

## GENETICKÁ STRUKTURA DVOU ČÁSTÍ POROSTU SMRKU ZTEPILÉHO PŘI HORNÍ HRANICI LESA NA ÚZEMÍ KRNP

### GENETIC STRUCTURE OF TWO PARTS OF NORWAY SPRUCE STAND NEAR THE ALPINE FOREST LIMIT IN THE KRKONOŠE NATIONAL PARK

ONDŘEJ IVANEK<sup>1)</sup> - KAREL MATĚJKA<sup>2)</sup> - PETR NOVOTNÝ<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup> Výzkumný ústav lesního hospodářství a myslivosti, v. v. i., Strnady; <sup>2)</sup> IDS (Information and Data Systems), Praha

#### ABSTRACT

Genetic differences between two Norway spruce (*Picea abies*) tree sets (subpopulations) in the Giant Mountains (Krkonoše in Czech) National Park, the Sněžka Mt. region, differing markedly in extent of damage after the Kyrill hurricane (2007), were investigated by using isozyme analysis for 110 standing and 110 laying (wind damaged) trees. Biometric measurements including preliminary tree-ring analysis were also accomplished. Using one-dimensional horizontal electrophoresis on the starch gel, G-6-PDH, GDH, SDH-A, PGM-A, MDH-B, MDH-C, LAP-B, IDH-A, IDH-B, AAT-A, AAT-B and AAT-C isozyme loci were studied. The highest genetic diversity was found for AAT-C and LAP-B loci, the lowest one for the IDH-A and AAT-B ones for both spruce subpopulations. For the remaining loci G-6-PDH, GDH, SDH-A, PGM-A, IDH-B, MDH-B and MDH-C significant differences were found between both Norway spruce sets. Slight genetic differentiation between lower and upper part of the standing trees subpopulation was found. Genetic distances of investigated spruce sets in framework of overall six spruce stands and populations were calculated.

**Klíčová slova:** disturbance, genetická struktura, isoenzymová analýza, Krkonoše, letokruhová analýza, *Picea abies* (L.) KARSTEN, poškození větrem  
**Key words:** disturbance, genetic structure, isozyme analyse, Giant Mountains, tree-ring analysis, *Picea abies* (L.) KARSTEN, wind damage

#### ÚVOD A CÍL PRÁCE

Přírodní horské smrčiny jako klimaxový biotop smrku ztepilého (*Picea abies* (L.) KARSTEN) se zachovaly většinou na nepřístupných místech v 8. lesním vegetačním stupni, jehož horní hranice je současně horní hranicí lesa. Pastva při horní hranici lesa místy mohla způsobit postupné snížení této hranice, holosečná těžba v 16. a 17. století zamezila zmlazování buku a jedle v nižších partiích (MAC-KOVČIN et al. 2002). V Krkonoších se horské smrčiny svazu *Piceion excelsae* PAWLOWSKI in PAWLOWSKI, SOKOLOWSKI, WALLISCH (1928) vyskytují v nadmořských výškách (1 000) 1 050 - 1 300 (1 370) m (HUSOVÁ et al. 2002). Pro 8. LVS jsou v Krkonoších udávány výšky 1 050 - 1 350 m (HANIŠ, MIKESKA et al. 2000). Třtinové smrčiny rostou na svazích a vrcholech kopců v supramontánním stupni, přičemž v blízkosti horní hranice lesa jsou vlivem extrémního klimatu a případně sekundárně i následkem pastvy rozvolněnější (KUČERA 2001). Věk porostů se pohybuje v průměru od 120 do 200 let, výjimečně přes 300 let. V důsledku přirozené obnovy je věková struktura původních horských smrčín různorodá. V nižších chráněných polohách smrky dosahují výšky až 30 m, směrem k alpínské hranici lesa jejich výška rychle klesá na pouhých 5 až 8 m (SÝKORA 1983). Průměrná roční teplota kolísá mezi 1,9 a 2,9 °C, počet vegetačních dnů je 60 - 100, sněhová pokrývka trvá ca 140 - 200 dnů, vzdušná i půdní vlhkost jsou vysoké, roční srážky činí 1 450 až 1 600 mm (HANIŠ, MIKESKA et al. 2000). Na silikátových podkladech se tvoří kyselá půdy nejčastěji typu horského humusového podzolu se silnou vrstvou surového humusu, na extrémních suťových

stanovištích typu ranker (HUSOVÁ et al. 2002). Horské smrčiny jsou silně ohroženy dálkovým přenosem imisí, bořivými a přepadovými větry, sněhem, jinovatkou, ledovkou i mrazem, a proto jsou v současnosti tyto porosty z velké části rozvráceny či poškozeny (PRŮŠA 2001).

Lze předpokládat, že v těchto značně extrémních růstových podmínkách budou vykazovat i populace smrku specifické genetické vlastnosti. Otázkou je, jak se může genetická konstituce populace odrážet ve vnějších charakteristikách porostu. Takovou charakteristikou může být například i odolnost porostu vůči rozpadu při výskytu extrémní události. Cílem předkládané práce je posouzení genetických parametrů vybraného porostu při horní hranici lesa v Krkonoších, v jehož části došlo k rozpadu následkem silné větrné epizody.

Jednou z metod, kterou se dokumentuje genetická variabilita populací lesních dřevin na molekulární úrovni, je isoenzymová analýza. Genetická struktura populace je tak popisována pomocí vybrané sady markerů, které jsou představovány vybranými enzymatickými systémy. Genetická variabilita populace dané dřeviny je výslednicí genotypové skladby porostu v době jeho přirozené obnovy či umělého založení, dále selekčního působení stanovištních faktorů na přežívání jedinců (z přirozených např. klima, geologické, pedochemické poměry, z antropogenních např. imisní zátěž), které ovlivňují selekci různých genotypů v rámci druhu (PRUS-GLOWACKI, GODZIK 1995, IVANEK 2006a). Dále je dána výslednou druhovou skladbou a výchovnými, případně obnovními zásahy v porostu.

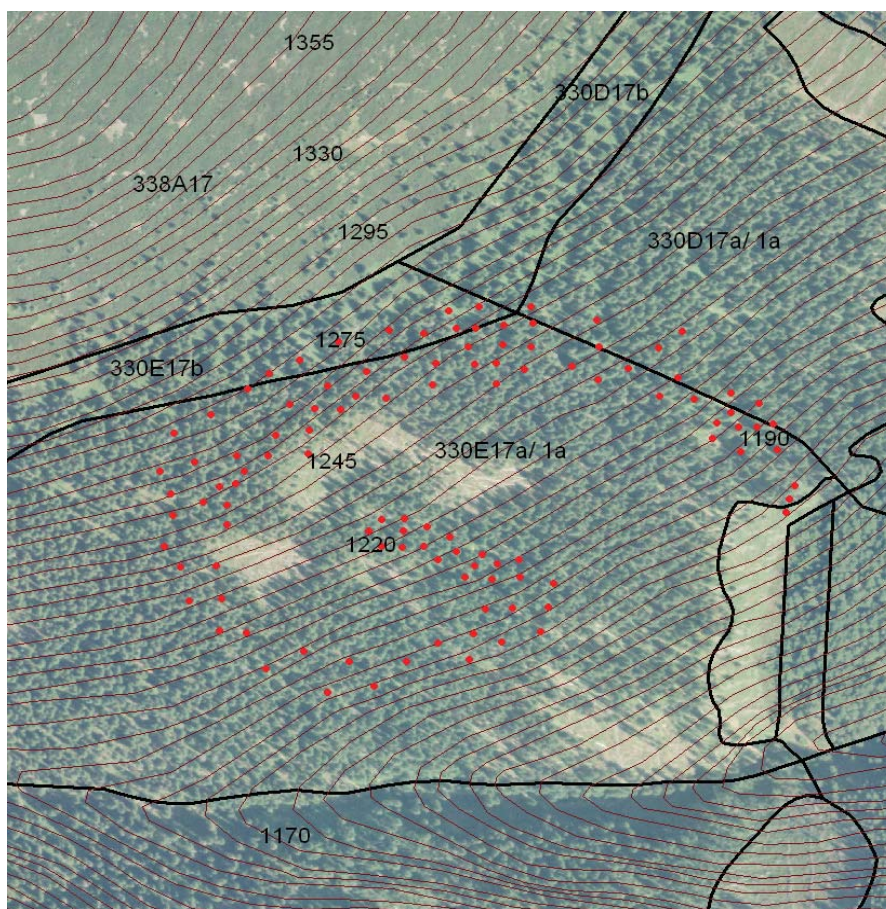
## MATERIÁL A METODIKA

Zájmová plocha se nachází v Krkonoších na jihovýchodním úbočí Sněžky, v lokalitě Lvi důl, v rámci LHC Horní Maršov (platnost LHP 2003 – 2012, obr. 1). Odpovídá porostní skupině 330E17a/1a (s přesahem do skupin 330E17b a 330D17a/1a, přičemž hranice těchto skupin je v terénu nezřetelná), udávané stáří 211 let (k roku 2008). V tomto lesním porostu byla dříve založena trvalá výzkumná plocha 24 (Střední hora), která je dlouhodobě sledována (VACEK, MATĚJKA 1999, VACEK, MATĚJKA et al. 2007). Tento porost vykazuje dlouhodobě zvýšenou, přesto stabilní defoliaci (okolo 55 - 60 % v posledním desetiletí), druhové složení vegetace je od roku 1980 značně stabilní (MATĚJKA in VACEK, MATĚJKA et al. 2007). Sledovaná plocha zahrnuje dva soubory (subpopulace) jedinců smrku ztepilého, označované dále jako soubory (1) a (2), odlišené podle následků orkánu Kyrill (leden 2007). Soubor (1) představuje 110 náhodně vybraných nepoškozených nebo slabě poškozených stojících stromů k datu prvního systematického sledování plochy (6. 3. 2007), tj. odpovídá subpopulaci nepoškozeného porostu. Soubor (2) odpovídá subpopulaci 110 opět náhodně vybraných ležících stromů, které podlely zlomům a vývrátům k témuž datu. Přesná poloha vybraných stromů byla měřena pomocí GPS přístroje, poloha všech ostatních stromů byla

odhadnuta vzhledem k zaměřeným jedincům. Souřadnice S-JTSK se pro soubor (1) pohybují v intervalu  $x = 984010$  až  $984305$  m,  $y = 639452$  až  $639913$  m, nadmořská výška činí 1 170 až 1 275 m. Data prostorového rozmístění stromů v porostu byla zpracovávána v prostředí GIS. Z jedinců obou souborů byly odebrány vzorky větví za účelem provedení isoenzymových analýz (odběr vzorků 6. 3. 2007). Stromy souboru (1) byly změřeny v roce 2008 (výška – h a průměr ve výčetní výšce – DBH). U vybraných jedinců byly v roce 2009 odebrány vývrty pro provedení letokruhové analýzy.

### Isoenzymové analýzy

Z odebraných větví byly získány dormantní pupeny, které byly homogenizovány. Výsledný extrakt byl analyzován po rozdělení isoenzymů jednorozměrnou horizontální elektroforézou na škrobovém gelu v tris-citrátovém pufracím systému (PASTEUR et al. 1988, IVANEK 2006a) s použitím aparatury Multiphor II firmy Pharmacia Biotech. Všechny gely byly skenovány a zpracovány v programu ImageMaster firmy Pharmacia Biotech. Měření byla dvakrát opakována, s umístěním porovnávacího standardu na každý z gelů. Získané zymogramy byly vyhodnoceny na bázi elektroforetické mobility pro alelické páry 12 polymorfních lokusů (tab. 1).



**Obr. 1.**

Rozmístění analyzovaných stromů, jež jsou součástí subpopulace (1) v rámci sledovaného porostu na podkladě ortofotomapy (snímek z roku 2001) s vyznačenou hranicí porostních skupin a s vrstevnicemi (interval 5 m)

The assessed tree distribution of the subpopulation (1) within part of stand on the orthophoto (situation in 2001) with border lines of the stand groups and contour lines (interval of 5 m)

**Tab. 1.**Sledované enzymatické systémy a lokusy  
Assessed enzymes and loci

Enzym – lokus	Zkratka
Glukózo-6-fosfátdehydrogenáza	G-6-PDH
Glutamátdehydrogenáza	GDH
Šikimátdehydrogenáza - A	SDH-A
Fosfoglukomutáza - A	PGM-A,
Malátdehydrogenáza - B, C	MDH-B, MDH-C
Leucinaminopeptidáza - B	LAP-B,
Isocitrátdehydrogenáza - A, B	IDH-A, IDH-B
Aspartátaminotransferáza - A, B, C	AAT-A, AAT-B, AAT-C

**Biometrické analýzy**

U 62 vybraných jedinců smrku ze souboru (1) byla měřena celková výška a výčetní tloušťka. K měření výšek byl používán ultrazvukový výškoměr VERTEX III (přesnost 0,1 m), k měření výčetní tloušťky taxační průměrka (přesnost 0,5 cm). Z 13 vybraných jedinců byly odebrány vývrty pro stanovení věku.

**Vyhodnocení dat**

Výstupní data programu ImageMaster byla exportována a dále zpracovávána s využitím programů IsoEnz (MATĚJKA 2009a) a SeqAn (MATĚJKA 2009b). U sledovaných lokusů byly vyhodnoceny počty alel na lokus, alelické frekvence, hodnoty pozorované heterozygotnosti, skutečný zjištěný počet genotypových tříd (tj. počet zjištěných kombinací přítomných alelických párů pro všechny enzymy a jejich lokusy), Shannonův index  $H'$  (SHANNON, WEAVER 1949) a Rao index  $R$  (RAO 1982) modifikované pro hodnocení genetické diverzity (MATĚJKA 2009a). Pro vyhodnocení genetické diverzity je zvláště vhodný Rao koeficient, který uvažuje podobnost mezi jednotlivými genotypy. Genetická vzdálenost mezi subpopulacemi byla počítána jako Nei distance  $D$  (NEI 1978):

$$D = -\ln \frac{\sum_{i=1}^n P_{Ai} * P_{Bi}}{\sqrt{(\sum_{i=1}^n P_{Ai}^2) * (\sum_{i=1}^n P_{Bi}^2)}}$$

pro vzdálenost mezi populacemi A a B při  $n$  hodnocených lokusech, přičemž zastoupení  $i$ -té alely v populaci A je  $p_{Ai}$ .

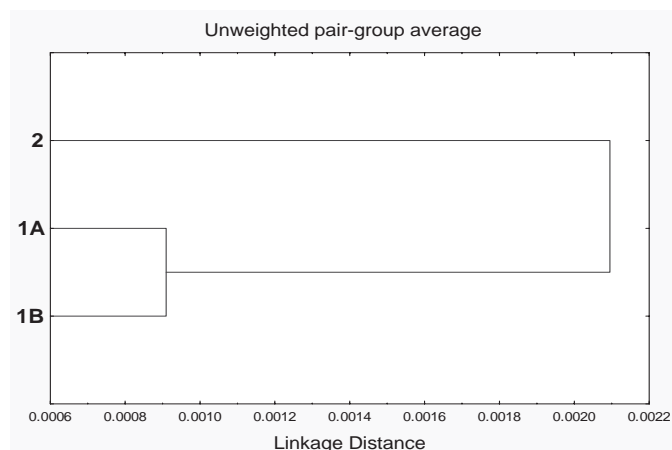
Uvedené genetické charakteristiky byly zpracovány zvláště pro soubor nepoškozené (1) a rozvrácené (2) části porostu. Dále byly zpracovány pro subpopulace v rámci souboru (1), lišící se z hlediska nadmořské výšky. Soubor (1A) odpovídá nižší nadmořské výšce, v intervalu 1 170 – 1 222 m, subpopulace (1B) odpovídá vyšší nadmořské výšce, v intervalu 1 223 – 1 275 m. Hranice byla stanovena tak, aby rozdělila šetřenou populaci na dvě poloviny.

**VÝSLEDKY A DISKUSE**

Genetické charakteristiky jsou pro sledované lokusy v souborech jedinců (1) a (2), případně i pro podsoubory (1A), (1B) uvedeny v tabulce 2. Počet alel na lokus se pohybuje v rozmezí 1 až 4, přičemž nejvyšších hodnot dosahuje u lokusů SDH-A a LAP-B. Nejvyšší pozorovanou heterozygotností se u obou souborů vyznačují lokusy AAT-C a LAP-B, nejnižší mají lokusy AAT-B, IDH-A a MDH-B.

Celkový počet zjištěných alel dosahuje hodnoty 27 pro soubor (1) (nepoškozený porost) a 32 pro soubor (2) (rozvrácený porost), přičemž u lokusů G-6-PDH, MDH-B a AAT-B bylo u souboru (2) zjištěno zvýšení o jednu a u AAT-A o dvě alely. V souboru (1) bylo nalezeno 9 a v souboru (2) 11 polymorfních lokusů, přičemž soubor (2) vykazuje vyšší heterozygotnost u 8 z těchto lokusů. Hodnoty heterozygotnosti klesají v pořadí lokusů AAT-C > LAP-B > G-6-PDH ~ SDH-A > MDH-C ~ IDH-B ~ PGM-A > GDH ~ AAT-A ~ MDH-B ~ IDH-A ~ AAT-B v případě souboru (1) a v pořadí AAT-C > LAP-B > SDH-A ~ MDH-C > G-6-PDH > PGM-A > GDH ~ IDH-B ~ MDH-B > AAT-A > AAT-B > IDH-A u souboru (2). Soubor (2) vykazuje vyšší počet genotypových tříd (přítomných kombinací alelických párů pro všechny sledované lokusy) a vyšší hodnoty indexů diverzity  $H'$  a  $R$  ve srovnání se souborem (1).

Počet zjištěných alel dosahuje hodnoty 24 u spodní (1A) i horní (1B) části nepoškozeného porostu. V obou souborech (1A) a (1B) bylo nalezeno 8 polymorfních lokusů, přičemž soubor (1B) vykazuje vyšší heterozygotnost u 6 z nich. Pořadí hodnot heterozygotnosti se u souborů (1A) a (1B) vzájemně liší. Soubor (1B) vykazuje vyšší počet genotypových tříd a vyšší hodnoty indexů diverzity  $H'$  a  $R$  ve srovnání se souborem (1A), standardní genetická vzdálenost hodnocená jako Nei distance  $D$  subpopulací (1A) a (1B) činí však pouze 0,00091 ve srovnání s obdobnou vzdáleností těchto subpopulací se subpopulací (2), která nabývá průměrné hodnoty 0,00210 (viz též obr. 2).

**Obr. 2.**

Hierarchická klasifikace subpopulací (1A) - nepoškozená část porostu v nižší nadmořské výšce, (1B) - nepoškozená část porostu ve vyšší nadmořské výšce a (2) - větrem rozvrácená část porostu  
Hierarchical classification of the subpopulations (1A) - undamaged stand in lower altitude, (1B) - undamaged stand in higher altitude, and (2) - wind-damaged part of the stand

**Tab. 2.**

Počty alel na lokus a hodnoty pozorované heterozygotnosti pro subpopulace smrku 1A (nepoškozený, spodní část), 1B (nepoškozený, horní část), 1 (nepoškozený, celý soubor), 2 (rozvrácený)  
 Number of alleles per locus, observed heterozygosity values and diversity features for spruce subpopulations 1A (undamaged, lower part), 1B (undamaged, upper part), 1 (undamaged, the whole set) and 2 (wind-damaged)

Subpopulace/Subpopulation	Počet alel/locus Allel no./locus				Heterozygotnost/Heterozygosity			
	1A	1B	1	2	1A	1B	1	2
G6PDH	2	2	2	3	0,082	0,125	0,103	0,091
GDH	1	2	2	2	0,000	0,021	0,010	0,036
SDH_A	4	3	4	4	0,082	0,104	0,093	0,165
PGM_A	2	2	2	2	0,061	0,042	0,052	0,067
MDH_B	1	1	1	2	0,000	0,000	0,000	0,027
MDH_C	2	3	3	3	0,061	0,083	0,072	0,130
LAP_B	3	3	4	4	0,265	0,333	0,299	0,361
IDH_A	1	1	1	1	0,000	0,000	0,000	0,000
IDH_B	2	2	2	2	0,041	0,083	0,062	0,036
AAT_A	2	1	2	4	0,020	0,000	0,010	0,018
AAT_B	1	1	1	2	0,000	0,000	0,000	0,009
AAT_C	3	3	3	3	0,612	0,574	0,594	0,509
Celkový počet alel/Total allele number	24	24	27	32				
Počet genotypových tříd/Number of genotype classes	22	25	38	42				
Shannonův index H'	3,916	4,235	4,475	4,787				
Rao index R	0,065	0,072	0,070	0,082				
Nei vzdálenost D/Nei dissimilarity D	(1A-1B)		(1A-2)	(1B-2)				
	0,00091		0,00123	0,00296				

Vysoké hodnoty heterozygotnosti lokusu AAT-C a relativně vysoké hodnoty této veličiny u lokusů LAP-B a SDH-A, zjištěné u obou sledovaných souborů, jsou typické pro naprostou většinu smrkových populací (IVANEK 2000, 2006, PRUS-GLOWACKI GODZIK 1995, KONNERT 1995). U souboru (1) však lze konstatovat zvýšenou hodnotu heterozygotnosti enzymatického systému GDH a u souboru (2) značně zvýšenou heterozygotnost lokusu MDH-C. Pokud se týká souboru (2), zvýšené počty zjištěných alel a genotypových tříd, stejně jako zvýšené hodnoty indexů diverzity H', R a heterozygotnosti u většiny z lokusů odpovídají vyššímu stupni genetické diverzity této, tj. rozvrácené části porostu. Vysoká genetická diverzita bývá často považována za typickou pro autochtonní porosty. V některých případech však bývá naopak pozorována u porostů vzniklých z heterogenní směsi reprodukčního materiálu alochtonního původu (IVANEK 2006). Vzhledem k tomu, že u rozvrácené části porostu (2) byla zjištěna přítomnost relativně vzácných alel (KONNERT 1995) u tří lokusů, tj. MDH-B, AAT-A a AAT-B, lze považovat za možné, že při založení této části porostu bylo použito nepůvodního reprodukčního materiálu.

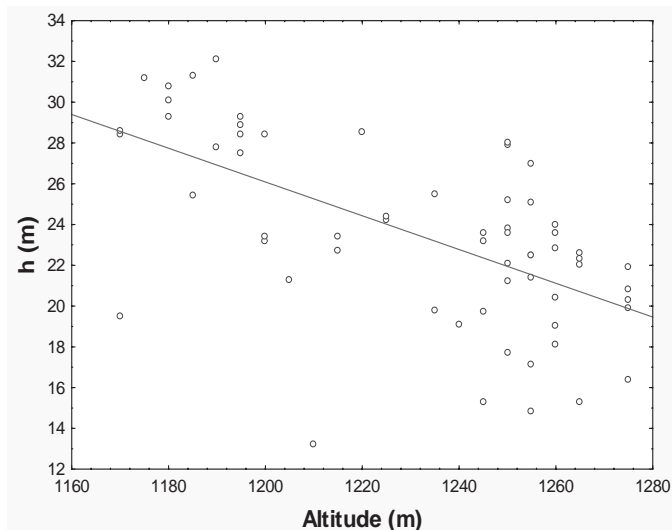
Pokud se týká nepoškozené části porostu (1), rozdíl v počtu genotypových tříd a hodnotách indexů diverzity H', R a heterozygotnosti mezi spodní (1A) a horní (1B) částí porostu odpovídají zvýšení diverzity v horní části tohoto porostu. Na druhé straně zde nebyl zjištěn rozdíl v zastoupení jednotlivých alel. Rovněž standardní genetická vzdálenost mezi soubory 1A a 1B je výrazně nižší než genetická vzdálenost mezi soubory (1) a (2).

Podle letokruhových analýz bylo zjištěno rozmezí věku stromů 87 + n až 170 + n let, kde n je doba, po níž strom rostl do výšky odběru (cca 130 cm), obě subpopulace (1A a 1B) vykazují prakticky stejné věkové rozpětí. Tento údaj se shoduje s udávaným stářím v LHP (je nutno si uvědomit, že zvláště počáteční růst porostu v této nadmořské výšce může být velmi pomalý) i se zjištěním, že se porost nachází v místech, kde byl uváděn vzrostlý les i v době mapování stabilního katastru (1842).

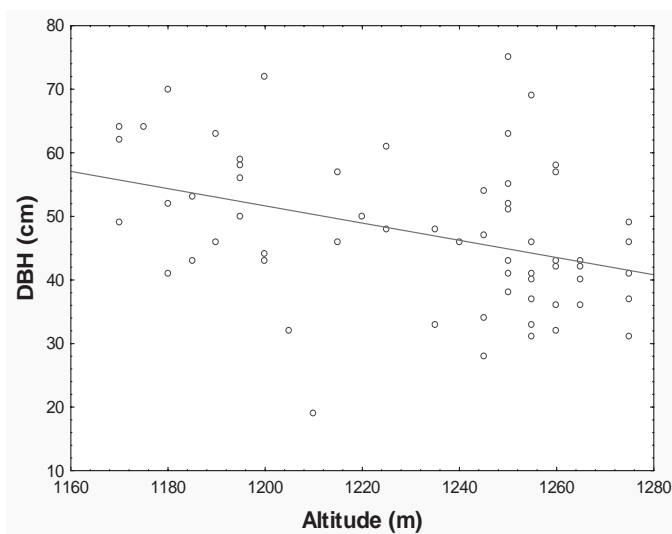
Na nadmořské výšce (altitude) silně závisí výška stromů (h) ( $r = -0,609$ ,  $h = 125,4 - 0,0828 \cdot \text{altitude}$ ; obr. 3). Méně závislá, přesto statisticky průkazným způsobem, je výčetní tloušťka (DBH) ( $r = -0,382$ ,  $\text{DBH} = 214,2 - 0,1354 \cdot \text{altitude}$ ; obr. 4). Obdobný výsledek s nižší závislostí DBH na nadmořské výšce ve srovnání s výškou stromů je běžně nalézán v podmínkách horských smrčín (MATĚJKA 2009c). Zdá se pravděpodobné, že environmentální podmínky (především klimatické) charakterizující území v blízkosti horní hranice lesa nejenže ovlivňují růstové možnosti jednotlivých stromů, ale mohou vést i ke genetické diverzifikaci různých částí porostu, jak vyplývá ze srovnání s výsledky isoenzymových analýz. Přesto je tato diverzifikace tak mírná, že může být snadno překryta jinými vlivy - v našem případě se jedná o výskyt jedinců náležejících jiné subpopulaci, která byla výrazně postižena zaznamenanou větrnou kalamitou. To je dokumentováno i poměrně výraznou genetickou odlišností mezi subpopulacemi (1) a (2) (viz obr. 2).

Prezentovaná data je možno porovnat s údaji dalších smrkových porostů a populací, z nichž byla vybrána lokalita Josefova bouda

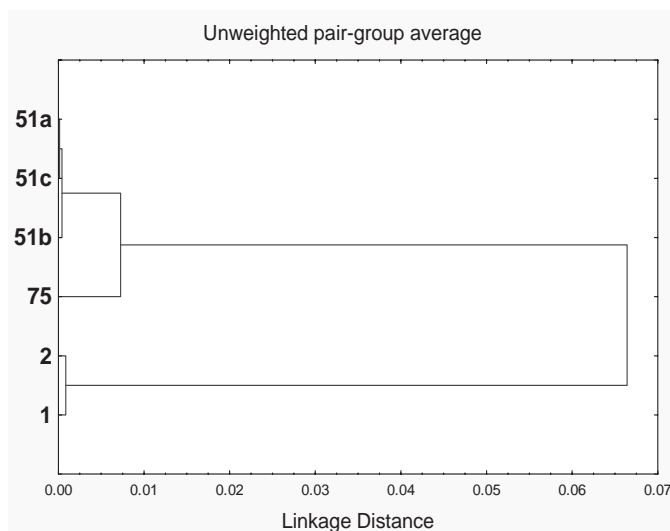
v Krkonoších s mladým smrkovým porostem (IVANEK, MATĚJKA 2009, dále pod kódovým označením 75) a další lokality s dosud nepublikovanými údaji, které se týkají genetické struktury smrkových populací horských lesů Králického Sněžníku (PLO 27 - Hrubý Jeseník). Zde byly provedeny odběry v roce 2005 ze tří porostů: populace (51a) - Prales ve Strémém (porostní skupina 724B17b, převažující SLT 7S, nadmořská výška 1 030 – 1 130 m); populace (51b) - Vlačstovčí skály (porostní skupiny 729C17a a 729C17b, převažující



**Obr. 3.**  
Vztah mezi výškou stromů (h) a nadmořskou výškou (altitude) v souboru sledovaných jedinců - subpopulace (1)  
Relationship between tree height (h) and altitude in the observed tree set - subpopulation (1)



**Obr. 4.**  
Vztah mezi průměrem stromů ve výčetní výšce (DBH) a nadmořskou výškou (altitude) v souboru sledovaných jedinců - subpopulace (1)  
Relationship between tree diameter (DBH) and altitude in the observed tree set - subpopulation (1)



**Obr. 5.**  
Hierarchická klasifikace dvou sledovaných subpopulací (1 a 2) společně s mladším porostem z Krkonoš (populace 75) a se třemi populacemi z vrcholové oblasti Králického Sněžníku (populace 51a, b, c)  
Hierarchical classification of both subpopulations (1 and 2) together with younger stand from the Giant Mts. (population 75) and three populations growing in top part of the Králický Sněžník Mt. Only limited locus number was used.

SLT 8N, nadmořská výška 1 140 – 1 300 m); populace (51c) - Pod Frantovou chatou (porostní skupina 729A17, převažující SLT 8K, nadmořská výška 1 100 – 1 250 m). Toto porovnání bylo provedeno pouze na základě čtyř lokusů (AAT-B, AAT-C, PGM-A, SDH-A), které byly analyzovány pro všechny uvedené populace.

Jak ukazuje hierarchická klasifikace v tomto širším rámci smrkových porostů a populací, je genetická rozdílnost mezi subpopulacemi (1) a (2) z lokality Sněžka podstatně menší ve srovnání s genetickou rozdílností mezi touto a ostatními lokalitami (obr. 5).

## ZÁVĚR

Isoenzymové analýzy obou částí porostu na jihovýchodním úbočí Sněžky ukázaly, že se jedná o soubory (subpopulace) s poměrně vysokou pozorovanou heterozygotností, resp. genetickou diverzitou, zejména u lokusů AAT-C, LAP-B a SDH-A. U souboru (2), postiženého rozvratem silným větrem, byla navíc zjištěna značně vysoká genetická diverzita a vysoká heterozygotnost lokusu MDH-C, zatímco u nepoškozeného souboru (1) byla zjištěna vysoká heterozygotnost enzymu GDH. Mezi soubory (1) a (2) byla zjištěna prokazatelná odlišnost na základě genetické vzdálenosti podle NEI (1978). V případě souboru odpovídajícího nepoškozené subpopulaci bylo dále zjištěno, že heterozygotnost a zastoupení minoritních alel u většiny sledovaných lokusů, stejně jako počítané indexy genetické diverzity byly mírně zvýšené u subpopulace (1B) nacházející se ve vyšší nadmořské výšce, což naznačuje mírnou diverzifikaci genetické struktury populace v blízkosti horní hranice lesa. Genetická odlišnost mezi subpopulacemi smrku na sledované lokalitě je podstatně nižší ve srovnání s rozdíly mezi populacemi této dřeviny oproti jiným lokalitám.

**Poděkování:**

Zpracování příspěvku bylo podpořeno výzkumným záměrem č. MZE0002070203. Spolupracovníkům J. Kubcovi a J. Mannové patří dík za provedení terénních odběrů a za technickou pomoc.

**LITERATURA**

- HANIŠ J., MIKESKA M. et al. 2000. Oblastní plán rozvoje lesů. Přírodní lesní oblast 22 Krkonoše. Platnost 2000 - 2019. Hradec Králové, Ústav pro hospodářskou úpravu lesů: 362 s.
- HUSOVÁ M., JIRÁSEK J., MORAVEC J. 2002. Jehličnaté lesy. In: Moravec, J. (ed.): Přehled vegetace České republiky. Svazek 3. Praha, Academia: 127 s.
- IVANEK O. 2000. Genetic study of Norway spruce from the northern part of Czech Republic with isoenzyme analyses. Commun. Inst. For. Boh./Práce VÚLHM, 19: 15-23.
- IVANEK O. 2006a. Porovnání genetické diverzity vybraných porostů smrku ztepilého. In: Novotný, P. (ed.): Šlechtění lesních dřevin v České republice a Polsku. Sborník ze semináře s mezinárodní účastí, Strnady 8. 9. 2005. 99 s. Jíloviště-Strnady, VÚLHM: 49-55.
- IVANEK O. 2006b. Výsledky isoenzymových analýz populací smrku ztepilého na plochách s různými stanovištními podmínkami. Zprávy lesnického výzkumu, 51: 32-37.
- IVANEK O., KRČMÁŘ B. 2004. Genetické srovnání dvou populací smrku z PLO Karlovarská vrchovina s dalšími populacemi této dřeviny v rámci vybraných ploch ICP Forests. In: Novák, J., Slodičák, M. (eds.): Results of Forestry Research in the Ore Mts. in 2003: 245-251.
- IVANEK O., MATĚJKA K. 2009. Sledování genetické diverzity smrku ve vybraném porostu v Krkonoších jako podklad pro modelování vlivu výchovy na genetickou strukturu populace dřeviny. URL: [http://www.infodatasys.cz/biodivkrsu/rep2008\\_isoenz.pdf](http://www.infodatasys.cz/biodivkrsu/rep2008_isoenz.pdf)
- KONNERT M. 1995. Isoenzymuntersuchungen bei Fichte (*Picea abies* (L) KARST.) und Weisstanne (*Abies alba* MILL.). Anleitung zur Trennmethodik und Auswertung der Zymogramme, Teisendorf.
- KUČERA T. 2001. Smrčiny. In: Chytrý, M., Kučera, T., Kočí, M. (eds.): Katalog biotopů České republiky. Praha, AOPK ČR: 307 s.
- MACKOVČIN P., FALTYSOVÁ H. et al. 2002. Královéhradecko. In: Mackovčín, P. (ed.): Chráněná území ČR, svazek V. Praha, AOPK ČR a Brno, EkoCentrum: 316 s.
- MATĚJKA K. 2009a. Program IsoEnz. Databáze isoenzymových analýz. [Isoenzyme analysis database.] URL: [http://www.infodatasys.cz/software/hlp\\_isoenz/isoenz.htm](http://www.infodatasys.cz/software/hlp_isoenz/isoenz.htm)
- MATĚJKA K. 2009b. Návod k programu SeqAn Sequential data distribution analyse. URL: [http://www.infodatasys.cz/software/hlp\\_seqan/seqan.htm](http://www.infodatasys.cz/software/hlp_seqan/seqan.htm)
- MATĚJKA K. 2009c. Assessment of tree layer biomass and structure using aerial photos in lake catchments of the Šumava Mts. Journal of Forest Science, 55: 63-74.
- NEI M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. Genetics, 89: 583-590.
- PASTEUR N. et al. 1988. Practical Isogyne Genetics. Ellis Horwood series in gene technology. New York, Wiley & Sons: 15-29.
- PRUS-GLOWACKI W., GODZIK S. 1995. Genetic structure of *Picea abies* tolerant and sensitive to industrial pollution. Silvae Genetica, 44: 62-65.
- PRŮŠA E. 2001. Pěstování lesů na typologických základech. Kostelec nad Černými lesy, Lesnická práce: 593 s., CD-ROM.
- RAO C. R. 1982. Diversity and dissimilarity coefficients: a unified approach. Theor. Pop. Biol., 21: 24-43.
- SHANNON C. E., WEAVER W. 1949. The Mathematical Theory of Communication. Urbana, Illinois: University of Illinois Press.
- SÝKORA B. 1983. Krkonošský národní park. Praha, SZN: 280 s.
- VACEK S., MATĚJKA K. 1999. State of forest stands on permanent research plots in the Krkonoše Mts. in years 1976 - 1997. J. Forest Sci., 45: 291-315.
- VACEK S., MATĚJKA K. et al. 2007. Zdravotní stav a dynamika lesních ekosystémů Krkonoš pod stresem vyvolaným znečištěním ovzduší. In: Folia Forestalia Bohemica, vol. 4. Kostelec nad Černými lesy, Lesnická práce: 216 s.

## GENETIC STRUCTURE OF TWO PARTS OF NORWAY SPRUCE STAND NEAR THE ALPINE FOREST LIMIT IN THE KRKONOŠE NATIONAL PARK

### SUMMARY

Genetic and biometrical features of two Norway spruce subpopulations (sets) in the Krkonoše (Giant Mts.) National Park were investigated. One subpopulation was markedly damaged by Kyrill hurricane in 2007. The stand (age of 211 years at 2008 according to the forest management plan) is localized in the Giant Mts. in the Sněžka Mt. region, Lví důl locality, forest enterprise Horní Maršov, stand group 330E17a/1a, altitude 1,170 – 1,275 m, corresponding to the 8th (Norway spruce) forest altitudinal zone near the upper forest line. Isozyme analysis for 110 standing and 110 damaged trees and biometric measurements including preliminary tree-ring analysis were accomplished. One-dimensional horizontal electrophoresis on starch gel was used and different alleles of isozyme loci G-6-PDH, GDH, SDH-A, PGM-A, MDH-B, MDH-C, LAP-B, IDH-A, IDH-B, AAT-A, AAT-B and AAT-C were determined on the basis of their electrophoretic mobility. Subsequently, allele numbers per loci, allelic frequency and observed heterozygosity were evaluated. Genotype combinations were a basis to calculate coefficients of genetic diversity: Shannon's index ( $H'$ ; SHANNON, WEAVER 1949) and Rao's index ( $R$ ; RAO 1982) were adopted to use in the population genetics. Data were processed in the IsoEnz and SeqAn software (MATĚJKA 2009a, b). The highest genetic diversity was found for AAT-C and LAP-B loci, the lowest one for the IDH-A and AAT-B ones for both spruce subpopulations. For the remaining loci G-6-PDH, GDH, SDH-A, PGM-A, IDH-B, MDH-B and MDH-C significant differences were found between both Norway spruce sets. Slight differences were found between lower and upper part of the standing trees subpopulation. Moderate genetic distance according to NEI (1978) between the undamaged and wind-damaged Norway spruce sets was found. This distance was evaluated comparing to distances with another stand in the Giant Mts. and three populations from the Králický Sněžník Mt. (Jeseníky Mts).

Recenzováno

---

#### ADRESA AUTORA/CORRESPONDING AUTHOR:

Ing. Ondřej Ivanek, CSc., Výzkumný ústav lesního hospodářství a myslivosti, v. v. i.  
252 02 Jíloviště, Strnady 136, Česká republika  
tel.: 257 892 267; e-mail: ivanek@vulhm.cz