

## KLONOVÉ VÝSADBY SMRKU ZTEPILÉHO - ISOENZYMOVÉ ANALÝZY VYBRANÝCH KLONŮ II

## CLONAL PLANTATIONS OF NORWAY SPRUCE - ISOZYME ANALYSIS OF SELECTED CLONES II

ONDŘEJ IVANEK, JARMILA MARTINCOVÁ

Výzkumný ústav lesního hospodářství a myslivosti, v. v. i., Strnady

## ABSTRACT

Isozyme analyses of dormant buds of 30 clones from Norway spruce clonal plantations Benecko and Kojice nursery were performed. G-6-PDH, SDH, PGM, AAT, LAP, MDH and 6-PGDH enzyme systems were analyzed by means of one-dimensional horizontal starch gel electrophoresis. Polymorphism of AAT-C, LAP-A, LAP-B, MDH and 6-PGDH loci was found. Genetic uniformity of 94% of the investigated clones was found out. Further, molecular genetic characteristics of the clones were compared with growth and phenology characteristics.

**Klíčová slova:** smrk ztepilý, *Picea abies*, výsadby, klony, izoenzymy, analýzy, molekulární genetika  
**Key words:** Norway spruce, *Picea abies*, plantings, clones, isozymes, analyses, molecular genetics

## ÚVOD

V rámci řešení projektu NAZV č. QD1274 „Strestolerantní klonové směsi pro horské oblasti“ se v letech 2001 až 2004 uskutečnilo podrobné hodnocení klonových výsadeb smrku ztepilého. Tyto rozsáhlé potenciálně strestolerantní klonové výsadby vznikly v rámci programu „Záchrana genofondu geograficky původních druhů lesních dřevin v Krkonoších“ (SCHWARZ, VAŠINA 1997) a představují unikátní základnu geneticky homogenního materiálu. Kromě hodnocení morfologických znaků a fenologických projevů

byly u vybraných klonů sledovány genetické charakteristiky pomocí izoenzymových analýz.

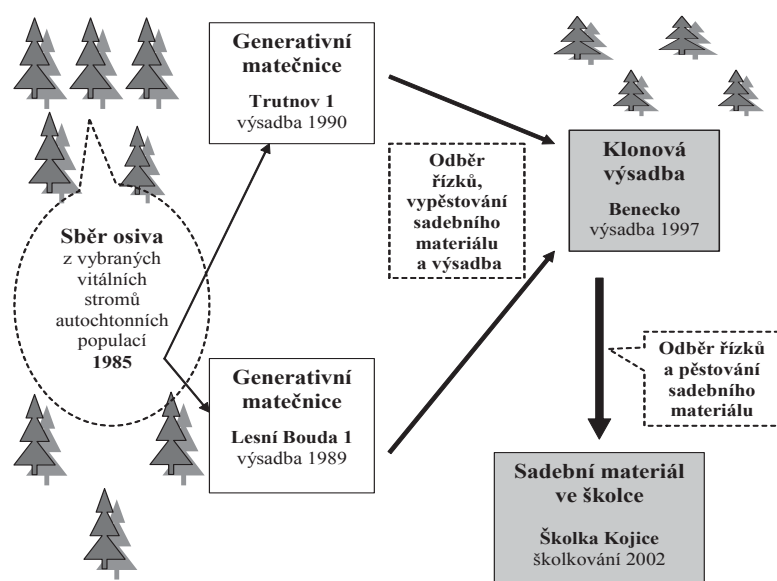
Analýza izoenzymů, které patří do skupiny proteinových genetických markerů a které se vzájemně liší molekulární hmotností, nábojem a jinými geneticky kódovanými znaky na molekulární úrovni, umožňuje tyto proteiny rozdělit a identifikovat. Tyto molekulárně genetické znaky lze na rozdíl od běžných, vizuálních morfologických znaků identifikovat v různých vývojových a věkových stadiích organismu, v jeho různých částech, tj. v pupenech, listech, semenech, atd. Isoenzymy jako geneticky podmíněné varianty enzymů odpovídají různým alelám - variantám genů, kódujících jejich syntézu (např. PRUS-GLOWACKI, GODZIK 1995, IVANEK 2003, 2006).

Cílem hodnocení bylo ověřit klonovou čistotu hodnoceného rostlinného materiálu a zjistit případné vztahy mezi sledovanými genetickými znaky a fenologickými nebo růstovými projevy vybraných klonů. Z tohoto hlediska práce navazuje na předchozí šetření provedená ve stejných klonových výsadbách, s využitím rozšířeného počtu sledovaných izoenzymů (IVANEK, MARTINCOVÁ 2005, JURÁSEK, MARTINCOVÁ 2005).

## MATERIÁL

Hodnocení genetických charakteristik prostřednictvím izoenzymových analýz se uskutečnilo ve vybraných potenciálně strestolerantních klonových výsadbách a u jejich potomstev pěstovaných ve školce. Geneze použitého materiálu je znázorněna na obrázku 1.

Prvním kritériem pro získání klonů se zvýšenou odolností k nepříznivým vlivům byl výběr jedinců smrku s relativně dobrým zdravotním stavem v extrémních klimatických podmínkách s intenzivní imisní zátěží v 80. letech minulého století. Osivo z těchto stromů bylo využito pro založení generativních matečnic (Lesní Bouda



Obr. 1.

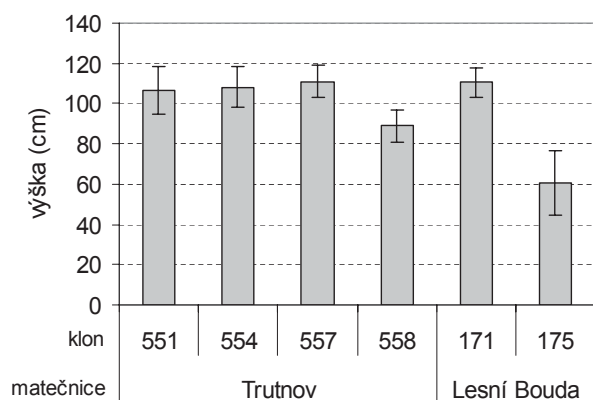
Postup zakládání klonových výsadeb. Šedě jsou označeny objekty, ze kterých byly odebírány vzorky pro izoenzymové analýzy.  
 Course of clonal plantation establishment. Plantations where sampling for isozyme analysis was performed are of grey colour.

Tab. 1.

Počet ramet z vybraných klonů polosesterských potomstev Černohorská rašelina (cr8) a Malá Kotelní jáma (mkj2), ze kterých byly odebrány pupeny pro izoenzymové analýzy a genetické varianty těchto klonů zjištěné pomocí izoenzymových analýz (u většiny enzymových lokusů jsou uvedeny alelické páry, u MDH a 6-PGDH je přiřazení provedeno fenomenologicky)

Number of ramets from clones originated from half-sib progenies Černohorská rašelina (cr8) and Malá Kotelní jáma (mkj2) chosen for buds sampling for isozyme analysis and genetic variants of these clones found with using isozyme analysis (for most enzyme loci, allelic pairs are listed, MDH and 6-PGDH are assigned phenomenologically)

Potomstvo/ Progeny	Generativní matečnice/ Ortet of generative origin	Klon/ Clone	Časnost rašeni <sup>(1)</sup> / Time of bud break	Růst <sup>(2)</sup> / Growth	Počet ramet/ Number of ramets		Enzymy, - lokusy/Enzymes, - loci													
					Kojice	Benecko	G-6-PDH	SDH-A	SDH-B	PGM-A	AAT-A	AAT-B	AAT-C	LAP-A	LAP-B	MDH	6-PGDH			
Malá Kotelní jáma (mkj2)	Lesní Bouda 1	22	s	+	7	22	33	22	22	22	22	22	22	22	12	24	22	II	A	
		25	č	±	7	22	33	22	22	22	22	22	22	22	11	22	22	II	A	
		28	s	±	8	22	33	22	22	22	22	22	22	22	11	22	22	II	B	
		772	s	+	13	12	33	22	22	22	22	22	22	22	12	22	22	I	A	
		774	s	+	8	22	33	22	22	22	22	22	22	22	11	22	22	I	A	
		776	vč	+	12	22	33	22	22	22	22	22	22	22	12	22	22	I	C	
		791	p	-	5	22	33	22	22	22	22	22	22	22	22	12	22	22	I	A
		793	s	-	10	22	33	22	22	22	22	22	22	22	12	22	22	I	A	
Trutnov 1	Lesní Bouda 1	794	s	±	11	12	33	22	22	-	22	22	22	12	11	22	22	II	A	
		797	č	±	9	22	33	22	22	-	22	22	22	22	22	22	22	II	B	
		798	č	+	10	12	33	22	22	22	22	22	22	22	12	22	22	II	A	
		802	vč	+	10	12	33	22	22	22	-	22	22	22	12	22	22	II	A	
		807	s	- pg	3	12	33	22	22	22	22	22	22	22	12	22	22	I	A	
		808	p	± pg	13	22	33	22	22	22	22	22	22	22	12	22	22	I	A	
		811	s	-	12	12	33	22	22	22	22	22	22	22	11	22	23	I	C	
		821	s	± pg	5	22	33	22	22	22	22	22	22	22	11	22	22	II	B	
Černohorská rašelina (cr8)	Trutnov 1	171	s	+	14	22	33	22	22	22	22	22	22	22	22	12	22	II	C	
		175	č	-	8	22	33	22	22	22	22	22	22	22	11	22	22	II	B	
		551	s	+	7	22	33	22	22	22	22	22	22	11	12	22	22	I	A	
		554	č	+	12	22	33	22	22	22	22	22	22	22	11	22	22	I	C	
		557	p	+	10	22	33	22	22	22	22	22	22	22	12	12	12	I	A	
		558	p	-	8	22	33	22	22	22	22	22	22	22	12	12	12	I	B	

**Obr. 2.**

Výška nadzemních částí vybraných klonů polosesterského potomstva Černohorská rašelina (cr8) na lokalitě Benecko 5 let po výsadbě (svislé úsečky představují interval spolehlivosti na 5% hladině významnosti)

Shoot height of some clones from half-sib progeny Černohorská rašelina (cr8) 5 years after outplanting to Benecko (vertical lines mean confidence interval on 5% significance level)

I v nadmořské výšce 1 080 m n. m. a Trutnov 1 v nadmořské výšce 500 m n. m.). Z nich byl dále vegetativním množením získáván sadební materiál pro zakládání klonových výsad. Přesná evidence každého jedince umožňuje sledovat celou historii jeho původu.

Z vybraných vitálních jedinců v klonové výsadbě Benecko (nadmořská výška 750 m n. m.) byly v rámci projektu NAZV č. QD1274 odebrány řízků pro další vegetativní množení. Řízky byly zakořeny v objektu výzkumné stanice VÚLHM v Opočně a po zaškolkování pěstovány ve školce v Kojicích u Přelouče. V matečnicích, klonových výsadbách i u rozpěstovaného sadebního materiálu byla u vybraných klonů prováděna hodnocení morfologických znaků, doby rašení, některých fyziologických znaků (odolnost k mrazu, růstová dynamika na základě elektrického odporu kmínků, obsah živin v jehličí).

Pro izoenzymové analýzy byly nejprve vybrány klony dvou polosesterských potomstev pocházejících z odlišných podmínek nejpočetněji zastoupených v matečnicích a klonových výsadbách (Malá Kotelní jáma, strom č. 2 a Černohorská rašelina, strom č. 8). Vzorky pupenů byly odebrány v klonové výsadbě Benecko nebo ve školce v Kojicích, a to z jedinců pocházejících jak z generativní matečnice Trutnov 1, tak z matečnice Lesní Bouda 1 (tab. 1). Z uvedených dvou polosesterských potomstev byly vybrány klony z celého spektra intenzity růstu i doby rašení, tedy s intenzivním, průměrným i pomalým růstem a s časným, středním i pozdním rašením.

Z dalších potomstev (Labský důl 14 a Benzina 1 a 2) byly do hodnocení izoenzymovými analýzami zařazeny klony, které během pěstování ve školce vykazovaly výraznější odchylky v morfologických znacích (přetrvávání plagiotropního charakteru růstu, odlišnosti v hustotě olistění nebo zavětvení). Pro posouzení genetické stability v různých podmínkách byly vzorky odebrány z vegetativních potomstev stejných klonů rostoucích v klonové výsadbě na Benecku i u jejich potomstva ve školce v Kojicích (tab. 2).

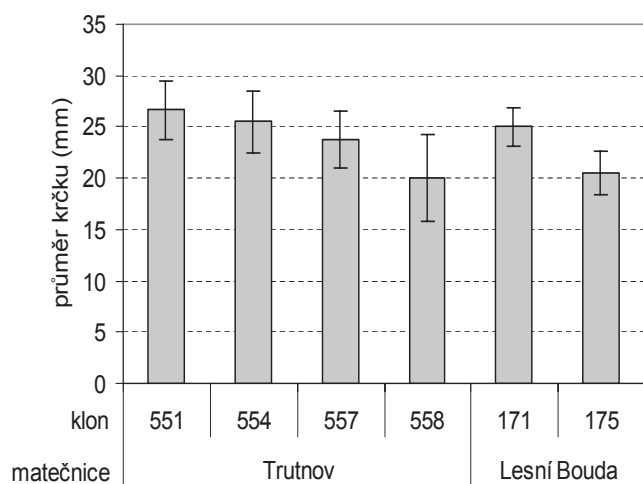
## METODY

Ze sazenic odpovídajících uvedeným klonům byly odebrány dormantní pupeny, které byly skladovány při teplotě  $-20^{\circ}\text{C}$  a pak podrobeny extrakci enzymů homogenizací 5 - 10 mg rostlinné tkáně s 40 - 60  $\mu\text{l}$  extrakčního pufru. Izoenzymy byly děleny horizontální jednorozměrnou elektroforézou na škrobovém gelu při  $3^{\circ}\text{C}$  s použitím Tris-citrátového pufracího systému, přičemž byly měřeny následující enzymy: glukózo-6-fosfátdehydrogenáza (G-6-PDH), šikimátdehydrogenáza (SDH, lokusy SDH-A, SDH-B), fosfoglukomutáza (PGM, lokus A), aspartátaminotransferáza (AAT, lokusy A, B, C), leucinaminopeptidáza (LAP, lokusy A, B), malátdehydrogenáza (MDH) a 6-fosfoglukonátdehydrogenáza (6-PGDH). Výsledky analýz elektroforegramů (zymogramů) vyjadřují genetické varianty sledovaných enzymů: U G-6-PDH, SDH, PGM, AAT, LAP vycházejí ze značení alel 1, 2, 3... (odpovídajících pohyblivosti izoenzymů v elektrickém poli) a jsou vyjádřeny pomocí alelických párů 11, 12, 22... U enzymu 6-PGDH jsou výsledky vyjádřeny empiricky, na základě vizuální odlišnosti fenotypů značených A, B, C..., lišících se vzájemně jednoznačnou strukturou, intenzitou a vzájemnou vzdáleností pásů na zymogramech, podobně jako u enzymu MDH (označení odlišných fenotypů I, II). Analýzy byly provedeny podle modifikovaných postupů izoenzymové extrakce, dělení izoenzymů pomocí elektroforézy a barvicích postupů podle PASTEURA et al. (1988). Celkem bylo v rámci hodnocení dvou vybraných potomstev (Malá Kotelní jáma a Černohorská rašelina) proměřeno 208 jedinců z 23 klonů ze dvou generativních matečnic a dále 139 jedinců z 10 klonů vykazujících různé odchylky růstu ve školce.

## VÝSLEDKY A DISKUSE

Pomocí izoenzymových analýz byl u sledovaných řízkovanců zjištěn polymorfismus u lokusů AAT-C, LAP-A, LAP-B, MDH, 6-PGDH a G-6-PDH, u ostatních lokusů, tj. SDH-A, SDH-B, PGM-A, AAT-A, AAT-B byla (s výjimkou klonu č. 794 pro enzym G-6-PDH) konstatována genetická uniformita v rámci potomstev.

Genetické varianty hodnocených izoenzymových lokusů u vybraných klonů polosesterských potomstev Malá Kotelní jáma a Černohorská rašelina jsou uvedeny v tabulce 1, u klonů s atypickým růstem v tabulce 2, kde jsou uvedeny genetické varianty pouze pro výše popsané polymorfni lokusy. Výsledky ukazují, že některé klony jsou reprezentovány stejnými genetickými variantami v rámci celých potomstev, u jiných lze pozorovat rozdíly. U naprosté většiny sledovaných klonů analýzy prokázaly genetickou uniformitu, tedy klonovou čistotu (pro sledované enzymatické systémy) s výjimkou dvou klonů. Jedná se o klon 175, kde byly pozorovány rozdíly u enzymu LAP-A a klon 274 s rozdíly u enzymu AAT-C, přičemž tyto rozdíly se týkají celkem 3 řízkovanců. Uvedené klony představují 6 % z celkem hodnocených klonů a 1 % z celkového počtu řízkovanců. Tento výsledek, zjištěný analýzou 11 lokusů, kontrastuje s podílem chybně evidovaných roubovanců smrku ztepilého v semenných sadech, zjištěným (podobně jako u roubovanců borovice lesní a modřiny opadavého) KAMENSKÝM et al. (2002), který navazuje na práci BRUCHÁNKA (2001), jenž sledoval izoenzymovými analýzami semenné sady borovice lesní. KAMENSKÝ et al. zjistili sledováním 14 izoenzymových lokusů (včetně námi sledovaných LAP-A, B; AAT-A, C; G-6-PDH a enzymatického systému MDH) 48 % chybně evidovaných roubovanců smrku ztepilého.



Obr. 3.

Průměr kořenových krčků vybraných klonů polosesterského potomstva Černohorská rašelina (cr8) na lokalitě Benecko 5 let po výsadbě (svislé úsečky představují interval spolehlivosti na 5% hladině významnosti)

Root collar diameter of some clones from half-sib progeny Černohorská rašelina (cr8) 5 years after outplanting to Benecko (vertical lines mean confidence interval on 5% significance level)

Vzhledem k tomu, že potomstva Malá Kotelní jáma a Černohorská rašelina byla zastoupena relativně nízkým počtem klonů (tab. 1), nebyly u nich stanovovány a porovnávány odpovídající hodnoty alelických frekvencí, heterozygotnosti a jiných genetických charakteristik. Z tohoto důvodu také nebylo provedeno srovnání výsledků izoenzymových analýz těchto potomstev s přirozeně se vyskytujícími populacemi smrku ztepilého. Na základě zastoupení heterozygotních klonů a alel sledovaných lokusů u obou potomstev však lze konstatovat následující: V případě polymorfních lokusů (jejichž genetická skladba je vyjádřena pomocí alelických párů) je potomstvo Malá Kotelní jáma charakterizováno podstatně vyšším zastoupením heterozygotních klonů v případě G-6-PDH a v menší míře u AAT-C. Potomstvo Černohorská rašelina se oproti tomu vyznačuje výrazně vyšším zastoupením heterozygotů lokusu LAP-B. Tento lokus je navíc u obou potomstev zastoupen jinými minoritními alelami, tj. alelou 1 u Černohorské rašeliny a alelami 3, 4 v případě Malé Kotelní jámy. Polymorfismus lokusu LAP-A je u obou potomstev srovnatelný. Alely, které byly u sledovaných lokusů zjištěny, jsou běžně identifikovány u přirozeně se vyskytujících populací smrku ztepilého v ČR i v Evropě (IVANEK 2003, 2006, KONNERT, MAURER 1995). Některé běžné minoritní alely (např. alely 2, 4 u lokusu SDH-A) nejsou zastoupeny, což je dáno statisticky nízkým počtem sledovaných klonů.

Získané genetické varianty byly porovnávány s charakteristikami růstu a fenologie jednotlivých klonů. Údaje o časnosti rašení a intenzitě růstu jsou uvedeny v tabulce 1, rozdíly výškového a tloušťkového růstu mezi klony polosesterského potomstva Černohorská rašelina jsou znázorněny na obrázcích 2 a 3. Nebyla zjištěna přímá souvislost genetických charakteristik a časnosti rašení nebo intenzitou růstu.

Mezi klony, které vykazovaly během pěstování ve školce výraznější odchylky růstu (intenzita růstu, charakter větvení, hustota jehlic – obr. 4), byly rovněž zjištěny rozdíly v genetických charakteris-

tickách mezi klony (tab. 4). Analýzy tohoto souboru klonů z několika potomstev rovněž potvrdily genetickou uniformitu ramet v rámci klonů. Ani v tomto případě nebyl nalezen jednoznačný vztah genetických charakteristik k morfologickým znakům.

## ZÁVĚR

- Pomocí izoenzymových analýz byl u sledovaných řízkovanců smrku ztepilého prokázán polymorfismus u 6 izoenzymových lokusů z 11 (AAT-C, LAP-A, LAP-B, MDH, 6-PGDH a G-6-PDH). Přitom byla v rámci sledovaných těchto lokusů zjištěna genetická uniformita u velké většiny klonů (94 %) a řízkovanců (99 %).
- Genetická skladba sledovaných potomstev se liší, nejvýrazněji z hlediska výskytu alel lokusů LAP-B a G-6-PDH. Srovnání s přirozeně se vyskytujícími populacemi smrku ztepilého je omezeno nízkým počtem zastoupených klonů.
- Stejně genetické charakteristiky byly u sledovaných klonů získány v klonové výsadbě na Benecko i u řízkovanců pěstovaných ve školce. V rámci hodnocených enzymatických systémů se projevuje genetická uniformita rodičů a jejich vegetativních potomstev bez ohledu na růstové podmínky.
- Vztah hodnocených genetických znaků k morfologickým, fenologickým nebo fyziologickým projevům nebyl statisticky sledován vzhledem k relativně nízkému počtu klonů a kvalitativnímu charakteru sledovaných parametrů.

Výsledky izoenzymových analýz stresolerantních klonových směsí smrku ztepilého ukazují na genetickou uniformitu klonů velké většiny. Zjištěný podíl geneticky odlišných řízkovanců v rámci klonu je ve sledovaných klonových výsadbách smrku ztepilého výrazně nižší, než je běžné u roubovanců této dřeviny v semenných sadech. Toto zjištění je významným krokem při genetickém ověřování původu a kontrole reprodukčního materiálu obecně.

## Poděkování:

Příspěvek vznikl v rámci podpory výzkumného záměru MZE č. 0002070202, tematický okruh DZ 05.01, a grantu MZe č. QD1274 „Stresolerantní klonové směsi pro horské oblasti“.

Tab. 2.

Počet hodnocených ramet z vybraných klonů, u kterých byl pozorován atypický růst (uspořádání jehlic a větví) a výsledky izoenzymových analýz polymorfních lokusů těchto klonů, (u AAT-C, LAP-A, LAP-B jsou uvedeny alelické páry, u MDH a 6-PGDH je přiřazení provedeno fenomenologicky)  
 Number of assessed ramets from clones with atypic growth (arrangement of needles and branches) and results of isozyme analysis of polymorphic loci for these clones (for AAT-C, LAP-A, LAP-B allelic pairs are listed, MDH and 6-PGDH are assigned phenomenologically)

Potomstvo/ Progeny	Potomstva, klony/Progenies, clones		Počet stromů/ Number of trees		Rašení/ Time of bud break	Řízkovance ve škole/Growth pattern of cuttings in nursery	Enzymy, - lokusy/Enzymes, - loci				
	Generativní matečnice/ Ortet of generative origin	Klon/ Clone	z Benecka	z Kojic			AAT-C	LAP-A	LAP-B	MDH	6PGDH
Labský důl (ld14)		150	11	11	p	velké, plagiotropní/high, plagiotropic	11	12	22	I	C
		153	11	11	s	střední, přítisklé jehlice/ mean, with tight needles	11	11	22	I	A
Benzina (b1)	Lesní Bouda I	255	9	9	č <sup>1)</sup>	výrazně velké/very high	11	22	12	II	B
		274	2	2	p	výrazně velké/very high	11 <sup>2)</sup>	12	22	II	A
		276	5	5	s	malé husté orthotropní/small, dense, orthotropic	12	12	23	II	B
Benzina (b2)		88	5	5	p	střední, husté, orthotropní/mean, dense, orthotropic	11	12	22	II	C
Benzina (b2)		598	11	11	p	malé husté/small, dense	12	12	22	I	A
Nad Horními Misečkami (nhm1)		715	10	10	č	malé husté/small, dense	11	12	22	II	C
Velká Kotelní jáma (vki)	Trutnov I	726	7	7	č	normální/normal	11	12	22	II	B
Jelení důl (jd9)		524	7	7	p	velmi husté, orthotropní/very dense, orthotropic	22	22	22	II	A

1) – Časně raší ve škole v Kojicích, na Benecku je doba rašení střední (vysvětlivky viz tab. 1)/Early bud break in Kojice nursery, mean time of bud break in clone plantation Benecko (explanation see tab. 1)

2) – vyskytuje se i 12 /12 also occurred

## LITERATURA

- BRUCHÁNIK, R. Šľachtiteľský program borovice lesnej pre pahorkatiny stredného Slovenska. Dizertačná práca. Banská Bystrica: s. 113, 2001.
- IVANEK, O. Isoenzyme analysis of Norway spruce in the Ore Mts.. Comm. Inst. For. Boh., 2003, vol. 20, s. 95-99.
- IVANEK, O. Výsledky izoenzymových analýz populací smrku ztepilého na plochách s různými stanovištními podmínkami. Zprávy lesn. výzkumu, 2006, roč. 51, č. 1, s. 32-37.
- IVANEK, O., MARTINCOVÁ, J. Klonové výsadby smrku ztepilého – izoenzymové analýzy z vybraných klonů I. Zprávy lesnického výzkumu, 2005, roč. 50, č. 1, s. 58-60.
- JURÁSEK, A., MARTINCOVÁ, J. Vliv původu a podmínek prostředí na růst klonů smrku ztepilého po výsadbě. Zprávy lesnického výzkumu, 2005, roč. 50, č. 2, s. 69-75.
- KAMENSKÝ, M., LONGAUER, R., TUČEKOVÁ, A., ŠTEFANČÍK, I., JANKOVIČ, J., BEDNÁROVÁ, D., FOFFOVÁ, E., GAJDOŠ, A., IŠTOŇA, J., PACALAJ, M., PAVLEND, P., SARVAŠ, M., SUŠKOVÁ, M., ŠEBEŇ, V. Pestovanie horských lesov na princípe trvalo udržateľného rozvoje. Závěrečná správa ČVTP 2730-02. Zvolen: LVÚ, 2002.
- KONNERT, M., MAURER, W. Isozymic investigation on Norway spruce [*Picea abies* (L.) KARST.] and European silver fir (*Abies alba* MILL.): A practical guide to separation methods and zymogram evaluation Teisendorf: Bayerische Landesanstalt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht, 1995.
- PASTEUR, N., PASTEUR, G., BONHOMME, F., CATALAN, J., BRITTON-DAVIDIAN, J. Practical Isozyme Genetics - Ellis Horwood series in gene technology. New York: Wiley & Sons, 1988.
- PRUS-GLOWACKI, W., GODZIK, S. Genetic structure of *Picea abies* tolerant and sensitive to industrial pollution. *Silvae Genetica*, 1995, vol. 44, s. 62-65.
- SAMEK, V., JANČAŘÍK, V., MICHALEC, M., ČVANČARA, R. Příprava zalesňovacího materiálu pro imisní oblasti (Problematika). Lesnický průvodce, 1990, č. 4, 56 s.
- SCHWARZ, O., VAŠINA, V. Záchrana genofondu geograficky původních druhů lesních dřevin v Krkonoších. Pracovní materiál Správy KRNP, 1997, 12 s.

## CLONAL PLANTATIONS OF NORWAY SPRUCE - ISOZYME ANALYSIS OF SELECTED CLONES II

### SUMMARY

Detailed evaluation of clonal plantations was carried out in framework of genetic study of stresstolerant clonal mixtures of *Picea abies* L.. Isozyme analyses of dormant buds of 30 clones from Norway spruce clonal plantations Benecko and Kojice nursery were performed for offsprings from Malá Kotelní jáma and Černohorská rašelina localities. G-6-PDH, SDH, PGM, AAT, LAP, MDH and 6-PGDH enzyme systems were analyzed by means of one-dimensional horizontal starch gel electrophoresis. Polymorphism of AAT-C, LAP-A, LAP-B, MDH and 6-PGDH loci was found whereas Malá Kotelní jáma offspring was characterized by increased distribution of heterozygous clones for G-6-PDH and AAT-C loci. On the other hand, Černohorská rašelina offspring was characterized by increased heterozygotes for LAP-B locus. Genetic uniformity of 94% of the investigated clones was found out. Further, molecular genetic characteristics of the clones were compared for guidance with growth and phenological characteristics.

Recenzováno

### ADRESA AUTORA/CORRESPONDING AUTHOR:

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