

METODYKA

Pomiary poddano analizie wariancji. Zastosowano następujący model doświadczenia:

$$\text{wartość cechy} = \mu + P_k + R_{m(k)} + E_{n(km)}$$

μ = średnia dla doświadczenia

P_k = wpływ proveniencji k

$R_{m(k)}$ = wpływ rodu m w proveniencji k

$E_{n(km)}$ = wpływ drzewa n w rodzie m proveniencji k

Tabela 1

Wzory użyte w opracowaniu, wyprowadzone z analizy wariancji.

Źródło zmienności	Stopnie swobody	p S k	r L m	x L n	Oczekiwany średni kwadrat
P_k	$p-1$	0	r	x	$\sigma_E^2 + x\sigma_R^2 + rx\sigma_P^2$
$R_{m(k)}$	$p(r-1)$	1	1	x	$\sigma_E^2 + x\sigma_R^2$
$E_{n(km)}$	$pr(x-1)$	1	1	1	σ_E^2
Razem	$prx-1$				

p = liczba proveniencji
 r = liczba rodów w proveniencji
 x = liczba drzew w rodzie
 σ_P^2 = komponent wariancji proveniencyjnej
 σ_R^2 = komponent wariancji rodowej
 σ_E^2 = komponent wariancji resztowej (błądu)
 V_P = $\sigma_E^2/rx + \sigma_R^2/r + \sigma_P^2$ = wariancja proveniencyjna
 h_P^2 = σ_P^2/V_P = odziedziczalność proveniencyjna
 V_R = $\sigma_E^2/x + \sigma_R^2$ = wariancja rodowa
 h_R^2 = σ_R^2/V_R = odziedziczalność rodowa
 V_F = $\sigma_E^2 + \sigma_R^2 + \sigma_P^2$ = wariancja fenotypowa
 h_S^2 = $4\sigma_R^2/V_F$ = odziedziczalność przy selekcji osobniczej

Ukazuje to również tabela 1. Zmienność ma trzy źródła: proveniencyjne, rodowe i indywidualne. Proveniencje w liczbie 6 były specjalnie wybrane, a więc ich zmienność ma charakter narzucony (w analizie wariancji określony jako stały – S). Rody są pochodzenia losowego, ponieważ nie wybierano specjalnie drzew, z których zbierano szyszki. Były to przygodnie spotkane drzewa ścinane właśnie w trakcie gospodarczych prac zrębowych w dniu, gdy nasi pracownicy dotarli do nadleśnictwa w celu zbioru szyszek. Stąd też w analizie wariancji zastosowano dla nich model losowy (L). Chcąc uzyskać ortogonalność wyeliminowano rody o niewielkiej liczbie drzew, co zredukowało analizę do 7 rodów w proveniencji ($r=7$). W jednym przypadku (proveniencja Bolewice), mając do dyspozycji dwa rody o podobnej liczebności zachowano ten o lepszych średnich dla cech wzrostowych, a pozostawiono poza analizą ród słabiej rosnący. Oczywiście zmienność drzew wewnątrz rodu ma charakter losowy (L), a liczba drzew w rodzie jest różna (średnio $x=13.738$). Przydzielono następujące indeksy: k dla proveniencji, m dla rodów w proveniencjach i n dla drzew w rodach.

Opierając się na pracy Hicksa (1973), opisaną szczegółowo po polsku w pracy Giertycha (1991), ustalono oczekiwane średnie kwadraty (tabela 1). Na podstawie średnich kwadratów, obliczonych w ramach analizy wariancji (tabela 2 i 3), zestawionych z oczekiwanymi średnimi kwadratami (tabela 1), można wyliczyć komponenty wariancji proveniencyjnej σ^2_P , rodowej σ^2_R i losowej σ^2_E . Stosując wzory podane pod tabelą 1 obliczono wariancję proveniencyjną V_P , rodową V_R i fenotypową V_F oraz odpowiednie odziedziczalności h^2_P , h^2_R i h^2_S . Dane dla wysokości i pierśnicy drzew zawierają table 2 i 3.

Analiza wariancji dla wysokości drzew.

Tabela 2

Źródła zmienności	Stopnie swobody	Suma kwadratów	Średni kwadrat	σ^2	V	h^2
Razem	576	3212448				
Zmienne	41	921503				
Proveniencje	5	665236	133047	$\sigma^2_P=1309$	$V_P=1384$	$h^2_P=0.95$
Rody	36	256267	7119	$\sigma^2_R=206$	$V_R=518$	$h^2_R=0.40$
Resztowa	535	2290945	4282	$\sigma^2_E=4282$	$V_F=5798$	$h^2_S=0.142$

Analiza wariancji dla pierśnicy drzew.

Tabela 3

Źródła zmienności	Stopnie swobody	Suma kwadratów	Średni kwadrat	σ^2	V	h^2
Razem	576	2725.96				
Zmienne	41	1041.46				
Proveniencje	5	758.49	151.70	$\sigma^2_P=1.50$	$V_P=1.58$	$h^2_P=0.95$
Rody	36	282.97	7.86	$\sigma^2_R=0.34$	$V_R=0.67$	$h^2_R=0.60$
Resztowa	535	1684.50	3.15	$\sigma^2_E=3.15$	$V_F=4.99$	$h^2_S=0.275$

W oparciu o uzyskane współczynniki odziedziczalności, po dwustopniowej selekcji: proweniencyjnej i rodowej wewnątrz proweniencji, obliczono przewidywany zysk genetyczny (ΔG) dla wysokości i pierśnicy u wszystkich rodów wg poniższego wzoru (Giertych 1991):

$$\Delta G = 0.5 h^2_P (\bar{x}_P - \bar{X}) + h^2_R (\bar{x}_R - \bar{x}_P)$$

W tabeli 4 oznaczono * wartości zysku genetycznego dla wysokości powyżej 14 cm, a dla pierśnicy powyżej 0.45 cm, przyjmując te progi arbitralnie. Żaden

Tabela 4

Średnie wysokości i pierśnice oraz przewidywane zyski genetyczne przy wyborze danych rodów. Rody o niskiej liczebności drzew wewnątrz rodu (x) wyeliminowano z analizy wariancji pozostawiając po 7 rodów w każdej proweniencji. Dane liczbowe dla mniej licznych rodów umieszczono poniżej wartości średnich dla proweniencji. Zyski genetyczne wyższe niż 14 cm na wysokości i 0.45 cm na pierśnicy oznaczono*.

Proweniencja i ród	x	Wysokość w cm	Pierśnica w cm	ΔG_w w cm	ΔG_θ w cm
1	2	3	4	5	6
1. Białowieża					
1075	13	376	6.5	-7.6	0.43
1076	14	416	6.0	8.4	0.13
1077	16	393	5.1	-0.8	-0.41
1079	19	404	5.7	3.6	-0.05
1080	16	416	6.0	8.4	0.13
1081	20	373	6.2	-8.8	0.25
1082	9	362	4.1	-13.2	-1.01
Średnia proweniencyjna		391.4	5.58		
1074	3	387	4.7	-3.2	-0.65
2. Hajnówka					
1084	19	437	6.6	17.8*	0.47*
1086	9	429	6.3	14.6*	0.29
1087	16	391	5.6	4.9	-0.13
1088	11	393	5.0	0.2	-0.49
1091	14	414	6.1	8.6	0.17
1092	19	396	5.7	1.4	-0.07
1093	6	373	4.5	-7.8	-0.79
Średnia proweniencyjna		404.7	5.74		
1089	5	424	5.5	12.6	-0.19
3. Karczmą Borowa					
1096	21	463	8.3	30.0*	1.33*
1098	16	434	7.1	18.4*	0.61*

	1	2	3	4	5	6
1099		3	365	5.2	-9.2	-0.53
1100		7	440	7.1	20.8*	0.61*
1102		8	430	7.3	16.8*	0.73*
1103		13	418	6.7	10.1	0.37
1104		15	450	7.6	24.8*	0.91*
Średnia proweniencyjna			427.9	7.04		
4. Nowy Targ						
1110		15	289	2.7	-47.7	-1.60
1113		8	389	5.3	-7.7	-0.04
1114		9	308	3.5	-35.4	-1.12
1115		5	296	2.8	-46.9	-1.54
1116		11	297	3.2	-44.5	-1.30
1117		10	332	3.7	-30.5	-1.00
1119		13	329	3.5	-31.7	-1.12
Średnia proweniencyjna			319.9	3.53		
1111		3	305	3.3	-41.3	-1.24
1112		5	332	3.6	-30.5	-1.06
5. Bolewice						
1124		13	400	6.7	4.1	0.37
1125		11	450	6.9	24.1*	0.49*
1127		18	406	6.5	6.5	0.25
1128		13	398	6.4	-5.1	0.19
1131		18	428	7.1	15.3*	0.61*
1132		22	414	7.0	9.7	0.55*
1133		24	438	8.3	19.3*	1.33*
Średnia proweniencyjna			419.1	6.99		
1126		4	380	5.1	-3.9	-0.59
1134		12	365	5.2	-9.9	-0.53
1135		4	415	6.5	10.1	0.25
6. Rychtal						
1141		20	394	6.3	0.5	0.23
1143		13	429	5.8	14.5*	-0.07
1145		14	371	4.8	-8.7	-0.67
1146		13	405	7.0	4.9	0.65*
1148		15	413	5.5	8.1	-0.25
1149		14	429	7.6	14.5*	1.13*
1150		14	384	6.0	-3.5	0.06
Średnia proweniencyjna			403.6	6.17		
1142		11	397	6.0	1.73	0.06
Średnia ogólna			394.4	5.84		

z rodów pominiętych w analizie wariancji (o niskich liczebnościach wewnątrz rodów) nie osiąga tych progów. Nie zawsze wzrostowi pierśnicy towarzyszy wzrost wysokości i odwrotnie. Wybierając określony ród można przewidzieć określony zysk genetyczny (czasami negatywny) na pierśnicy i wysokości. To przewidywane zwiększenie wysokości i pierśnicy wpłynie na rozmiary pnia, a więc na przewidywaną masę. Zakładając stożkowy kształt pni obliczono masę według wzoru:

$$M = W\Theta^2\pi/12$$

gdzie M to masa, W to wysokość i Θ to pierśnica, oraz przewidywany zysk genetyczny na masie według wzoru:

$$\Delta G_M = (W + \Delta G_W)(\Theta + \Delta G_\Theta)^2\pi/12 - W\Theta^2\pi/12$$

Obliczenia tego dokonano dla wszystkich rodów oznaczonych *w tabeli 4. Wyniki przedstawiono w tabeli 5, porządkując rody według wielkości tego zysku na masie. W ten sposób wybrano pierwszych 10 rodów zapewniających największy przewidywany zysk na masie po selekcji proveniencyjnej i rodowej wewnątrz proveniencji.

Tabela 5

Oczekiwany zysk genetyczny po wyborze genotypowym rodów na podstawie wysokości i pierśnicy (oznaczonych * w tabeli 4) przeliczony dla masy drzew (ΔG_M), wyrażony również jako procent średniej masy w populacji. Rody uporządkowano według oczekiwanego zysku na masie. Dla pierwszych 10 rodów dokonano również selekcji fenotypowej (indywidualnej) po 5 najlepszych drzew w ramach każdego wybranego rodu (zgodnie z danymi w tabeli 6), oraz podano odpowiednio powiększony zysk genetyczny na masie. Dla porównania podano też oczekiwany zysk genetyczny na masie przy wyłącznie fenotypowej selekcji 50 najlepszych drzew (zgodnie z danymi z tabeli 7).

Ród	Zysk genetyczny po selekcji proveniencyjnej i rodowej				+ indywidualnej	
	ΔG_W cm	ΔG_Θ cm	ΔG_M cm ³	% średniej	ΔG_M cm ³	% średniej
1	2	3	4	5	6	7
1096	30.0	1.33	2191	62	2813	80
1133	19.3	1.33	2047	58	3061	87
1149	14.5	1.13	1679	48	2484	71
1104	24.8	0.91	1479	42	2207	63
1102	16.8	0.73	1126	32	1682	48
1100	20.8	0.61	1001	28	1367	39
1098	18.4	0.61	975	28	1850	53
1131	15.3	0.61	941	27	1785	51
1146	4.9	0.65	882	25	1638	47
1125	24.1	0.49	869	25	1449	41

1	2	3	4	5	6	7
1132	9.7	0.55	799	23		
1084	17.8	0.47	776	22		
1086	14.6	0.29	502	14		
1075	-7.6	0.43	460	13		
1143	14.5	-0.07	43	1		
Średnio dla dośw.						
	0.0	0.00	0	0		
Średnio dla wybranych 10 rodów						
	18.9	0.84	1319	37		
Średnio dla 50 wybranych drzew, (po 5 z każdego z 10 wybranych rodów)						
					2034	58
Średnio dla 50 drzew wybranych fenotypowo						
					1554	44
Średnia wysokość (W)		394.4 cm				
Średnia pierśnica (Θ)		5.84 cm				
Średnia masa		3521 cm ³				

W ramach tych 10 rodów dokonano fenotypowego wyboru po 5 największych drzew, których rozmiary ukazano w tabeli 6. Przez zastosowanie do nich odziedziczalności indywidualnej h^2_S oszacowano dodatkowy zysk genetyczny (tabela 6). Dołączając go do już uzyskanego zysku z selekcji genotypowej według wzoru:

$$\Delta G = 0.5h^2_P(\bar{x}_P - \bar{X}) + h^2_R(\bar{x}_R - \bar{x}_P) + h^2_S(x - \bar{x}_R)$$

uzyskamy maksymalną osiągalną poprawę produkcji w wyniku prac selekcyjnych na tej powierzchni doświadczalnej.

Tabela 6

Fenotypowo wybrane najlepsze drzewa, po 5 z 10 najlepszych genotypowo rodów, ich wysokość (W), pierśnica (Θ) i przewidywany dodatkowy zysk genetyczny obliczony jako:

$$\Delta G = h^2_S (\text{średnia wybranych drzew} - \bar{x}_R)$$

przyjmując dla wysokości $h^2_S=0.142$, oraz dla pierśnicy $h^2_S=0.275$, wg tabel 2 i 3.

Ród	Cecha	Drzewo					Średnia wybranych	Średnia rodowa	ΔG
		I	II	III	IV	V			
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1096	W cm	450	580	460	640	510	528	463	9.2
	Θ cm	10.0	9.5	9.5	9.0	9.0	9.4	8.3	0.30
1133	W cm	520	450	500	480	450	480	438	6.0
	Θ cm	12.5	10.5	10.0	9.5	9.5	10.4	8.3	0.57

cd. tab. 6

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1149	W cm	590	430	410	460	450	468	429	5.5
	Ø cm	12.5	10.5	8.5	8.0	8.0	9.5	7.8	0.47
1104	W cm	550	470	420	490	460	478	450	4.0
	Ø cm	10.0	10.0	9.0	8.5	8.5	9.2	7.6	0.44
1102	W cm	460	460	440	400	480	448	430	2.6
	Ø cm	10.5	9.0	8.5	8.0	7.0	8.6	7.3	0.36
1100	W cm	510	510	490	400	450	472	440	4.5
	Ø cm	8.5	8.0	8.0	8.0	7.0	7.9	7.1	0.22
1098	W cm	490	450	490	410	410	450	434	2.3
	Ø cm	10.0	9.5	9.0	9.0	8.5	9.2	7.1	0.58
1131	W cm	520	460	500	550	500	506	428	11.1
	Ø cm	10.0	9.5	9.0	8.0	8.0	8.9	7.1	0.49
1146	W cm	500	430	500	450	450	466	405	8.7
	Ø cm	9.5	9.0	8.5	8.5	8.0	8.7	7.0	0.46
1125	W cm	550	440	450	500	510	490	450	5.7
	Ø cm	11.0	8.5	8.0	7.0	6.5	8.2	6.9	0.36

Dla porównania dokonano też wyboru największych drzew bez względu na ich przynależności do określonego rodu czy proveniencji. Drzewa te przedstawiono w tabeli 7. W tym przypadku zastosowano jedynie selekcję fenotypową, obliczając zysk genetyczny ze wzoru:

$$\Delta G = h^2_s(x - \bar{X})$$

Zestawienie średniego przewidywanego zysku genetycznego na masie po tych różnych podejściach do prac selekcyjnych przedstawiono w tabeli 5.

WYNIKI I DYSKUSJA

Obliczony zysk genetyczny poprzez selekcję wyłącznie genotypową ($\Delta G = 1319 \text{ cm}^3$), selekcję wyłącznie fenotypową ($\Delta G = 1554 \text{ cm}^3$) i selekcję łączną genotypową i fenotypową ($\Delta G = 2034 \text{ cm}^3$), oznacza przewidywane zwiększenie masy o odpowiednio 37%, 44% i 58% (tabela 5).

Warto podkreślić, że w przypadku selekcji wyłącznie genotypowej przewidywany zysk genetyczny jest niezależny od tego, które klony z wybranych rodów użyjemy do rozmnażania. Gdyby wziąć nierówną liczbę klonów z rodów zysk genetyczny należałoby skorygować w oparciu o udział każdego rodu (wg tabeli 5). Ograniczając się tylko do najlepszego rodu (nr 1096) przewidywalibyśmy zysk genetyczny wynoszący 2191 cm^3 , czyli 62% (tabela 5),

Tabela 7

Drzewa wybrane fenotypowo (o największej pierśnicy i wysokości), oraz zysk genetyczny na wysokości, pierśnicy i masie, obliczony jako różnica z wartościami średnimi dla całej populacji, przemnożona przez odziedziczalność osobniczą h^2_s . Zysk genetyczny dla masy obliczono jak w tabeli 5. Osobniki uporządkowano według przewidywanego zysku genetycznego na masie.

Proweniencja	Ród	Wysokość cm	Pierśnica cm	ΔG_w cm	ΔG_θ cm	ΔG_M cm ³
1	2	3	4	5	6	7
Rychtal	1149	590	12.5	27.8	1.83	2981
Bolewice	1133	520	12.5	17.8	1.83	2827
Bolewice	1125	550	11.0	22.1	1.42	2226
Karczma Bor.	1103	600	10.5	29.2	1.28	2101
Karczma Bor.	1102	460	10.5	9.3	1.28	1837
Bolewice	1133	450	10.5	7.9	1.28	1818
Karczma Bor.	1104	550	10.0	22.1	1.14	1791
Rychtal	1149	430	10.5	5.1	1.28	1781
Bolewice	1131	520	10.0	17.8	1.14	1737
Bolewice	1132	520	10.0	17.8	1.14	1737
Bolewice	1132	510	10.0	16.4	1.14	1719
Bolewice	1133	500	10.0	15.0	1.14	1701
Karczma Bor.	1098	490	10.0	13.6	1.14	1683
Rychtal	1150	600	9.5	29.2	1.01	1682
Karczma Bor.	1096	580	9.5	26.4	1.01	1648
Karczma Bor.	1104	470	10.0	10.7	1.14	1646
Białowieża	1081	460	10.0	9.3	1.14	1628
Karczma Bor.	1096	450	10.0	7.9	1.14	1610
Bolewice	1132	430	10.0	5.1	1.14	1575
Białowieża	1080	530	9.5	19.3	1.01	1561
Hajnowka	1084	520	9.5	17.8	1.01	1543
Karczma Bor.	1096	640	9.0	34.9	0.87	1538
Rychtal	1146	500	9.5	15.0	1.01	1508
Bolewice	1133	480	9.5	12.2	1.01	1474
Hajnowka	1084	480	9.5	12.2	1.01	1474
Karczma Bor.	1096	460	9.5	9.3	1.01	1438
Bolewice	1131	460	9.5	9.3	1.01	1438
Karczma Bor.	1098	450	9.5	7.9	1.01	1421
Bolewice	1133	450	9.5	7.9	1.01	1421
Bolewice	1133	440	9.5	6.5	1.01	1404
Bolewice	1133	440	9.5	6.5	1.01	1404
Rychtal	1143	550	9.0	22.1	0.87	1388
Bolewice	1132	430	9.5	5.1	1.01	1387
Bolewice	1132	420	9.5	3.6	1.01	1368
Hajnowka	1092	510	9.0	16.4	0.87	1321
Karczma Bor.	1096	510	9.0	16.4	0.87	1321
Białowieża	1080	500	9.0	15.0	0.87	1305
Hajnowka	1089	500	9.0	15.0	0.87	1305
Bolewice	1131	500	9.0	15.0	0.87	1305
Karczma Bor.	1096	500	9.0	15.0	0.87	1305

cd. tab. 7

1	2	3	4	5	6	7
Karczma Bor.	1098	490	9.0	13.6	0.87	1288
Białowieża	1080	490	9.0	13.6	0.87	1288
Karczma Bor.	1102	460	9.0	9.3	0.87	1238
Białowieża	1081	460	9.0	9.3	0.87	1238
Bolewice	1133	460	9.0	9.3	0.87	1238
Bolewice	1133	450	9.0	7.9	0.87	1221
Bolewice	1127	450	9.0	7.9	0.87	1221
Bolewice	1127	450	9.0	7.9	0.87	1221
Bolewice	1127	440	9.0	6.5	0.87	1205
Hajnówka	1084	440	9.0	6.5	0.87	1205
Średnio		490.8	9.65	13.7	1.05	1554

a więc znacznie wyższy niż obliczony wyżej zysk 37% oparty o założenie proporcjonalnego udziału 5 losowo wybranych klonów z każdego z 10 najlepszych rodów. Takie redukcje bazy genetycznej nie byłoby jednak wskazane.

Stosując selekcję wyłącznie fenotypową, jak przy wyborze drzew doborowych, czyli nie interesując się z jakiej proveniencji czy rodu pochodzą wybrane drzewa, z natury rzeczy uzyskamy nierówne liczby drzew z rodów czy proveniencji: dużo z silnie przyrastających, a mało ze słabych, co ukazuje tabela 7. W przypadku wyboru 50 największych drzew przewidywany zysk genetyczny będzie średnio wynosił 1554 cm³, czyli 44%. Uzyskamy w ten sposób teoretycznie znaczne zróżnicowanie genetyczne (5 proveniencji i 18 rodów), w rzeczywistości jednak reprezentacje poszczególnych rodów będą bardzo nierówne. I tak z rodu nr 1133 będzie pochodziło 9 drzew, podczas gdy aż 10 rodów będzie reprezentowanych tylko przez jedno lub dwa drzewa (tabela 7).

Zastosowanie zarówno selekcji genotypowej najlepszych 10 rodów, jak i fenotypowej po 5 najlepszych drzew każdego z wybranych rodów, daje średnio zysk genetyczny 2034 cm³, czyli 58%. Tę drogę postępowania zaleca się nie tylko ze względu na wysoki przewidywany zysk genetyczny, ale również ze względu na to, że zapewnia ona znaczne i proporcjonalne zróżnicowanie bazy genetycznej. W ten sposób wybrane drzewa można traktować jako elitarne.

Oczywiście, o wiele większy zysk genetyczny, 2813 cm³ czyli 80%, uzyskalibyśmy ograniczając wybór do 5 najlepszych drzew najlepszego rodu (nr. 1096 tabela 5), ale zróżnicowanie genetyczne byłoby wtedy zdecydowanie za małe.

Dla niektórych gatunków (*Pinus radiata*, *Cryptomeria japonica*, topola, drzewa owocowe) stosuje się jeszcze większe ograniczenie tego zróżnicowania

przez wybór tylko jednego drzewa rokującego osiągnięcie największego zysku genetycznego po selekcji genotypowej i indywidualnej (w naszym przypadku wynosiłby on 2981 cm³ czyli 84% – tabela 7). Ten sposób uzyskiwania wysokiego zysku genetycznego jest możliwy przy zastosowaniu mnożenia wegetatywnego. Pomijając fakt, że dla sosny nie posiadamy jeszcze skutecznych metod ukorzenia zrzędów ze starych drzew, tak zawężona selekcja nie byłaby wskazana również z tego względu, że szkodniki zbyt łatwo przystosowałyby się do klonu stanowiącego cały drzewostan. Znamy to zagrożenie na przykładzie plantacji topolowych.

Reasumując, zaleca się wybór genotypowy określonych populacji, a w ramach tych populacji fenotypowo najlepszych drzew w taki sposób, by z jednego rodu było nie więcej niż 10% drzew, oraz by rody były reprezentowane w miarę proporcjonalnie.

Przewidywane zyski genetyczne dotyczą potomstwa wybranych drzew, posadzonego w takich samych warunkach siedliskowych i po osiągnięciu tego samego wieku, co analizowane drzewa czyli 14 lat.

Przy okazji warto podkreślić, że uzyskano bardzo wysokie odziedziczalności, a więc i wysokie przewidywane zyski genetyczne. Wysokie odziedziczalności uzyskuje się, gdy siedlisko jest bardzo wyrównane, a poletka małe. Oba te warunki zostały spełnione w omawianych doświadczeniach, dlatego też selekcja okazała się bardzo efektywna. Uzyskanych odziedziczalności, np. osobniczej (h^2_s), nie można stosować na innych powierzchniach doświadczalnych, ani tym bardziej na uprawach leśnych. Tam zróżnicowanie mikrosiedliskowe z reguły jest dużo większe niż na powierzchniach doświadczalnych. Stąd też przewidywany tutaj 44% zysk genetyczny na masie po selekcji wyłącznie fenotypowej nigdy nie byłby osiągalny w lesie, np. przy wyborze drzew doborowych.

Porównując selekcję fenotypową (drzewa doborowe – tab. 7) z genotypową dla rodów i fenotypową wewnątrz rodów (drzewa elitarne – tab. 6 i 8) uzyskujemy częściowe pokrywanie się wybranych zestawów drzew (ryc. 1). W sumie wspólny wybór dotyczy 24 drzew (na 50). Można więc ocenić, że selekcja drzew elitarnych pod względem wysokości i pierśnicy pokrywa się w 48% z selekcją drzew doborowych.

Rozmieszczenie zarówno drzew elitarnych (podkreślone na ryc. 1), jak i wybranych wyłącznie fenotypowo („doborowych” – oznaczonych na ryc. 1 tłustym drukiem), jest mniej więcej równomierne na całej powierzchni. Nie widać szczególnego zagęszczenia występowania wybranych drzew na partiach powierzchni, gdzie było więcej wypadów. Jedynie w środkowej strefie powierzchni (rzędy 8-17 i kolumny 24-44) rośnie nieco więcej drzew zakwalifikowanych do obu kategorii.

Tabela 8
Opis wybranych 50 drzew elitarnych sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris*) dokonany 1991 r. na pow. doświadczalnej założonej w 1977 r. w Kórniku w L-ctwie Zwierzyniec, oddz. 10z. Współczynnik jakości jest sumaryczną oceną 5 cech według opisu w karcie drzewa. Stosuje się te same karty, co dla drzew doborowych (Giertych i in. 1964). Drzewa są oznaczone w terenie.

Nr drzewa	Nr rodu	Proweniencja	Wys. m	Pierśn. cm	Współcz. jakości (6-18)
1	2	3	4	5	6
K-08-247	S-08-1146	Rychtal	7.50	12.0	10
K-08-248	S-08-1100	Karczma Bor.	8.20	10.5	12
K-08-249	S-08-1104	Karczma Bor.	8.00	10.5	11
K-08-250	S-08-1133	Bolewice	8.65	12.5	12
K-08-251	S-08-1146	Rychtal	8.50	12.0	12
K-08-252	S-08-1100	Karczma Bor.	8.35	9.5	13
K-08-253	S-08-1125	Bolewice	7.70	8.0	13
K-08-254	S-08-1102	Karczma Bor.	6.90	9.0	15
K-08-255	S-08-1131	Bolewice	8.30	9.0	12
K-08-256	S-08-1125	Bolewice	8.50	9.5	15
K-08-257	S-08-1100	Karczma Bor.	8.10	9.0	14
K-08-258	S-08-1104	Karczma Bor.	8.25	12.0	13
K-08-259	S-08-1125	Bolewice	8.50	14.5	11
K-08-260	S-08-1096	Karczma Bor.	8.40	12.5	11
K-08-261	S-08-1146	Rychtal	7.35	10.5	14
K-08-262	S-08-1104	Karczma Bor.	6.80	11.0	12
K-08-263	S-08-1100	Karczma Bor.	6.25	10.5	10
K-08-264	S-08-1133	Bolewice	7.15	12.5	12
K-08-265	S-08-1098	Karczma Bor.	7.25	12.0	11
K-08-266	S-08-1098	Karczma Bor.	7.30	12.5	12
K-08-267	S-08-1102	Karczma Bor.	7.00	12.5	12
K-08-268	S-08-1104	Karczma Bor.	6.75	11.5	12
K-08-269	S-08-1096	Karczma Bor.	7.00	11.5	12
K-08-270	S-08-1133	Bolewice	8.40	13.5	10
K-08-271	S-08-1098	Karczma Bor.	7.40	10.5	15
K-08-272	S-08-1131	Bolewice	7.25	11.5	13
K-08-273	S-08-1131	Bolewice	6.90	12.0	12
K-08-274	S-08-1096	Karczma Bor.	7.60	11.5	11
K-08-275	S-08-1125	Bolewice	8.50	10.5	12
K-08-276	S-08-1133	Bolewice	8.10	12.0	12
K-08-277	S-08-1125	Bolewice	8.45	10.5	13
K-08-278	S-08-1098	Karczma Bor.	8.60	12.0	13
K-08-279	S-08-1131	Bolewice	8.00	10.5	12
K-08-280	S-08-1133	Bolewice	8.75	14.5	11
K-08-281	S-08-1096	Karczma Bor.	8.60	11.5	13
K-08-282	S-08-1149	Rychtal	9.50	15.5	11
K-08-283	S-08-1146	Rychtal	7.50	10.5	13
K-08-284	S-08-1098	Karczma Bor.	8.20	12.5	12
K-08-285	S-08-1100	Karczma Bor.	7.75	10.0	12

1	2	3	4	5	6
K-08-286	S-08-1149	Rychtal	6.75	11.5	14
K-08-287	S-08-1096	Karczma Bor.	6.95	11.5	15
K-08-288	S-08-1131	Bolevice	7.50	13.5	13
K-08-289	S-08-1149	Rychtal	7.10	9.5	11
K-08-290	S-08-1102	Karczma Bor.	7.35	12.0	13
K-08-291	S-08-1146	Rychtal	6.90	10.5	13
K-08-292	S-08-1149	Rychtal	7.00	11.0	13
K-08-293	S-08-1102	Karczma Bor.	7.15	10.5	13
K-08-294	S-08-1149	Rychtal	6.75	12.0	12
K-08-295	S-08-1102	Karczma Bor.	6.90	10.5	15
K-08-296	S-08-1104	Karczma Bor.	7.80	11.5	11

STRESZCZENIE

Obliczono odziedziczalność proveniencyjną, rodową i indywidualną dla pierśnicy i wysokości 14-letniej sosny z doświadczenia rodowego w Leśnictwie Doświadczalnym Zwierzyniec w Kórniku. Dokonano wyboru genetycznego proveniencji i rodów w oparciu o te odziedziczalności, oraz wyboru fenotypowego wewnątrz wybranych rodów, również waząc wybór odziedziczalnością osobniczą. Wybrane w doświadczeniu drzewa elitarne (50 osobników) użyte jako klony rodzicielskie na plantacji nasiennej drugiej generacji, gwarantowałyby odpowiednie zróżnicowanie genetyczne potomstwa i wysoki zysk genetyczny na masie (58%) w wieku 14 lat. Tak wysoki zysk jest głównie skutkiem wysokiej odziedziczalności rodowej (0.40 dla wysokości i 0.60 dla pierśnicy), uzyskane dzięki bardzo wyrównanym warunkom siedliskowym. Selekcja genetyczna (drzewa elitarne) pokrywa się zaledwie w 48% z fenotypowym wyborem największych drzew (drzewa doborowe).

LITERATURA

- GIERTYCH M., JAKUSZEWSKI T., MŁYNARCZYK B., PRZYBYLSKI T., WILUSZ Z. 1964. Rozwój metodyki wyboru drzew doborowych. *Arbor. Kórnickie* 9: 283-287.
- GIERTYCH M. 1991 Selekcja proveniencyjna, rodowa i indywidualna w doświadczeniach wieloczynnikowych ze świerkiem pospolitym (*Picea abies* (L.) Karst.) *Arbor. Kórnickie* 36: 27-42.
- HICKS C.R. 1973 *Fundamental Concepts in the Design of Experiments*. Holt, Reinhart and Winston: 418pp.