

O GENERAȚIE AVANSATĂ DE PLANTAJE PENTRU BRAD

GEORGETA MIHAI

Institutul de Cercetări și Amenajări Silvice, București, România

Abstract

AN ADVANCED-GENERATION SEED ORCHARDS FOR SILVER FIR

In Romania, there are 700.9 ha broad - leaved and coniferous seed orchards 92.1 ha of them are Silver fir seed orchards. These are 25 – 30 years old plantations of untested plus trees that require a testing process of their genetic value in order to advance to the second generation of seed orchards. The most advanced generation seed orchards are based on selections made in full-sib families after crosses among members in the first - generation clone seed orchards.

This paper presents the results of the research carried on in Silver fir seed orchards settled on forest districts Adancata, in 1982. Seed orchard consists of 46 Silver fir clones grafted with scions from plus trees selected in 6 regions of provenance. Research focused on the assessment of interclonal genetic variability, correlations between studied traits, broad – sense heritability, expected genetic gain and full – sib pollination in first - generation seed orchard of Silver fir. Total height, diameter at 1,30m, branches characters, stem straightness and fructification in the year 2007 were the investigated traits.

Variance analysis shows a great interclonal genetic variability for all studied traits. The phenotypic correlations prove the possibility of selection in accordance with many characters. Broad – sense heritability coefficients are 69 % for total height and 67% for diameter at 1,30m and between 39 – 62 % for qualitative traits which means high genetic control. Expected genetic gain was estimated for two selection methods: direct (by total height, diameter at 1,30m and stem straightness) and indirect selection (by branches characters). An important genetic gain can be obtained by direct selection both for growth characters (15%) and stem straightness (13%). Full-sib pollination among the best 11 clones, in system half-diallel, was done in order to test genetic value of the clones. First generation seed orchards are a large genetic base for future selections and have an important role in long time breeding.

Keywords: Silver fir, seed orchards, genetic variability, phenotypic correlation, heritability, expected genetic gain

Rezumat

În România există 700,9 ha plantaaje de foioase și rășinoase dintre care 92,1 ha plantaaje de brad. Acestea reprezintă plantații de arbori plus netestați, care au ajuns la vârsta de 25 – 30 de ani, fiind necesară testarea valorii lor genetice pentru realizarea unei prime selecții genotipice, în vederea trecerii la generația a II-a de plantaaje. O generație avansată de plantaaje este bazată pe selecția la nivelul familiilor full – sib, în urma încrucișării controlate în plantaajele de clone generația I.

În această lucrare sunt prezentate cercetările desfășurate într-un plantaaj de brad instalat în Ocolul Silvic Adâncata, în anul 1982. Plantaajul este alcătuit din 46 clone de brad obținute prin altoire, din arbori plus selecționați din 6 regiuni de proveniență. Cercetările au urmărit evaluarea variabilității genetice interclonale, corelațiile fenotipice între caracterele studiate, eritabilitatea în sens larg, câștigul genetic așteptat și efectuarea polenizărilor controlate în plantaajul de brad generația I. Caracterele studiate au fost următoarele: înălțimea totală, diametrul la 1,30m, caracterele ramurilor, forma trunchiului și fructificația în anul 2007.

Analiza varianței evidențiază o variabilitate genetică interclonală mare pentru toate caracterele studiate. Corelațiile fenotipice obținute demonstrează posibilitatea aplicării selecției după mai multe caractere. Valoarea coeficienților de eritabilitate în sens larg este 69% pentru înălțimea totală și respectiv 67 % pentru diametrul la 1,30m, iar pentru caracterele calitative între 39 – 62 %, ceea ce evidențiază un control genetic ridicat. Câștigul genetic așteptat a fost estimat pentru două metode de selecție: directă (pentru înălțimea totală, diametrul la 1,30m și forma trunchiului) și indirectă (caracterele ramurilor). Un câștig genetic important poate fi obținut prin selecția directă atât după caracterele de creștere (15%) cât și după forma trunchiului (13%). În vederea testării valorii genetice a clonelor au fost efectuate polenizări controlate, după metoda half – diallel, între cele mai bune 11 clone. Plantaajele generația I reprezintă astfel o bază genetică largă pentru selecțiile viitoare și au un rol important pentru ameliorarea pe termen lung.

Cuvinte cheie: brad, plantaaje, variabilitate genetică, corelații fenotipice, eritabilitate, câștig genetic așteptat

1. INTRODUCERE

Plantaajele reprezintă populații de arbori forestieri destinate producerii de semințe ameliorate genetic, cu rol important în regenerarea artificială a pădurii. Acestea sunt alcătuite dintr-un anumit număr de arbori plus, multiplicați pe cale vegetativă sau generativă, selecționați pe criterii fenotipice, din anumite regiuni de proveniență a speciei respective.

Rațiunea instalării plantaajelor nu trebuie să se restrângă doar la scopul producerii de semințe în vederea ridicării productivității pădurii. Plantaajele reprezintă o metodă de conservare *ex situ* a variabilității genetice a speciilor forestiere și sunt importante mai ales în cazul speciilor periclitare (atât datorită schimbărilor climatice dar și activității oamenilor), cu înflorire rară în mediul lor natural, cu dificultăți la recoltarea semințelor sau pentru a combina anumite caractere dorite în populații de ameliorare.

Prin urmare, plantaajele reprezintă resurse genetice forestiere valoroase prin care se realizează nu doar conservarea variabilității genetice dar, în același timp, - asigură o creștere a variabilității genetice și un câștig genetic ridicat prin încrucișarea celor mai valoroși indivizi (arbori plus) din cele mai valoroase populații. Semințele obținute în plantaaje prezintă o diversitate genetică ridicată.

O generație avansată de plantaje sunt cele bazate pe selecția la nivelul familiilor full – sib, în urma încrucișării controlate în plantajele de clone generația I. În România există, în prezent, 700,9 ha plantaje de rășinoase și foioase, dintre care 92,1 ha plantaje de brad. Acestea reprezintă plantații de arbori plus netestați, care au ajuns la vârsta de 25 – 30 de ani, fiind necesară testarea valorii lor genetice pentru realizarea unei prime selecții genotipice, în vederea trecerii la generația a II-a de plantaje.

Obiectivele cercetării se referă la estimarea variabilității genetice, eritabilitatea caracterelor studiate, câștigului genetic așteptat și rezultatele polenizării controlate într-un plantaj de brad generația I.

2. MATERIAL ȘI METODĂ

Cercetările s-au desfășurat în plantajul de brad: Siminicea (Ocolul Silvic Adâncata, Direcția Silvică Suceava), în suprafață de 9,4 ha, instalat în anul 1982. Plantajul este alcătuit din 46 de clone de brad obținute prin altoire, din arbori plus selecționați din 6 regiuni de proveniență (tabelul 1). Numărul mediu al rameților /clonă este 30, fiind cuprins între 1 și 65. Din numărul total de clone testate au fost luate în studiu doar cele mai bine reprezentate, al căror număr de rameți/clonă este mai mare de 10 exemplare.

Caracterele studiate sunt: înălțimea totală, diametrul la 1,30 m, caracterele ramurilor, forma trunchiului și fructificația în anul 2007.

Pentru investigarea variabilității genetice a caracterelor studiate s-a folosit următorul model matematic (Snedecor și Cochran, 1976 citați de Blada, 1990) :

$$X_{ij} = m + C_i + B_j + E$$

unde: m = media experimentului,

C_i = efectul a i clone,

B_j = efectul a j repetiții,

E_{ij} = efectul datorat erorii întâmplătoare a i clone în j repetiții.

Tabelul 1. Proveniența arborilor plus luați în studiu
Origin of the studied plus tree

Nr. crt.	Nr. arborelui plus (Plus tree code)	Proveniența/Regiunea de proveniență (Provenance / Region of provenance)
1	5	O.S. Tazlău / B32x0s
2	35 - 68	O.S. Ceahlău / B32x0s
3	1.34 – 1.45	O.S. Năruja / C22x0s
4	1.63	O.S. Văratec / B32x0s
5	3.52 – 3.75	O.S. Rusca Montană / F22x0s
6	3.76	O.S. Anina / F12x0s
7	4.19 – 4.29	O.S. Sinaia / C32x0s
8	5.34 – 5.49	O.S. Marginea / A22x0s

Plecând de la acest algoritm matematic, schema de calcul a analizei de varianță este prezentată în tabelul 2. Pentru a verifica dacă influența factorului genetic este sau nu semnificativă s-a folosit testul F pentru probabilitățile de transgresiune de 5%. Semnificația diferențelor dintre mediile clonelor a fost stabilită cu ajutorul testului “t multiplu” pentru probabilitatea de transgresiune de 5%.

Tabelul 2. Modelul de analiză a varianței
Variance analysis model

Sursa de variație (Variation source)	G.L.	σ^2	Es (Expected value)
Repetiții	b - 1	MS _B	$\sigma^2e + c\sigma^2_B$
Clone	c - 1	MS _C	$\sigma^2e + b\sigma^2_c$
Eroare	(b-1)(c-1)	MS _E	σ^2e
Total	bc - 1		

Relațiile dintre varianțele genetice și componentele statistice sunt următoarele:

$$\begin{aligned} \sigma^2_C &= (MS_C - MS_E) / b, & \text{unde } b \text{ este numărul de repetiții} \\ \sigma^2_e &= MS_E / b \\ \sigma^2_P &= \sigma^2_C + \sigma^2_e & \text{unde: } \sigma^2_P &= \text{varianța fenotipică} \\ & & \sigma^2_C &= \text{varianța genotipică} \\ & & \sigma^2_e &= \text{varianța erorii} \end{aligned}$$

Eritabilitatea în sens larg (h^2) și câștigul genetic așteptat (ΔG) se calculează cu următoarele formule (Nanson, 2004):

$$\begin{aligned} h^2 &= \sigma^2_C / \sigma^2_C + \sigma^2_e \\ \Delta G &= h^2 i \sigma_P & \text{unde: } \sigma_P &= \text{abaterea standard fenotipică} \\ & & i &= \text{intensitatea selecției} \end{aligned}$$

Pentru calculul corelațiilor dintre caracterele studiate au fost calculați coeficienții de corelație simplă Pearson în funcție de mediile clonelor. Datele obținute în urma observațiilor și măsurătorilor de teren au fost prelucrate și interpretate statistic cu ajutorul următoarelor pachete de programe: EXCEL și SPSS.

3. REZULTATE

3.1. Variabilitatea genetică a caracterelor studiate

Arborii plus luați în calcul provin din 6 regiuni de proveniență a speciei, situate în Carpații Nordici, Carpații Orientali, Carpații de Curbură și Munții Banatului.

Rezultatele analizei de varianță sunt prezentate în tabelul 3. Pentru toate caracterele studiate diferențele sunt foarte semnificative evidențiind existența unei variabilități genetice mari la nivelul clonelor studiate.

Pentru înălțimea totală se diferențiază semnificativ clona 5.41 – Marginea, - situată pe primul loc în clasament. Rezultate superioare mediei pe experiment au obținut încă 3 clone din Ocolul Silvic Marginea (5.45, 5.46 și 5.42), majoritatea clonelor de la Năruja (1.42, 1.38, 1.45, 1.41), clonele 5 – Tazlău și 35 – Ceahlău. Pe ultimele locuri în clasament se situează clonele: 1.35, 1.44 – Năruja, 65 - Ceahlău și 3.71 – Rusca Montană.

Pentru diametrul la 1,30 m, cele mai bune rezultate au obținut, de asemenea, clonele: 5.41 – Marginea și 1.38 – Năruja. Cele mai mari creșteri în diametru au realizat în general clonele locale, din cadrul Ocolului Silvic Marginea, clonele 1.42, 1.45 și 1.41 de la Năruja, clona 5 – Tazlău, 35 și 51 – Ceahlău. În ultima clasă de variație, cu cele mai mici diametre se situează următoarele clone: 1.40, 1.44, 1.35 (Năruja) și 3.71 (Rusca Montană).

De asemenea, există diferențe asigurate statistic între clone și pentru caracterele ramurilor: lungimea, grosimea, numărul ramurilor în verticil și unghiul lor de inserție. Astfel, față de media experimentului ($x = 2,25$ m) cele mai largi coroane au format clonele: 5.41, 5.46 și 1.38. Cele mai înguste coroane prezintă: 1.44, 1.34, 1.37, 1.40, 1.35 (Năruja) și 3.71 (Rusca Montană). Unghiurile de inserție sunt în general ascuțite, cu excepția clonelor 1.38, 65 și 1.34 care prezintă unghiuri de inserție apropiate de 90° .

În ceea ce privește forma trunchiului, cele mai puține defecte de formă prezintă clonele a căror proveniență este Marginea, Năruja și Ceahlău.

Făcând clasamentul după caracterele analizate se constată că, în general, clonele care prezintă cele mai mari creșteri în diametru și înălțime formează cele mai largi coroane ($r = 0,709^{***}$), cu cele mai multe ramuri în verticil ($r = 0,819^{***}$). Cu toate acestea există clone valoroase atât sub aspectul producției de masă lemnoasă și calității lemnului.

3.2. Corelații fenotipice între caracterele studiate

Corelații asigurate statistic au fost obținute între caracterele de creștere și caracterele ramurilor, care la rândul lor influențează calitatea lemnului și rezistența arborilor la rupturile produse de zăpadă. Nu au fost puse în evidență corelații cu unghiul de inserție și doar puține corelații cu forma trunchiului (tabelul 4).

Rezultatele arată că este posibilă aplicarea selecției indirecte după unul dintre caracterele ramurilor, mai ușor de evaluat, cu care creșterea, caracter complex, se corelează foarte strâns. De asemenea, se poate aplica selecția după mai multe caractere: înălțimea totală, numărul ramurilor și forma trunchiului sau diametrul la 1,30 m, grosimea ramurilor și forma trunchiului.

Tabelul 3. Analiza varianței pentru unele caractere studiate în plantajul de brad Siminicea
 Variance analysis of some studied characters in Siminicea Silver fir seed orchard

Sursa de variație (Variation source)	DF	Înălțimea totală Total height			Diametrul la 1,30m Diameter at 1,30m			Grosimea ramurilor Diameter branches			Lungimea ramurilor Branches Length		
		S.S.	s ²	F	S.S.	s ²	F	S.S.	s ²	F	S.S.	s ²	F
Clone	20	196,320	9,816	7,510***	1242,680	62,134	7,010***	54,760	2,738	5,328***	20,580	1,029	5,936***
Repetiții	2	8,778	4,389		61,188	30,594		0,124	0,062		0,434	0,217	
Eroare	567	741,069	1,307		5025,321	8,863		291,438	0,514		98,091	0,173	
Total		946,167			6329,189			346,322			119,105		

Sursa de variație (Variation source)	DF	Unghiul de inserție Angle of insertion			Numărul ramurilor Branches number			Forma trunchiului Stem straightness			Fructificatia 2007 Fructification 2007		
		S.S.	s ²	F	S.S.	s ²	F	S.S.	s ²	F	S.S.	s ²	F
Clone	20	2,442	1,221	3,921***	25,620	1,281	2,070***	1,182	0,591	2,911***	6907,1	3453,581	10,460***
Repetiții	2	10,880	0,544		0,726	0,363		2,520	0,126		48926,7	1957,069	
Eroare	567	176,337	0,311		350,973	0,619		115,101	0,203		231787,0	330,181	
Total		189,659			377,319			118,803			287621,6		

(tabelul 3 continuare)

Tabelul 4. Matricea coeficienților de corelație fenotipică între caracterele studiate
Matrix of phenotypic correlations among studied characters

Caracterul Character	Diametrul la 1,30m Diameter at 1,30m	Grosime ramură Branches diameter	Lungime ramură Branches length	Numărul ramurilor Branches number	Unghiul de inserție Angle of insertion	Forma trunchi Stem straightness
Înălțimea totală	0,921***	0,322	0,710***	0,819***	0,105	-0,514**
Diametrul la 1,30m	-	0,463*	0,789***	0,847***	0,300	-0,308
Grosimea ramurii		-	0,437*	0,449*	0,089	-0,275
Lungimea ramurii			-		0,496	-0,477*
Numărul ramurilor				-	0,213	-0,424
Unghiul de inserție					-	0,242

3.3. Estimarea parametrilor genetici și a câștigului genetic așteptat

Coeficienții de eritabilitate în sens restrâns pentru caracterele studiate sunt prezentați în tabelul 5. Aceștia permit o estimare a șanselor de succes în cazul aplicării selecției, la nivelul copiilor vegetative ale arborilor plus, după caracterele analizate. Cele mai mari valori ale coeficienților de eritabilitate au fost obținute pentru: înălțimea totală ($h^2 = 0,685$), diametrul la 1,30m ($h^2 = 0,667$), grosimea ramurilor ($h^2 = 0,591$) și lungimea ramurilor ($h^2 = 0,623$). Cele mai mici valori ale eritabilității au fost obținute pentru numărul ramurilor în verticil și forma trunchiului.

Table 5. Componentele varianței, abaterea standard fenotipică (σPh), eritabilitatea în sens larg (h^2) și câștigul genetic așteptat (ΔG), în plantaajul de brad Siminicea
Variance components, phenotypic standard deviation (σPh), broad - sense heritability (h^2) and expected genetic gain (ΔG), in the Siminicea Silver fir seed orchard

Caracterul Trait	σ^2_C	σ^2_e	σ^2_p	σ_p	h^2	ΔG (%)	
						10 trees	15 trees
Înălțimea totală	2,836	1,307	4,143	2,035	0,685	13	7
Diametrul la 1.30m	17,757	8,863	26,620	5,159	0,667	15	9
Grosimea ramurii	0,741	0,514	1,255	1,121	0,591	16	9
Lungimea ramurii	0,285	0,173	0,458	0,677	0,623	15	9
Nr. ramuri	0,221	0,619	0,840	0,916	0,263	5	3
Unghiul de inserție	0,303	0,311	0,614	0,784	0,494	19	11
Forma trunchiului	0,129	0,203	0,332	0,576	0,389	13	8

Câștigul genetic care se poate obține prin selecția celor mai bune clone, dintre cele studiate, este prezentat în tabelul 5. Calculul s-a făcut pentru două intensități de selecție: 10 și respectiv 15 clone din numărul total luat în studiu. Intensitatea selecției este ridicată, clonele selecționate situându-se deasupra mediei pe experiment, în intervalul $+2\sigma$.

Câștigul genetic așteptat a fost estimat pentru două metode de selecție: directă

(pentru înălțimea totală, diametrul la 1,30 m și forma trunchiului) și indirectă (grosimea, lungimea, numărul și unghiul de inserție al ramurilor). Un câștig genetic important poate fi obținut prin selecția directă atât după vigoarea de creștere (15 %), cât și după forma trunchiului (13 %).

3.4. Polenizări controlate între clonele selecționate

Principiile care au stat la baza selecției arborilor plus au fost următoarele: existența unei variabilități genetice considerabile la nivelul clonelor studiate, performanțele clonelor în ceea ce privește producția de masă lemnoasă și calitatea lemnului, valoarea coeficienților de eritabilitate a caracterelor studiate, corelațiile fenotipice între caracterele studiate și câștigul genetic estimat.

Obiectivele selecției fiind și cele ale ameliorării, criteriile de selecție au fost: înălțimea totală, diametrul la 1,30 m și forma trunchiului. Deoarece în acest an unele dintre cele mai bune clone au fost lipsite de flori femele, au fost selecționate alte clone situate în imediata apropiere a mediei pe experiment. În vederea calculării capacității generale de combinare (GCA) au fost efectuate încrucișări între 11 clone după metoda half – diallel (Griffing, 1956; Foster și Bridgwater, 1986).

Polenizarea controlată a creat însă numeroase probleme legate de neconcordanța fenologică, procentul redus de menținere al florilor femele până în momentul scoaterii pungilor, procentul mare de semințe seci/con comparativ cu polenizarea liberă. Florile femele au fost izolate în perioada 20 – 21 aprilie 2007, utilizând saci de polenizare speciali confecționați din hârtie pergament (fig. 1). Sacii au fost menținuți până la încheierea polenizării naturale. Polenizarea efectivă s-a realizat în 27–28 aprilie 2007 (fig. 2).

4. DISCUȚII

Rezultatele cercetării demonstrează existența unei variabilități genetice mari la nivelul clonelor testate. Acest fapt a permis selecția celor mai bune clone și promovarea lor în procesul de ameliorare. Diferențele procentuale dintre cele mai bune clone sub aspectul performanțelor de creștere și media pe experiment sunt cuprinse între 16% pentru înălțimea totală și respectiv 18% pentru diametrul la 1,30 m.

Corelațiile fenotipice obținute demonstrează, de asemenea, posibilitatea aplicării selecției după mai multe caractere. Există clone valoroase atât sub aspectul producției de masă lemnoasă cât și a calității lemnului. Se remarcă prin performanțe superioare de creștere și formă bună a trunchiului următoarele clone: 5.45, 5.41, 5.46, 1.38, 1.41, ș.a.

Scopul final al cercetărilor este obținerea unui câștig genetic maxim în minimum de timp. Câștigul genetic care se poate obține este direct proporțional cu coeficientul de eritabilitate al caracterelor după care se face selecția clonelor, intensitatea selecției și abaterea standard fenotipică care exprimă variabilitatea

caracterului studiat (Enescu, Ioniță, 2000). Având în vedere faptul că pe măsură ce crește numărul criteriilor de selecție scade câștigul genetic, am considerat că selecția simultană după vigoarea de creștere și forma trunchiului este cea mai avantajoasă. Cu rol secundar au fost luate în considerare și caracterele ramurilor: grosimea și lungimea ramurilor cu care vigoarea de creștere se corelează pozitiv și foarte semnificativ.

Câștigul genetic este în același timp influențat de valoarea genetică a clonelor și contribuția lor reproductivă (Kang, El-Kassaby, ș.a., 2003). Fertilitatea clonelor este un alt criteriu important care trebuie luat în considerare. Deși 2007 a fost un an cu o fructificație bună, diferențele de fertilitate între clone sunt foarte semnificative.

Calculul câștigului genetic așteptat și cunoașterea diversității genetice în plantațele generația I are o mare importanță atât teoretică cât și practică. Cunoașterea acestor parametri este esențială pentru determinarea compoziției genetice a generației viitoare de plantațe și a factorilor de care depinde calitatea genetică a acestor plantațe (Kang, Lindgren, Mullin, 2001).



Fig. 1. Flori femele și mascule de brad în momentul izolării și recoltării polenului
Silver fir female and male flowers at the moment of the isolation and pollen crop



Fig. 2. Polenizări controlate în plantajul de brad Siminicea - Suceava
Controlled pollinations in Siminicea-Suceava Silver fir orchard

Maximizarea câștigului genetic fără reducerea diversității genetice este problema care trebuie rezolvată în generațiile avansate de ameliorare. De aceea, selecția părinților pentru următorul ciclu de ameliorare va trebui să se bazeze pe un număr mare de populații testate de pe o arie geografică largă.

Valoarea coeficienților de eritabilitate în sens larg pentru caracterele de creștere este 69 % și respectiv 67 % iar pentru caracterele calitative între 39-62 %, ceea ce înseamnă că fenotipul poate fi luat drept criteriu sigur de apreciere al genotipului. Rezultatele sunt comparabile cu cele obținute și în cazul altor specii pentru înălțimea totală: larice ($h^2 = 0,69$), molid ($h^2 = 0,34$) (Pague, 1992 ; Karlsson, Hogberg, 1998).

Câștigul genetic așteptat este 15 % pentru caracterele de creștere și 13 % pentru forma trunchiului, comparativ cu un test de clone de larice, la care s-a obținut 11% și respectiv 8 % pentru aceleași caractere (Pague, 1992). Aceasta înseamnă că selecția la nivelul clonelor poate fi aplicată cu succes, fiind eficientă atât din punct de vedere

genetic cât și economic. Un câștig genetic substanțial poate fi obținut, în ceea ce privește producția de masă lemnoasă și calitatea lemnului, prin selecția celor mai bune clone, urmată de selecția celor mai buni arbori din cele mai bune familii.

5. CONCLUZII

Acum 25 de ani, prin selecția arborilor plus și instalarea plantajului de brad Siminicea, s-a urmărit obținerea unor recolte mai mari de semințe, de calitate biologică și genetică superioară. În zilele noastre, importanța acestui plantaj a crescut ca urmare, pe de o parte, a declinului pădurilor de brad iar, pe de altă parte, el poate fi considerat resursă genetică forestieră care menține fondul de gene original al populațiilor testate cât de mult este posibil.

Plantajele generația I reprezintă astfel o bază genetică largă pentru selecțiile viitoare, furnizând informații genetice pentru ameliorarea pe termen lung. Majoritatea plantajelor din țara noastră au ajuns în etapa în care trebuie reîntinere sau de trecere la o generație nouă bazată pe selecția genotipică.

În concluzie, cercetările prezintă rezultatele utilizării informațiilor genetice ale primei generații de plantaje pentru trecerea la generații avansate de plantaje. Înființarea unei noi generații de plantaje este, în prezent, cu atât mai necesară având în vedere că, în baza legilor retrocedării suprafețelor forestiere, multe plantaje au trecut în proprietate privată iar mare parte dintre actualii proprietari nu conștientizează încă importanța întreținerii, îngrijirii și conservării lor.

BIBLIOGRAFIE

- BECKER, W.A., 1967. Manual of procedures in quantitative genetics. Second edition, 110-124p.
- BLADA, I., 1990. Genetic variability of some traits in two *Pinus cembra* natural population. Proceedings of a Symposium on White Pine provenances and breeding. Northeastern Forest Experiment Station. pp. 56-69
- ENESCU, V., IONIȚĂ, L., 2000. Genetica populațiilor. Editura Bren, 466 p.
- FOSTER, G.S., BRIDGWATER, F.E., 1986. Genetic analysis of fifth-year data from a seventeen parent partial diallel of loblolly pine. *Silvae Genetica*, 35(2-3): 118 – 122 p.
- GRIFFING, B., 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing - system. *Australian Journal Biol.Science* 94: 463-493 p.
- KANG, K.S., EL-KASSABY, Z.A., ș.a., 2003. Genetic gain and diversity caused by genetic thinning in a clonal seed orchard of *Pinus densiflora*. *Silvae Genetica* 52(5-6) 220 – 223 p.
- KANG, K.S., LINDGREN, D., MULLIN, T.J., 2001. Prediction of genetic gain and gene diversity in seed orchard crops under alternative management strategies. *Teor. Appl.Genet.* 103: 1099 – 1107 p.
- KARLSSON, B., HOGBERG, K.A., 1998. Genotypic parameters and clone x site interaction in clone tests of Norway spruce (*Picea abies* (L.) Karst). *Forest genetics* 5(1): 21- 30 p.
- NANSON, A., 2004. Genetique et amelioration des arbres forestiers. Les presses agronomique de Gembloux, 712 p.
- PAQUES, L.E., 1992. Inheritance and estimated genetic gains in a clonal test of hybrid larch (*Larix x eurolepis*). *Scandinavian Journal of Forest Research* 7: 355-365.