

**KONTROLA MORFOLOŠKE IDENTIFIKACIJE KLONOVA IZ  
SJEMENSKE PLANTAŽE BIJELOG BORA "KOZIJI GRM"  
POMOĆU IZOENZIMSKIH MARKERA<sup>1</sup>**

**The control of morphologic identification of the clones from the seed orchard of  
scots pine "Koziji grm" by using the isoenzyme markers**

Dalibor Ballian, Šumarski fakultet Sarajevo  
Gregor Božič, Gozdarski inštitut Slovenije

**Abstract**

The paper illustrates the possibility of molecular analysis and identification of the clone material from the seed orchard Kozji Grm near Tarčin. It is at the same time the comparative assessment with the previously done morphologic analysis of the seeds.

Within this study, there were nine enzyme systems with a total of 12 gene loci, i. e. 52 allele registered in the clone seed orchard, that have been investigated at the molecular level.

The molecular method of identification of the clones in this case proved its simplicity and reliability, as opposed to morphologic indicators, and as such it should find its place in the process of establishing clone seed orchard in the future.

By applying the molecular method, and morphologic identification as well, we found many more genotypes than anticipated by the project at the clone seed orchard plantation of scots pine at Kozji Grm. These results point at certain mistakes that were done during the process of raising the seed orchard that could not be identified earlier.

*Key words:* clone, seed orchard, isoenzyme, identification

**Uvod**

Klonske sjemenske plantaže podižu se obično od fenotipski najboljih stabala (tzv. plus stabala), koja su po nekim svojim svojstvima superiorna u odnosu na druga stabla u populaciji. S obzirom da se u sjemenskoj plantaži podiže od klonova, cijelo potomstvo (ramete) jednog zajedničkog pretka u ovom slučaju plus stabla (ortete), naziva se klonom i ima potpuno identičnu genetičku strukturu (V i d a k o v i ć i K r s t i n i ć, 1985; T u c o v i ć, 1990; S i l v e r t o w n i D o u s t, 1995).

Ovo saznanje nam omogućavaju da možemo na osnovu morfoloških svojstava izvršiti identifikaciju klonova, jer stabla jednog klona imaju isti genotip, te je i

---

<sup>1</sup> Rad prezentiran na II simpoziju poljoprivrede, veterinarstva, šumarstva i biotehnologije sa međunarodnim učešćem Strategija razvoja domaće proizvodnje, 28 - 30 septembar/rujan 2004 Bihać

ekspresija njihovih gena na morfološkoj razini ista. Na osnovu ovih saznanja M a m e l e d ž i j a (2002) je pokušao da riješi problem identifikacije klonova i njihovog rasporeda u sjemenskoj plantaži morfološkom analizom sjemenki. Ovo je bio vrlo dobar pokušaj, ako se poznaje sustav oplodnje kod četinjača, te da na sva morfološka svojstva izravno utječe samo majčinsko stablo. Tako je on pošao od pretpostavke da sve biljke jednog klona imaju uvijek ista morfološka svojstva, te se ovaj put zanemario utjecaj okoliša, koji inače igra vrlo važnu ulogu, jer je poznato da svaki fenotip predstavlja interakciju genotipa i okoliša. Također se zanemarilo pojavljivanje bilo kakvih somatskih mutacija koje bi mogle da utječu na promjene u genetičkoj strukturi, a one bi se i registrirane na morfološkoj razini.

Važan preduvjet za potpunu identifikaciju bio je da sva stabla rađaju sjemenom, ali se taj uvjet nije mogao osigurati, jer dio stabala (33%) uopće ne plodonosi, te je to bilo posebno pitanje za sebe.

Također je promatranjem rameta na terenu ustanovljeno da postoji prorastanje podloga, što veoma otežava poslove na identifikaciji. U tom slučaju pojavljuju se grupe jedinki koje svojim genotipom značajno odstupaju od standardnih genotipova a koji bi trebali da su zastupljeni kod klonskog materijala u sjemenskoj plantaži. Izlaz iz takve situacije je najjednostavniji u identifikaciji klonova jednom od biokemijskih metoda.

Jedna od metoda je i analiza izoenzima, a predstavlja osnovni biokemijski postupak preko koga se mogu utvrditi razlike između pojedinih klonova sa velikom sigurnošću. Inače na toj osnovi moguća je i potpuna kontrola podrijetla sjemena iz sjemenske plantaže (B a l l i a n, 2003).

Ovdje se neće ulaziti u detalje tehničke prirode, odnosno samog rada u laboratoriji, nego ćemo prezentirati već gotove rezultate i kroz diskusiju usporedit ih sa rezultatima morfološke identifikacije klonova na razini sjemenki.

### **Sjemenska plantaža "Koziji grm"**

Klonska sjemenska plantaža bijelog bora "Koziji grm" smještena je u neposrednoj blizini Tarčina, oko 25 km zapadno od Sarajeva, na području kojim gazduje JKP Sarajevo šume, Šumarija Hadžići. Plantaža je podignuta od 40 klonova iz pet različitih područja u Bosni i Hercegovini (Gornji Janj 10 klonova, Klekovača 7 klonova, Kaljina Bioštica 16 klonova, Romanija Glasinac 6 klonova, Igman 1 klon). Svaki od 40 klonova je zastupljen sa 25 biljaka (orteta), te je prilikom podizanja sjemenske plantaže bilo ukupno 1000 biljaka.

Uvidom u klimatske podatke za najbližu meteorološku postaju ( S t e f a n o v i ć i sur. 1983) može se zaključiti da su uvjeti za povoljno cvjetanje, oprašivanje i dozrijevanje sjemena vrlo dobri za bijeli bor, a uz primjenu odgovarajućih agrotehničkih mjera prinos sjemena se mogao i povećati.

Tablica 1. Najvažniji podaci o sjemenskoj plantaži	
Table 1. Elementar data about seed orchard	
Gospodarska jedinica	Mehina luka, odjel 60
Lokalni naziv	Koziji grm
Nadmorska visina	800-817 m
Ekspozicija	jugoistok-jug-jugozapad
Nagib terena	5°
Matični supstrat	kristalasti škriljci – kvarcni pješčar
Vrsta tla	distrično smeđe
Tip tla	distrični kambisol
Dubina tla	srednjeduboko
Najbliža meteorološka postaja:	<b>Ivan sedlo</b>
Srednja godišnja temperatura	8,5 °C
Srednja godišnja temperatura za IV-IX mj.	14,6 °C
Trajanje vegetacije	171 dana
Godišnje kolebanje temperature	59 °C
Apsolutna maksimalna temperatura	33 °C
Apsolutna minimalna temperatura	-26 °C
Godišnja količina padalina	1173 mm
Količina padalina za IV-IX mjesec	535 mm
Relativna vlažnost zraka za IV-IX mjesec	74 %

Problemi sa klonskim materijalom nastaju tijekom cijepjenja u rasadniku Pržine kod Bosanskog Grahova. Cijepljenje nije u potpunosti uspjelo jer je došlo do prorastanja podloga, a istodobno je došlo i do miješanja klonskog materijala nepoznatih genotipova. Na osnovu toga, stanje koje je prikazano na karti sa rasporedom klonova u plantaži nije odgovaralo stvarnom stanju na terenu. Pokušala se odmah izvršiti identifikacija ali nije dala zadovoljavajući rezultat te je takvo stanje ostalo do danas. Inače, tim prvim identifikacijama se došlo do saznanja da u plantaži možda egzistira više genotipova nego što je planirano, a planirano je 40, međutim to se tada nije moglo u potpunosti potvrditi. Djelomično se problem identificiranja klonova pokušao riješiti kroz rad M a m e l e d ž i j e (2002) ali samo djelomično, na osnovu morfologije sjemena i djelomičnih opažanja na terenu.

Tijekom posljednjeg rata klonska sjemenska plantaža je djelomično stradala od lokalnog stanovništva kada je iskrčen jedan dio klonova. U međuvremenu je došlo i do odbacivanja plemki zbog prisutne inkompatibilnosti između podloga i plemki, kao i djelomičnog sušenja klonova zbog napada borovih potkornjaka. Tako je od prvobitnih 1000 biljaka u klonskoj sjemenskoj plantaži bijelog bora bilo na životu 697 sa danom sabiranja uzoraka u ožujku 2003. godine.

## Materijal i metoda rada

Tijekom ožujka 2003. godine, prije kretanja vegetacije, u sjemenskoj plantaži sabrane su grančice sa dormantnim pupovima koje su poslužile za izoenzimske analize. Sabrano je ukupno 697 grančica sa dormantnim pupovima, koje su obilježene brojem reda (rimski brojevi) i brojem biljke u redu (arapski brojevi) te upakirane u PVC kesice.

Istraživalo se 9 enzimskih sustava s ukupno 12 gen lokusa, odnosno 52 alela koja su registrirana u klonskoj sjemenskoj plantaži. Postupci maceracije, pripreve gela, elektroforeze i bojenja gela bili su prilagođeni primijenjenim enzimskim sustavima prema Hertel u (1997) za bijeli bor (tablica 2).

Tablica 2. Istraživani enzimski sustavi  
Table 2. Investigation Enzyme Systems

Enzimski sustavi The Enzyme Systems	E.C. broj E.C. Referential number	Genlokus Gene	Broj nadenih alela The number of the allele	Proteinska struktura/ Protein structure
Phosphoglucomutase	2.7.5.1	Pgm – A	3	monomer
Isocitrat dehidrogenase	1.1.1.42	Idh – A	1	dimer
Shikimic acid dehidrogenase	1.1.1.25	Sdh – A1	8	monomer
		Sdh – B1	3	monomer
Leucin amino peptidase	3.4.11.1	Lap – B1	5	monomer
Fluorescent esterase	3.1.1.X	Fest	9	?
Glutamat oxalacetat transminase	2.6.1.1	Got – A1	3	dimer
		Got – B1	4	dimer
		Got – C1	3	dimer
6-phosphoglucomatedehydrogenase	1.1.1.44	6-Pgdh - B	6	dimer
Malatdehydrogenase	1.1.1.37	Mdh – A1	2	dimer
		Mdh – C1	5	dimer

Poslije bojenja provodi se analiza zimograma, identificiraju se aleli za svaki gen lokus (Hertel, 1997; Cheliak i Pitel, 1984; Wendeli Weeden, 1989; Konner t, 1992,1995,1999), provodi se fotografiranje i analiza zimograma. Za

identifikaciju rabi se ustaljena nomenklatura, tako da brojke 11, 22, 33, 44, 55, 66 označavaju homozigote, a brojke 12, 13, 14, 23, 24, 34, 15, 25 itd. označavaju heterozigote.

Analiza dobivenih rezultata obavljena je u računalnom programu Microsoft office – potprogram Excel, kada su podaci o genotipovima grupirani i uspoređivani, uz korištenje filtera u potprogramu Excel, te nije trebalo vršiti analizu dobivenih rezultata prema G r e g o r i u s i sur.(1984).

### **Rezultati istraživanja i diskusija**

Kao osnova za identifikaciju klonova, njihovu analizu i uspoređivanje dobivenih rezultata iskorišten je rad M a m e l e d ž i j e (2002). Početna identifikacija klonova je izvršena na osnovu njegovih rezultata i njegove identifikacijske karte sa rasporedom klonova u sjemenskoj plantaži koja odstupa od prvobitne.

Prvi preliminarni rezultati molekularnih identifikacija i analiza su pokazali da je ranija identifikacija na morfološkoj razini bila uspješna samo u 56% slučajeva, što je ipak zadovoljavajući rezultat s obzirom na metodologiju i stanje u kome se nalazi sjemenska plantaža. Daljnja molekularna analiza je bila usmjerena ka identifikaciji ostalih jedinki, ali je bila jako otežana i komplicirana jer nismo znali genotipove majčinskih stabla (ortete), što nam je otežalo identifikaciju. Zbog toga smo za sada u mogućnosti samo da identificiramo klonove, ali ne i njihovo podrijetlo.

Nepoznavanjem majčinskih stabala odlučili smo se iz mase genotipova izdvojiti samo one koji se ponavljaju, te ih je jednostavno grupirati kao klonove. Na taj način smo izdvojili 40 klonova a koji su prikazani u tablici 3. Najlakše su izdvojeni klonovi 13, 26 i 38, čiji se genotipovi se ponavljaju 14 i 15 puta. Najteže je bilo identificirati klon 21 sa dva ponavljanja, te klon 40 sa četiri ponavljanja. Na osnovu sprovedenih analiza i dobivenih rezultata vrlo brzo se došlo do zaključka da u plantaži egzistira daleko više genotipova nego što je bilo planirano, a po planu plantaža treba da ima 40 genotipova. Taj dobiveni rezultat nas upućuje na slijedeće pretpostavke: da je kod cijepjenja korišteno više genotipova nego što je planirano, da je došlo do miješanja plemki sa nekim nepoznatim plemkama, odnosno da je došlo do prorastanja podloga tijekom razvoja cijepljenih biljaka. Problem prorastanja podloga je vrlo vjerojatan u plantaži sa oko 30% biljaka ne rađa sjemenom jer su fiziološki i stadijski mlade. Na ovo ukazuju i svojim fenotipom jer se razlikuju od tipičnog klonskog materijala, prije svega tipom grana i bojom iglica. Također, ako se detaljnije analiziraju rezultati molekularne analize, može se primijeti da se te sterilne biljke grupiraju i vrlo vjerojatno predstavljaju određene rase, odnosno polusrodnike (korištena su plus stabla iz tri populacije, njihovi polusrodnici, i plemke – rase).

Interesantan je podatak da se dva stabla nisu mogla svrstati ni u jednu od dobivenih grupa ili klonova. Njihovi genotipovi u potpunosti predstavljaju nepoznate populacije, pa se može reći da su oni pravi uljezi u genofondu ove plantaže. Njihovi

genotipovi se ne bi mogli srodnički pridodati ni jednoj od rasa koje su zastupljene u vjerojatno proraslim biljkama.

I pored relativne uspješnosti morfološke identifikacije u 12% slučajeva identifikacija nije bila uspješna. Razlog je zbog modifikacija koje nastaju na klonskom materijalu zbog nehomogenosti uvjeta sredine gdje je plantaža podignuta i njene veličine (6 ha), te morfološka identifikacija nije mogla da se uspješno provede. Morfološkim metodom se dobio rezultat da je samo kod 56 stabala došlo do zamjene materijala, a kod molekularne metode čak u 47% slučajeva ili kod 300 stabala. Ovaj rezultat nam pokazuje da je morfološka metoda identifikacije uspješna samo kod klonskog materijala koji raste na malom prostoru, dok je u pitanju veći prostor gdje se javlja serija različitih mikro uvjeta sredine kao što je slučaj sa ovom sjemenskom plantažom, identifikacija je relativno otežana. Ipak, da su sve zastupljene jedinice iz plantaže fertile, možda bi se na morfološkoj razini mogao očekivati i daleko bolji rezultat nego što je dobiven u istraživanju M a m e l e d ž i j e (2002). Zato su molekularne analize u velikoj prednosti jer potpuno možemo zanemariti utjecaj okoliša, kao i problem fertiliteta. U ovakvim slučajevima kao što je sjemenska plantaža bijelog bora u Tarčinu, nastale pogreške mogu se molekularnom analizom vrlo uspješno identificirati i riješiti.

### **Zaključak**

Morfološke analize mogu se pokazati uspješnim samo ako je u potpunosti poštovana procedura kod proizvodnje klonskog materijala za podizanje sjemenskih plantaža, te nema suvišnih genotipova.

Morfološke metode su prihvatljive samo kod malih klonskih sjemenskih plantaža, sa manjim brojem klonova, do 20 klonova i do 1 ha površine gdje su utjecaji okoliša minimalni.

Molekularne metode identifikacije klonova u ovom slučaju su pokazale svoju jednostavnost i pouzdanost, pa bi trebale da nađu svoje mjesto i kod poslova na samom podizanju klonskih sjemenskih plantaža.

U klonskoj sjemenskoj plantaži bijelog bora "Koziji grm" nađeno je mnogo više genotipova nego što je predviđeno projektom, a što ukazuje na određene greške koje su počinjene svjesno ili nesvjesno tijekom podizanja klonske sjemenske plantaže.

Tablica 3. Identificirani klonovi sa pripadajućim genotipovima  
Table 3. Identification klon with genotype

KLON	Genokus/ Gene loci											
	Fluorescent esterase FEST	Leucin amino peptidase LAPB	Phosphoglucumtase PGMA	Glutamat oxalacetat transminase GOTA	Glutamat oxalacetat transminase GOTB	Glutamat oxalacetat transminase GOTC	6-phosphoglucumate- dehydrogenase P6	Shikimic acid dehidrogenase SDHA	Shikimic acid dehidrogenase SDHB	Malaldehidrogenase MDHA	Malaldehidrogenase MDHC	Isoctirat dehidrogenase IDHA
1	3	23	33	33	35	24	55	44	22	33	33	22
2	1	34	33	33	55	24	44	44	22	33	35	22
3	1	33	33	33	45	24	33	44	22	33	35	22
4	3	33	33	13	45	24	22	44	22	33	35	22
5	3	33	33	13	33	44	33	66	22	33	15	22
6	4	33	33	11	55	22	22	44	22	33	33	22
7	1	13	33	33	45	44	35	46	22	33	23	22
8	3	33	33	13	55	24	24	44	22	33	55	22
9	3	33	33	33	45	44	33	44	22	33	33	22
10	3	33	23	33	35	44	33	44	22	33	33	22
11	1	33	33	11	55	24	35	44	22	33	35	22
12	1	13	33	33	33	24	33	46	22	33	15	22
13	2	33	33	33	33	55	44	33	44	22	13	33
14	1	33	34	33	55	22	55	44	12	33	35	22
15	3	33	33	33	55	24	33	44	22	33	33	22
16	22	35	23	33	35	24	22	46	22	13	33	22
17	2	33	33	13	45	24	55	44	22	13	33	22
18	3	33	23	13	35	44	37	24	22	33	35	22
19	4	23	33	33	44	44	55	44	22	33	35	22
20	1	33	33	33	55	44	24	46	22	33	35	22
21	3	33	33	33	45	44	33	44	22	33	33	22
22	22	33	33	33	55	44	22	24	22	33	33	22
23	4	34	33	11	23	44	33	44	22	33	33	22
24	3	33	33	33	33	44	33	68	22	33	35	22
25	4	33	33	11	35	24	33	44	12	13	33	22
26	4	33	33	11	45	44	55	44	22	33	35	22
27	3	33	33	33	35	24	35	44	22	33	33	22
28	3	33	24	33	45	44	33	44	22	33	33	22
29	1	33	33	13	45	24	34	44	22	33	33	22
30	1	33	33	13	35	44	35	46	22	33	33	22
31	3	33	23	13	55	44	33	46	22	33	33	22
32	4	33	33	33	55	24	33	46	22	33	33	22
33	1	33	33	33	33	44	36	44	22	33	35	22
34	3	34	33	13	33	22	33	44	22	33	33	22
35	3	33	33	22	45	24	33	47	22	33	35	22
36	7	33	33	23	35	22	33	44	22	33	33	22
37	4	33	33	12	35	24	55	44	22	33	35	22
38	3	33	33	12	35	44	33	44	12	33	33	22
39	1	34	33	22	55	24	35	44	22	33	35	22
40	2	33	33	22	25	24	33	46	24	33	33	22

## Prijedlog za daljnje aktivnosti

Da bi se izbjegle sve moguće nedoumice oko podrijetla klonova i našao izlaz iz situacije kad se klonovi izmiješaju, najbolje moguće rješenje je u molekularnoj analizi i identifikaciji klonskog sadnog materijala, kao i predanalizi pri podizanju modernih klonskih sjemenskih plantaža.

Sjemenske plantaže omogućavaju vrlo jednostavnu kontrolu proizvodnje sjemena. Molekularna identifikacija sjemena i sadnog materijala koji potječe iz tog takvog sjemenskog objekta je olakšana i uspješna jer je već poznata genetička struktura klonskog materijala, te iz toga slijedi da je i proizvedeno sjeme i sadni materijala poznate genetičke konstitucije. Sami poslovi identifikacije u ovom slučaju daleko su jednostavniji nego kad su u pitanju prirodne sjemenske sastojine, gdje se genetička struktura može mijenjati iz godine u godinu.

Ipak i tu bi postojale određene opasnosti, a to je mogućnost hibridiziranja sa bijelim borom iz prirodnih populacija i podignutih kultura, ali to se svodi na najmanju moguću mjeru, pravilnim izborom mjesta za sjemensku plantažu. .

## Zahvala

*Za realizaciju molekularnih istraživanja, koja su provedena na bijelom boru veliku zahvalnost dugujem dr. Moniki Konnert i ravnatelju Šumarskog instituta u Teisndorfu dr. Albrecht Bem.*

## Literatura

1. Ballian, D. (2003): Kontrola podrijetla sjemena i sadnog materijala pomoću izoenzimskih markera, Zbornik radova seminara: Stanje i perspektive proizvodnje sadnog materijala u rasadnicima Federacije Bosne i Hercegovine, Šumarski fakultet, Sarajevo, 18.12.2003.
2. Cheliak, W. M., Pitel, J. A., 1984: Techniques for starch gel electrophoresis of enzymes from forest tree species. Petawawa National Forestry Institute, Canada, 1-49.
3. Gregorius.H.R., Hattemer, H.H., Bergmann, F. 1984: Über Erreichtes und kaum Erreichbares bei der "Identifikation" forstlichen Vermehrungsguts; Bericht des Instituts für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung der Georg-August-Universität Göttingen.
4. Hertel, H. 1997: Biochemisch-genetische Untersuchungen bei Kifer (*Pinus sylvestris* L.) – Anleitung zur Trennmethodik und Auswertung der Zymogramme. Mitteilungen der Bundesforschungsanstalt für Forst – und Holzwirtschaft Hamburg, Nr. 186.



5. Konnert, M., 1992: Genetic studies in damaged silver fir (*Abies alba*) stands in southwest Germany. Freiburg, Germany Mitteilungen der forstlichen Versuch und forschungsanstalt Baden Wurttemberg, 167: str. 119 .
6. Konnert, M., 1995: Isoenzymuntersuchungen bei Fichte (*Picea abies* (L.) Karst.) und Weißtanne (*Abies alba* Mill.) – Anleitung zur Trennmethodik und Auswertung der Zymogramme, Teisendorf.
7. Konnert, M. 1999: Herkunftsüberprüfung mit biochemisch-genetisch Methoden; Der Weihnachtsbaum, No 5, pp 4-9, Gudensberg.
8. Mameledžija, J. 2002: Identifikacija klonova bijelog bora (*Pinus sylvestris* L.) po morfološkim karakteristikama sjemenki. Šumarski fakultet u Sarajevu, Diplomski rad, str. 27.
9. Silvertown, J. W., Doust, J. L., 1995: Introduction to plant population biology, Blackwell Science, Reprinted 1995, str 210.
10. Stefanović, V., Beus, V., Burlica, Č., Dizdarević, H., Vukorep, I., 1983: Ekološko-vegetacijska rejonizacija Bosne i Hercegovine, Sarajevo, 1983, Šumarski fakultet, Posebna izdanja br. 17, str. 51.
11. Tucović, A. 1990: Genetika sa oplemenjivanjem biljaka, univerzitet u Beogradu, str. 511.
12. Vidaković, M., Krstinić, A., 1985: Genetika i oplemenjivanje šumskog drveća, Sveučilište u Zagrebu, str. 503.
13. Wendel, J.F., Weeden, N. F., 1989: Visualization and Interpretation of Plant Isoenzymes. (ed.) Soltis, D.E., Soltis, P.S.: Isozymes in Plant Biology, London, 5- 45.

### Summary:

This paper presents the possibility of molecular analysis and identification of the clone material from the seed plantations "Koziji grm" near Tarčin, as well as comparison with the former morphological analysis that has been carried out by using seeds.

On molecular level of the study with 9 enzyme systems with a total of 12 gene loci, that is, 52 alleles which were registered in the clone seed plantation.

The obtained results in this study indicated that morphological analyses can only prove successful if the procedure in production of the clone material for raising clone plantations are fully respected, and there are no undesired genotypes. Also, the morphological methods are only acceptable in smaller clone seed plantations, with lesser number of clones, up to 20, covering the space of up to 1 ha, where the influence of the environment is minimal.

The molecular methods of clone identification in this case showed their simplicity and reliability, and they should find their place in the cases of raising clone seed plantations themselves.

In the clone seed plantation of Scots pine "Koziji grm" we found many more genotypes than anticipated by the project, which points at certain errors that were concisely or unconsciously done over the period of raising the clone seed plantation.

In order to avoid all possible dilemma about origin of the clones and to find the way out from the situation in which the clones mix, the best possible solution is in molecular analysis and identification of the clone seed material, as well as pre-analysis in the process of raising contemporary clone seed plantations.

The seed plantations allow for a very simple control of seed production. The molecular seed identification that originates from such seed material is facilitated and more successful because the genetic structure of the clone material is already known, which in other words means that produced seeds and planting material have already known genetic constitution. The identification itself, in this case, are far simpler than in the case of natural seed stands, where genetic structure can be changed from one year to another.

Certain dangers would, however, persist such as the possibility of hybridization with Scots pine from natural populations and raised cultures, but this is reduced to a minimum by proper choice of the location for the seed plantation.