

KATARZYNA MASTERNAK, **JANUSZ SABOR**

## Polimorfizm izoenzymowy świerka pospolitego z wybranych regionów Krutzscha testowanych w doświadczeniu IPTNS-IUFRO 1964/68 w Krynicy\*

Isoenzyme polymorphism in progenies of Norway spruce from selected Krutzsch regions of IPTNS-IUFRO 1964/68 provenance test in Krynica

### ABSTRACT

Masternak K., Sabor J. 2013. Polimorfizm izoenzymowy świerka pospolitego z wybranych regionów Krutzscha testowanych w doświadczeniu IPTNS-IUFRO 1964/68 w Krynicy. Sylwan 157 (1): 47-53.

The genetic variation of Norway spruce provenances from fourteen geographical regions were tested in the IPTNS-IUFRO 1964/68 experiment in Krynica. The genetic structure of seven isozyme systems coded by eleven loci was described. Parameters of genetic polymorphism i.e. the average number of alleles per locus and observed heterozygosity were 1.47 and 0.12, respectively. The spruces from Belarus were characterised by the highest genetic diversity, while the provenances from south-eastern Styria – the lowest. The values of Wright's inbreeding coefficient varied from -0.417 for the Romanian provenances to 0.223 for the provenances from 28<sup>th</sup> Krutzsch regions (Tyrol-Salzburg; Austria).

### KEY WORDS

*Picea abies*, izozymy, genetyczna zmienność

### ADDRESSES

Katarzyna Masternak <sup>(1)</sup> – e-mail: katarzyna105a@interia.pl  
Janusz Sabor <sup>(2)</sup>

<sup>(1)</sup> Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin; Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie; ul. Akademicka 15; 20-950 Lublin

<sup>(2)</sup> Katedra Genetyki, Nasiennictwa i Szkółkarstwa Leśnego; Uniwersytet Rolniczy w Krakowie; Al. 29-Listopada 46; 31-425 Kraków

### Wstęp

Doświadczenie IUFRO 1964/68 jest częścią światowego programu selekcji świerka „Inventory Provenance Test of Norway Spruce” rozpoczętego w 1959 roku przez Otto Langleta i składa się z 20 powierzchni badawczych zlokalizowanych w 13 państwach europejskich oraz w Kanadzie. W Polsce doświadczenie zostało założone przez Stanisława Bałuta w warunkach siedliskowych Beskidu Sądeckiego i obejmuje 1096 pochodzeń z całego zasięgu występowania gatunku [Bałut, Sabor 2001]. Ze względu na region pochodzenia drzewostanu matecznego, analizowane w doświadczeniu potomstwo zostało podzielone na 96 grup regionalnych [Krutzsch 1968]. Prezentowana praca przedstawia wyniki analizy zmienności izoenzymowej potomstwa świerka pospolitego z wybranych regionów Krutzscha testowanego w doświadczeniu IPTNS-IUFRO 1964/68 w Krynicy.

\* Praca finansowana przez MNiSW w ramach projektu N N309 070136. Wyniki badań zaprezentowano w dniach 22-24 czerwca 2010 roku na Międzynarodowej Konferencji Naukowej Treebreedex w Sękocinie Starym.

## Materiały i metody

Badaniami objęto siedem systemów izoenzymowych kodowanych w 11 loci (tab. 1). Rozdział białek na poszczególne frakcje przeprowadzono metodą elektroforezy w 12% żelu skrobiowym [Conkle i in. 1992]. Przy ustalaniu składu chemicznego poszczególnych buforów do wizualizacji i elektroforezy enzymów korzystano z procedur opisanych przez Polak-Berecką [2006], a interpretację otrzymanych zymogramów wykonano za pomocą wzorców opracowanych przez Konnett i Maurera [1995].

Analizie poddano potomstwo świerków reprezentujących 14 regionów geograficznych (tab. 2). Zmienność genetyczną świerka na poziomie regionu określono za pomocą częstości poszczególnych alleli, średniej liczby alleli w locus, heterozygotyczności obserwowanej [Bergman, Gregorius 1979, Winter i in. 2004], efektywnej liczby alleli w locus [Bergman, Gregorius 1979], heterozygotyczności oczekiwanej przy założeniu panmiksji [Nei, Roychoudry 1974], indeksu wsobności Wrighta [1987] oraz współczynnika dystansu genetycznego [Nei 1972]. Określono podobieństwo genetyczne pomiędzy świerkami z analizowanych regionów geograficznych, wykonując dendrogram oparty na grupowaniu metodą średnich połączeń [Sneath, Sokal 1973]. Parametry zmienności genetycznej obliczono za pomocą programu PopGene ver. 1.3 [Yeh i in. 1999]. Molekularną analizę wariancji oszacowano przy wykorzystaniu programu GeneAlex ver. 6,0 [Peakall, Smouse 2006].

## Wyniki

Spośród badanych enzymów największą zmiennością charakteryzowały się locus C transaminazy glutaminowo-szczawiooctanowej (Got-C) oraz locus B fosfoglukomutazy (Pgi-B). Loci Got-A, Got-B, Idh-B, Mdh-A, Mdh-B oraz Shdh-A były monomorficzne (frekwencja najczęstszego allelu była większa od 0,95), a loci Gdh-A, Lap-B oraz Mdh-C semimonomorficzne (frekwencja najczęstszego allelu mieściła się w przedziale 0,95–0,99). W locus Gdh-A zmienność zanotowano jedynie u pochodzeń z północno-wschodniego zasięgu występowania gatunku.

Najwyższym zróżnicowaniem średniej oraz efektywnej liczby alleli w locus charakteryzowały się proveniencje z Białorusi (region 75) oraz z północno-wschodniej Styrii w Austrii (region 32). Wartości wymienionych parametrów wyniosły odpowiednio 1,27-1,73 oraz 1,14-1,24 i były najbardziej podobne do siebie u świerków z regionu 60. (Beskidy), wskazując na najkorzystniejszy rozkład częstości alleli w populacjach pochodzących z tego obszaru (tab. 2). Najniższą wartością heterozygotyczności obserwowanej i oczekiwanej charakteryzowały się świerki z Tyrolu

**Tabela 1.**

Analizowane systemy izoenzymowe  
Analysed isozyme systems

Nazwa enzymu	Skrót nazwy	Numer według E.C.	Liczba analizowanych loci
Dehydrogenaza glutaminowo-szczawiooctanowa	GOT	2.6.1.1	3
Dehydrogenaza glutaminianowa	GDH	1.4.1.2	1
Dehydrogenaza izocytrynianowa	IDH	1.1.1.42	1
Dehydrogenaza jabłczanowa	MDH	1.1.1.37	3
Dehydrogenaza szikimianowa	SHDH	1.1.1.25	1
Aminopeptydaza leucynowa	LAP	3.4.11.1	1
Izomeraza fosfoglukonianowa	PGI	5.3.1.9	1

Tabela 2.

Średnie wartości parametrów zmienności genetycznej populacji świerka zgrupowanych na poziomie 14 regionów geograficznych według Krutzscha [1968]

Mean values of genetic variation in spruce populations grouped in 14 geographical regions by Krutzsch [1968]

Numer regionu	Nazwa regionu	$N_a$	$N_e$	$H_o$	$H_c$	W
28	Tyrol-Salzburg; Austria	1,5455	1,1455	0,0727	0,0936	0,2233
32	Styria (NE); Austria	1,7273	1,2031	0,1200	0,1239	0,0315
33	Styria (SE); Austria	1,3636	1,1790	0,1182	0,1105	-0,0697
58	Góry Bihor, Transylwania; Rumunia	1,2727	1,1850	0,1455	0,1027	-0,4167
59	Karpaty Wschodnie; Rumunia	1,4545	1,1657	0,1018	0,1075	0,0530
60	Beskidy Wschodnie (Tarnawa); Polska	1,2727	1,2059	0,1364	0,1123	-0,2146
63	Beskid Śląski i Żywiecki; Polska	1,4545	1,1657	0,0909	0,1064	0,1457
68	Pojezierze Mazurskie; Polska	1,3636	1,2372	0,1091	0,1327	0,1778
69	Pojezierze Augustowskie, Podlasie; Polska	1,5455	1,1804	0,1136	0,1076	-0,0558
70	Puszcza Białowieska; Polska	1,4545	1,1808	0,1000	0,1132	0,1166
71	Pojezierze Wileńskie, Pojezierze Białoruskie; Litwa, Białoruś	1,5455	1,2162	0,1091	0,1252	0,1286
75	Białoruś	1,7273	1,2316	0,1455	0,1311	-0,1098
76	Wschodnia Rosja (Wzgórza Wałdaj); Rosja	1,4545	1,1939	0,1545	0,1195	-0,2929
78	Wyżyna Środkoworosyjska, Grzęda Smoleńsko-Moskiewska; Rosja	1,3636	1,1507	0,1091	0,0936	-0,1656

Tabela 3.

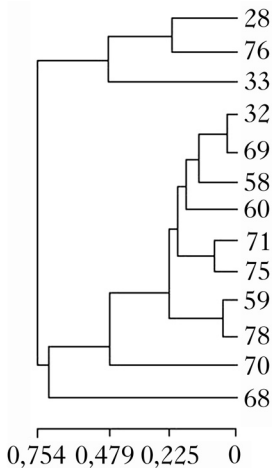
Wariancja molekularna obliczona na podstawie markerów izoenzymowych

Molecular variance based on isozyme markers

Zmienność	Stopnie swobody	Suma kwadratów	Średni kwadrat	Wariancja	%
Międzypopulacyjna	13	25,262	1,943	0,039	3
Wewnątrzpopulacyjna	236	300,330	1,273	1,273	97
Całkowita	249	325,592	-	1,312	100

w Austrii oraz z Wyżyny Środkoworosyjskiej, a najwyższą – proveniencje z regionu wschodniej Rosji oraz Pojezierza Mazurskiego. Najbliżej stanu równowagi Hardy’ego-Weinberga znalazły się pochodzenia z północno-wschodniej Styrii w Austrii, o czym świadczą zbliżone wartości wymienionych parametrów (tab. 2). Wartość indeksu wsobności Wrighta wahała się w granicach od -0,417 dla proveniencji z Gór Bihor w Rumunii do 0,223 w przypadku świerków z regionu 28. (Tyrol-Salzburg, Austria). Dla populacji zlokalizowanych na obszarze siedmiu regionów geograficznych indeks przyjmował wartości dodatnie, co świadczy o nadmiarze homozygot w stosunku do modelowej populacji znajdującej się w stanie równowagi Hardy’ego-Weinberga. W pozostałych regionach przeważały heterozygoty, na co wskazuje ujemna wartość indeksu wsobności Wrighta (tab. 2).

Molekularna analiza wariancji wykazała, że 3% całkowitej zmienności przypada na zróżnicowanie międzypopulacyjne (tab. 3). Średni dystans genetyczny świerka na poziomie 14 regionów Krutzscha był niski i wyniósł 0,007. Dendrogram odzwierciedlający podobieństwo genetyczne badanych proveniencji przedstawiono na rycinie.

**Ryc.**

Podobieństwo genetyczne badanych proveniencji na podstawie dystansu genetycznego według Nei'a [1972]

Genetic similarity of analysed provenances on the basis of genetic distance according to Nei [1972]

Oznaczenia proveniencji jak w tabeli 2

Provenance description as in table 2

**Dyskusja**

Analizowane parametry zmienności genetycznej (średnia liczba alleli w locus i heterozygotyczność obserwowana) obliczone dla świerków z czternastu regionów geograficznych ( $N_a=1,47$ ;  $H_o=0,12$ ) były zbliżone do zmienności drzew z całego zasięgu występowania gatunku określonej przez Langercrantz i Rymana [1992] ( $N_a=1,58$ ;  $H_o=0,11$ ), natomiast wyraźnie niższe od wartości parametrów otrzymanych przez Bergmana i Gregoriosa [1979] ( $N_a=2,14-3,14$ ;  $H_o=0,36-0,45$ ). Na poziomie poszczególnych regionów geograficznych polimorfizm genetyczny świerka z Beskidu Śląskiego i Żywieckiego ( $N_a=1,45$ ;  $H_o=0,12$ ), Rumunii ( $N_a=1,70$ ;  $H_o=0,14$ ) oraz Pojezierza Mazurskiego i Puszczy Białowieskiej był zbliżony do otrzymanego w dotychczasowych badaniach innych autorów [Kempf i in. 2007; Masternak i in. 2011] dla proveniencji z wymienionych obszarów. Niższą od opisanej w literaturze zmienność genetyczną stwierdzono dla świerków z 60. regionu Krutzscha [Polak-Berecka, Perchlicka 2007] oraz dla proveniencji z Austrii [Breitenbach-Dorfer 1996]. Obniżoną zmienność genetyczną zanotowano również dla świerków z regionów 71., 75., 76. i 78. Parametry efektywnej liczby alleli w locus oraz heterozygotyczności oczekiwanej osiągnęły odpowiednio  $N_e=1,23$  i  $H_e=0,13$  dla proveniencji z Białorusi oraz  $N_e=1,17$  i  $H_e=0,12$  dla pochodzeń z Rosji. Z kolei w badaniach prowadzonych przez Krutovskiego i Bergmanna [1993] dla populacji z Białorusi efektywna liczba alleli wyniosła 1,34, a heterozygotyczność oczekiwana osiągnęła wartość 0,255. Pochodzenia z Rosji osiągnęły wartości wymienionych parametrów wynoszące odpowiednio 0,261 i 0,063. Analiza zmienności genetycznej populacji karpaccich i alpejskich wskazała na obniżoną zmienność genetyczną świerków pochodzących z tych obszarów. Podczas gdy opisana dotychczas w literaturze heterozygotyczność obserwowana drzewostanów z Karpat i Alp wyniosła od 0,133 do 0,165 [Breitenbach-Dorfer 1996; Longauer i in. 2004; Prus-Głowacki i in. 2007; Korshikov i in. 2008], w analizowanej pracy parametr przyjął wartość 0,11 dla proveniencji karpaccich oraz 0,10 dla alpejskich.

Analiza wariancji molekularnej AMOVA wskazała, że 97% zmienności zlokalizowane jest wewnątrz analizowanych proveniencji świerka. Potwierdzają to wcześniejsze badania przeprowadzone dla gatunków iglastych, w których ustalono, że 90% zmienności przypada na różnice wewnątrzpopulacyjne [Ledig 1986]. Średni współczynnik dystansu genetycznego otrzymany na podstawie analiz izoenzymowych świerka pospolitego z poszczególnych regionów Krutzscha [1968] wyniósł 0,007 i był kilkakrotnie niższy od wartości parametru otrzymanego dla populacji

ze Szwecji (0,084), Białorusi (0,081), Rosji (0,073), Ukrainy (0,077) [Krutovski, Bergmann 1995] oraz od wartości współczynnika oszacowanego dla proveniencji z całego zasięgu występowania gatunku (0,007) [Langercrantz, Ryman 1990]. Wielkość tego parametru była porównywalna z wartościami uzyskanymi dla populacji ze Słowacji (0,016) [Paule i in. 1990] oraz Hiszpanii (0,019) [Giannini i in. 1991].

W przeciwieństwie do wyników Modrzyńskiego i Prusa-Głowackiego [1998] nie wykazano odrębności struktury genetycznej populacji świerka z północno-wschodniej Europy od pochodzeń z południowego zasięgu występowania gatunku. Na istnienie odmiennych refugium wskazuje natomiast rozkład częstości alleli w locus A dehydrogenazy glutaminianowej (Gdh-A). Podczas gdy frekwencja najczęstszego allelu dla pochodzeń północno-wschodnich wyniosła 0,87, w przypadku populacji z południowego zasięgu występowania gatunku parametr osiągnął wartość 0,98. Na podobne rezultaty wskazują prace Gömöry'ego [1992], Lewandowskiego i Burczyka [2002] oraz Krutovskiego i Bergmana [1995], z których wynika, że locus A dehydrogenazy glutaminianowej charakteryzuje wysoki polimorfizm w północno-wschodniej części Europy.

## Wnioski

- ✦ Uzyskane wyniki pozwoliły na określenie zmienności genetycznej świerka pospolitego wybranych pochodzeń oświadczenia IPTNS-IUFRO w Krynicy reprezentujących 14 regionów występowania gatunku. Najwyższym polimorfizmem genetycznym, określonym na podstawie parametrów średniej i efektywnej liczby alleli w locus oraz heterozygotyczności obserwowanej i oczekiwanej, cechowało się potomstwo świerków z Białorusi (region 75). Pozostałe proveniencje nie wykazywały istotnych różnic pod względem wartości wymienionych parametrów.
- ✦ Zmienność międzypopulacyjna stanowiła 3% całkowitej zmienności genetycznej. Najwyższe różnice pomiędzy badanymi proveniencjami świerka zanotowano w locus Got-C i Pgi-B.
- ✦ Rozkład częstości alleli w locus A dehydrogenazy glutaminianowej (Gdh-A) wyraźnie podzielił badane proveniencje świerka na dwie grupy: północno- oraz południowoeuropejską. Analiza pozostałych loci izoenzymowych oraz niska wartość dystansu genetycznego wskazała na wysokie podobieństwo w strukturze genetycznej analizowanych proveniencji świerka.

## Literatura

- Bałat S., Sabor J. 2001. Inventory provenance test of Norway Spruce (*Picea abies* (L.) Karst.) IPTNS-IUFRO 1964/68 in Krynica. Part I. Description of the experimental area. Test material.
- Bergman F., Gregorius H. R. 1979. Comparison of the genetic diversities of various poplutions of Norway spruce (*Picea abies*). Proceedings of the Conference on Biochemical Genetics of Forest Trees, red. Rudin. Umea. 99-107.
- Breitenbach-Dorfer M. 1996. Genetisch Analyse von Fichten- und Tannenpopulationen aus dem Achenal im Nordtiroler Kalkalpin. FBVA-Berichte 94: 101-110.
- Conkle M. T., Paul D. H., Nunnely L. B., Hunter S. C. 1982. Starch Gel Electrophoresis of Conifer Seeds: A laboratory manual. Pacific Southwest Forest and Range Experiment Station.
- Giannini R., Morgante M., Vendramin G. G. 1991. Allozyme variation in Italian populations of *Picea abies* (L.) Karst. *Silvae Genetica* 40: 160-166.
- Gömöry D. 1992. Effect of stand origin on the genetic diversity of Norway spruce (*Picea abies* Karst.) populations. *Forest Ecology and Management* 54: 215-223.
- Kempf M., Faber A., Sabor J. 2007. Isoenzymatic and DANN polymorphism in progenies of spruce stands from some Krutzsch regions of IUFRO 1964/68 provenance test in Krynica. Proceedings of the IUFRO conference Norway spruce in the conservation of forest ecosystems in Europe. Warszawa.
- Konnert M., Maurer W. 1995. Isozymic Investigations on Norway Spruce [*Picea abies* (L.) Karst.] and European Silver Fir (*Abies alba* Mill.). A practical guide to seperation methods and zymogram evaluation. From the German Federal – State working Group „Conservation of Forest Resources”.
- Korshikov I. I., Privalikhin S. N., Makogon I. V., Lisnichuk A. N. 2008. Features of the Population and Genetic Structure of Norway Spruce (*Picea abies* (L.) Karst) from the Ukrainian Carpathian Mountains and Polesie. *Cytology and Genetics* 42 (6): 378-383.

- Krutovski I., Bergman F. 1993. Introgressive hybridization and phylogenetic relationship between Norway, *Picea abies* (L.) Karst., and Siberian, *P. obovata* Ledeb., spruce species studied by isozyme loci. *Heredity* 74 (5): 464-480.
- Krutzsch P. 1968. Pflanzschilenergebnisse eines inventirenden Fichtenherunftsversuche (*Picea abies* Karst. und *Picea obovata* Ledeb.). Forestgenetischen Institut Königliche Hochschule Stockholm.
- Langercrantz U., Ryman N. 1990. Genetic structure of Norway spruce (*Picea abies*): concordance of morphological and allozymic variation. *Evolution* 44: 38-53.
- Ledig F. T. 1986. Heterosigosity, heterosis and fitness in outbreeding plants. W: Soule M. E. [red.]. *Conservation biology: the science, searchity and diversity*. 77-104.
- Lewandowski A., Burezyk 2002. Allozyme variation of *Picea abies* in Poland. *Skandinavian Jurnal of Forest Research* 17: 487-494.
- Longauer R., Gömöry D., Paule L., Blada I., Popescu F., Mankovska B., Müller-Starck G., Schubert R., Percy K., Szaro R. C., Karnosky D. F. 2004. Genetic effects of air pollution on forest tree species of the Carpathian Mountains. *Environmental Pollution* 130: 85-92.
- Masternak K., Zielińska M., Sabor J. 2011. Polimorfizm izoenzymów i wzrost wybranych pochodzeń świerka pospolitego [*Picea abies* (L.) Karst.] doświadczenia IPTNS-IUFRO 1964/68 w Krynicy. *Leśne Prace Badawcze* 72 (1): 65-75.
- Modrzyński J., Prus-Głowacki W. 1998. Isoenzymatic variability in some of the Polish populations of Norway Spruce (*Picea abies*) in the IUFRO 1972 provenance trial. *Acta Soc. Bot. Pol.* 67: 75-82.
- Nei M. 1972. Genetic distance between populations. *Am. Nat.* 106: 283-292.
- Nei M., Roychoudry A. K. 1974. Sampling variances of heterozygosity and genetic distance. *Genetics* 76: 379-390.
- Paule L., Szmidt A. E., Yazdani R. 1990. Isozyme polymorphism of Norway spruce (*Picea abies* Karst.) in Slovakia. I. Genetic structure of adjacent populations. *Acta Facultatis Zvolen* 32: 57-70.
- Peakall R., Smouse P. E. 2006. GenAlex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teching and research. *Molecular Ecology Notes* 6: 288-295.
- Polak-Berecka M. 2006. Genetyka populacyjna drzew leśnych. Przewodnik do ćwiczeń z genetyki molekularnej. Wydawnictwo Akademii Rolniczej w Krakowie.
- Polak-Berecka M., Perchlicka I. 2007. Polimorfizm izoenzymowy i zmienność genetyczna wybranych pochodzeń cząstkowych świerka rasy istebniańskiej. *Sylvan* 151 (10): 47-53.
- Prus-Głowacki W., Bielewicz A., Modrzyński A. 2007. Struktura genetyczna populacji świerka (*Picea abies*) z dolnego i górnego regla Karpat i Sudetów. *Zeszyty Naukowe Akademii Rolniczej im. H. Kołłątaja w Krakowie* 439: 43-55.
- Sneath P. H. A., Sokal R. R. 1973. *Numerical Taxonomy*. W. H. Freeman, San Francisco. 230-234.
- Winter P. C., Hickey G. I., Fletcher H. L. 2004. *Genetyka. Krótkie wykłady*. Wydawnictwo Naukowe PWN. Warszawa. 141-301.
- Wright S. 1987. *Variability within and among natural populations*. Univ. of Chicago Press. Chicago.
- Yeh F. C., Yang R., Boyle T. 1999. Poptgene version 1.31. Microsoft Windows-based for population genetic analysis.

## SUMMARY

### Isoenzyme polymorphism in progenies of Norway spruce from selected Krutzsch regions of IPTNS-IUFRO 1964/68 provenance test in Krynica

The IUFRO 1964/68 experiment is part of the global spruce selection programme 'Inventory Provenance Test of Norway Spruce' and includes 20 experimental sites located in thirteen European countries and Canada. Each of the established comparative sites contains 1096 provenances of Norway spruce from across the natural range of the species. Due to the region of origin of mother stands, the progeny tested in the experiment was divided into 96 regional groups [Krutzsch 1968]. The presented study shows the results of the analysis of the genetic variation in the progeny of Norway spruce from fourteen selected Krutzsch regions tested in the IPTNS-IUFRO 1964/68 experiment in Krynica.

Seven isozyme systems coded by eleven loci were analysed (tab. 1). The electrophoresis on the 12% starch gel was used for separating proteins in individual fractions [Conkle et al. 1992]. The procedures described by Polak-Berecka [2006] were used to determine the chemical composition of each buffer for the visualization and electrophoresis of enzymes, while the

genetic interpretation of the obtained zymograms was performed using the formulas developed by Konnert and Maurer [1995].

The parameters of genetic polymorphism i.e. the average number of alleles per locus and observed heterozygosity were 1.47 and 0.12, respectively. The spruce provenances from Belarus exhibited the highest genetic variability, while the provenances from south-eastern Styria – the lowest. Wright's coefficient of inbreeding ranged from  $-0.417$  for the Romanian provenances to  $0.223$  for the provenances from 28<sup>th</sup> Krutzsch region (Tyrol, Salzburg, Austria).

At the level of individual geographical regions, the genetic polymorphism of spruce from the Silesian and Żywiec Beskidy Mountains ( $N_a=1.45$ ;  $H_o=0.12$ ), Romania ( $N_a=1.70$ ;  $H_o=0.14$ ), Mazury and Białowieża Primeval Forest was similar to that obtained in the previous studies by other authors [Kempf et al. 2007, Masternak et al. 2011] for the provenances from these regions. Lower genetic variation than that described in the literature were found for the provenances from 60<sup>th</sup> Krutzsch region [Pole-Berecka, Perchlicka 2007] and Austria [Breitenbach-Dorfer 1996]. A reduced genetic variation was also observed for the spruce from the 71<sup>st</sup>, 75<sup>th</sup>, 76<sup>th</sup> and 78<sup>th</sup> regions. The parameters of the effective number of alleles per locus and expected heterozygosity were  $N_e=1.23$  and  $H_e=0.13$  for the provenances from Belarus and  $N_a=1.17$  and  $H_e=0.12$  for the provenances from Russia. The studies on the population from Belarus conducted by Krutovski and Bergmann [1993] demonstrated that the effective number of alleles was 1.340 and the expected heretozygosity was 0.255. The same parameters for the provenances from Russia reached the values 0.261 and 0.063, respectively. The analysis of molecular variance AMOVA indicated that 97% of the variation was within the analyzed spruce provenances. This was confirmed by previous studies on coniferous species in which 90% of the variation was attributable to intrapopulation differences [Ledig 1986].