
Akademija nauka i umjetnosti Bosne i Hercegovine
Академија наука и умјетности Босне и Херцеговине
Academy of Sciences and Arts of Bosnia and Herzegovina
Drugi međunarodni kolokvijum
„BIODIVERZITET – TEORIJSKI I PRAKTIČNI ASPEKTI“
Second International Colloquium
„BIODIVERSITY – THEORETICAL AND PRACTICAL ASPECTS“
3. 12. 2010, Sarajevo, Bosnia and Herzegovina
Posebna izdanja/Special Editions CXLVIII
Odjeljenje prirodnih i matematičkih nauka
Department of Natural Sciences and Mathematics
Zbornik radova/Proceedings 22, 97-110.

ISBN: 978-9958-501-80-7

2012

DOI: 10.5644/proc.bd-01.04

GENETIČKA RAZNOLIKOST ŠUMSKOG DRVEĆA U BOSNI I HERCEGOVINI I ZNAČAJ ZA METODE OČUVANJA

GENETIC VARIABILITY OF FOREST TREES IN BOSNIA AND
HERZEGOVINA AND IMPORTANT FOR THEIR METHOD
PRESERVATION

Dalibor BALLIAN

Šumarski fakultet Univerziteta u Sarajevu,
Sarajevo, Bosna i Hercegovina
e-mail: ballian_dalibor@hotmail.com

SAŽETAK

Kroz više istraživanja provedenih na Šumarskom fakultetu Univerziteta u Sarajevu je karakterizirana genetička raznolikost nekih od ekonomski i ekološki najvažnijih šumskih vrsta drveća.

Pomoću uporabljenih genetičkih parametara razlike između populacija ili unutar populacija su vidljive i jasne. Provedenim molekularno genetičkim karakterizacijama u Bosni i Hercegovini do sada su obuhvaćeni su obična jela metodom izoenzima, DNK-ssr, cpDNK, mtDNK; smreka metodom izoenzima i DNK, hrast lužnjak metodom DNK-ssr; bijeli jasen i crna topola metodom DNK-ssr; hrvatska sibireja kombiniranom metodom DNK, pančičeva omorika metodom izoenzima i DNK; obični bor; te tisa izoenzimima.

U svim provedenim istraživanjima šumskih vrsta registrirane su značajne razlike na populacijskoj i međupopulacijskoj razini. Na temelju tih saznanja dobivenih na molekularnoj razini potvrdili smo postojanje različitih ekotipova unutar rasprostiranja svih pobrojanih vrsta. Razloge tome trebamo tražiti u

vrlo specifičnom području Dinarida kad su posrijedi uvjeti okoliša, gdje na vrlo malom prostoru postoji velika šarolikost klimatskih, edafskih, orografskih i drugih čimbenika koji izravno utječu na diferencijaciju različitih ekotipova. Pored toga može se raščlaniti varijabilnost istraživanih vrsta i povezati s njihovim seobama poslije ledenog doba.

Na temelju dobivenih rezultata date su i preporuke za očuvanje genetičke raznolikosti. Naše populacije šumskog drveća su većinom prirodne te treba pristupiti očuvanju metodama *in situ*. Ova metoda je povezana s mnogim problemima, a u prvom redu sa životnim vijekom jedinki, antropogenim i zoogenim utjecajima, zagađivačima zraka, filogenetičkom starošću vrste itd. Temeljni problem leži u prenošenju genetičke strukture stare (adultne) populacije na mladu (juvenilnu) generaciju. Ovu aktivnost ostvarujemo prirodnim ili umjetnim pomlađivanjem, uz provjeru uspješnosti očuvanja genetičke raznolikosti pomoću biokemijskih i molekularnih biljega.

Ključne riječi: *genetička varijabilnost, izoenzimi, DNK, očuvanje in situ.*

ABSTRACT

Genetic variability of some economically and ecologically most important forest tree species have been characterised through many researches conducted at the Faculty of Forestry of the University in Sarajevo.

Using already used genetic parameters, differences inter and intra populations were visible and clear. Until now following species have been included in the research with molecular and genetic characterisation in Bosnia and Herzegovina: fir – isoenzyme, DNA-ssr, cpDNA, mtDNA methods; spruce – isoenzyme and DNA methods; pedunculate oak – DNK-ssr method; white ash an cherry – DNA-ssr method; Serbian spruce and Scot pine isoenzyme method; black poplar tree – DNA methods, and sibiraea with mixed methods DNA. Significant differences at intra and inter population level have been registered in all conducted researches of forest species. Based on obtained results at the molecular level we confirmed presence of different ecotypes within distribution of all species mentioned above. Reasons for that should be in a very specific area of Dinarides when it comes to environmental conditions. In a very small area there is a wide diversity of climatic, edaphic, orographic, and other factors that have direct influence to differentiation of various ecotypes. Beside that, variability of researched species can be divided and connected to their migration after the ice age.

Recommendations for preservation of genetic variability' have been given based on obtained results. Our populations of forest trees are mostly natural, so *in situ* methods should be applied for their preservation. This method is connected to many problems, and first of all to their life span, to anthropogenic

and zoogenic influences, air polluters, phylogenetic age of species, etc. Underlying problem is in the process of transferring genetic structure of adult population to juvenile generation. This activity is done via natural or artificial rejuvenation along with the process of checking success of preservation of genetic variability by using biochemical and molecular markers.

Key words: *genetic variability, isoenzyme, DNA, preservation in situ.*

UVOD

Kroz više istraživanja provedenih na Šumarskom fakultetu Univerziteta u Sarajevu je karakterizirana genetička raznolikost nekih od najvažnijih šumskih vrsta drveća i grmlja (Tabela 1). Stoga ćemo na temelju dobivenih rezultata dati osnovne postavke o genetičkom diverzitetu i njegovoj konzervaciji.

Tabela 1. Do sada provedena istraživanja na biokemijskoj i molekularnoj razini
Table 1. Last research conducted in the biochemical and molecular level

Vrsta	Istraživanje s uporabom biljega				Referenca
	Biokemij- ski	DNK- ssr	cpDNK	mtDNK	
Jela	da	ne	da	da	Ballian 2003a, 2003b, 2009, Gomory i sur. 2004
Pančičeva omorika	da	da	da	da	Ballian 2006, Ballian i sur. 2006, Gomory i sur. 2007
Smreka	da	da	da		Ballian 2007, Ballian i sur. 2007a, 2007b, 2009
Bijeli jasen	ne	da	da	ne	Ballian i sur. 2008
Hrast lužnjak	ne	da	da	ne	Slade i sur. 2008, Ballian i sur. 2010
Hrast kitnjak	ne	ne	da	ne	Ballian i sur. 2006, Slade i sur. 2008
Hrast medunac	ne	ne	da	ne	Slade i sur. 2008, Ballian i sur. 2010
Hrast sladun	ne	ne	da	ne	Slade i sur. 2008
Obični bor	da	ne	ne	ne	Ballian i Božič 2004, Ballian i sur. 2005
Tisa	da	da	da	da	Ballian i sur. 2008
Hrvatska sibireja	ne	da	da	da	Ballian i sur. 2006, Potter i sur. 2007
Divlja trešnja					Ballian 2004
Crna topola	ne	da	da	da	Kajba i sur. 2004, Hase i sur. 2007

Članci koji su tijekom objavljivanja neće biti prikazani u koloni referenca, te oni koji obrađuju materijal s ovih prostora, ali bez naših znanstvenika, ali smo naznačili uporabljene biljege

Sva provedena istraživanja su potvrdila pretpostavke da u Bosni i Hercegovini raspoložemo velikim genetičkim bogatstvom kod svih istraživanih vrsta. Svi analizirani rezultati nas upućuju da je potrebno uložiti veliki napor na očuvanju genetičke raznolikosti, koja u izmijenjenim ekološkim uvjetima (izazvanim klimatskim promjena) može da odigra veoma bitnu ulogu u procesima adaptacije šumskih vrsta.

GENETIČKE RAZLIKE IZMEĐU POPULACIJA ZBOG RAZLIČITIH UVJETA OKOLINE

Ekološka valencija vrste nasljedna je karakteristika, odnosno njezina je sposobnost prilagodbe određena nasljednom osnovom ili genomom biljke.

U dosad obavljenim istraživanjima šumskih vrsta u Bosni i Hercegovini registrirane su značajne razlike unutar svake od vrsta. Tako je do sada obrađena obična jela metodom izoenzima, DNK-ssr, cpDNK, mtDNK, smreka metodom izoenzima i DNK, hrast lužnjak i crne topole metodom DNK, bijeli jasen metodom DNK, tu su još pančičeva omorika metodom izoenzima, obični bor, te hrvatska sibireja. Sva provedena istraživanja na molekularnoj razini su potvrdila postojanje različitih ekotipova unutar rasprostiranja svih pobrojanih vrsta. Tako se raščlanila varijabilnost istraživanih vrsta i povezala s njihovim seobama poslije ledenog doba.

Pomoću uporabljenih genetičkih parametara različitosti obično razlike između populacija ili unutar populacija bivaju vidljive i jasne, što je potvrđeno u svim istraživanjima u BiH. Mogući su uzroci tih različitosti, osim prirodne selekcije, i antropogena djelovanja, ali i razvojni čimbenici ili procesi prilagođavanja na određene ekološke uvjete.

Kako je područje Dinarida vrlo specifično kad su posrijedi uvjeti okoliša, jer na vrlo malom prostoru postoji velika šarolikost klimatskih, edafskih, orografskih i drugih čimbenika koji izravno utječu na diferencijaciju različitih ekotipova, brojni domaći i inozemni stručnjaci smatraju da vrste šumskog drveća s područja Dinarida pokazuju veliku varijabilnost, u usporedbi s istim vrstama sa sjevera. Tako se mogu razdvojiti populacije svake od istraživanih vrsta s kiselih i one sa alkalnih tala. Utjecaj orografskih čimbenika, odnosno genetičko prilagođavanje na visinski položaj i formiranje

ekotipova vidi se iz fiziološkogenetičkih istraživanja koja su provedena na brojnim vrstama u svijetu, te se također to može očekivati i kod nas.

Utjecaj zagađenosti i otpornost biljaka na zagađivanje podrobno su istraženi u Europi na smreci, uz korištenje relativno otpornih genotipova, koji generalno pokazuju visoke razine heterozigotnosti, a na temelju genetičke raznolikosti koja je registrirana kod nas možemo očekivati natprosječnu otpornost naših individua (populacija).

Kada se ne mogu isključiti metodički efekti (broj jedinki u uzorku), razvojni i antropogeni čimbenici, razlike upućuju na to da adaptacijski procesi u svakoj populaciji mogu imati značajnu ulogu. Stoga se mogu iznijeti sljedeća stajališta na osnovi dobivenih rezultata:

- Dobivena varijabilnost nije karakteristična za zapadnu i srednju Europu, nego za balkansko područje.
- Mnogi od istraživanih genskih lokusa kod šumskog drveća, izuzev pančičeve omorike, pokazuju klinalnu varijabilnost, što upućuje na adaptivnost u određenim ekološkim uvjetima, ali postoji i mogućnost da je to posljedica kolonizacije. Haplotipovi pokazuju veliki polimorfizam u svim populacijama, što može biti posljedica isprekidanog areala istraživanih vrsta u Bosni i Hercegovini.
- Inače neka od istraživanja u Bosni i Hercegovini su upućivala na apeninsko podrijetlo nekih populacija. To se posebno odnosi na hrastove i običnu jelu, što daje jednu specifičnost zapadnim Dinaridima.

Male, izolirane populacije, a u ovom se slučaju prije svega misli na one u južnom i zapadnom dijelu Bosne i Hercegovine, te neke u Posavini, na molekularnogenetičkoj razini ne pokazuju razliku naspram populacija iz središnjih Dinarida. U populaciji su izolirani svi gen lokusi koji karakteriziraju datu vrstu, iako se primjećuje opterećenje inbridingom, što je vidljivo iz niske heterozigotnosti, te stalnim pojavama genetskog drifta. Također, broj haplotipova u malim populacijama manji je nego u velikima što je i jedna od posljedica izolacije i slabe razmjene genetičkog materijala s drugim populacijama. Tako je u malim izoliranim populacijama primjetan utjecaj antropomorfni promjena u posljednjih 2000 godina.

Na temelju rečenoga može se izvesti zaključak da postoje razlike među populacijama iz različitih ekoloških niša, odnosno da razlike u ekologiji staništa uvjetuju genetičku diferencijaciju među populacijama i da se te razlike mogu registrirati pomoću molekularnih i biokemijskih biljega. To je

potvrđeno i brojnim pokusima provenijencija koje su provedene u Europi, a u koje su uključene i provenijencije iz BiH. Iz toga je vidljivo da u svakoj populaciji djeluju specifični selekcijski procesi.

Iz rezultata mnogih istraživanja provedenih u posljednjih 10 godina na važnim šumskim vrstama, može se vidjeti da postoji velika varijabilnost na molekularnogenetičkoj razini koja u prijašnjim istraživanjima nije registrirana ili je registrirana u malog broja metričkih obilježja. Iz toga proizlazi da u prijašnjim istraživanjima morfoloških svojstava nije iskorišten dovoljan broj uzoraka za ispitivanje, a suvremene metode analize biokemijskim i molekularnim biljezima se provode na velikom broju jedinki koje predstavljaju populaciju.

OČUVANJE GENETIČKE RAZNOLIKOSTI

Konzervacija ili očuvanje genetičke raznolikosti *in situ* neke populacije šumskog drveća povezano je s mnogim problemima, a u prvom redu sa životnim vijekom jedinki, antropogenim i zoogenim utjecajima, zagađivačima zraka, filogenetičkom starošću vrste itd. Dakle, problem se pojavljuje pri prenošenju genetičke strukture stare (adultne) populacije na mladu (juvenilnu) generaciju. Prenosjenje se može ostvariti prirodnim ili umjetnim pomlađivanjem.

Provjera uspješnosti očuvanja genetičke raznolikosti mlade populacije može se obaviti uz pomoć biokemijskih i molekularnih biljega.

Očuvanje genetičke raznolikosti prirodnim pomlađivanjem

Prirodno pomlađivanje u većini se slučajeva smatra boljim od umjetnog pomlađivanja. Prema nekim istraživačima, broj biljaka sposobnih za plodonošenje vrlo je važan za obnovu genetičke raznolikosti, kao i gustoća biljaka i njihov raspored. To je bitno zato da ne bi dolazilo do samooplodnje i inbridinga u populaciji, što se može negativno odraziti na sljedeću generaciju.

Očuvanje genetičke raznolikosti umjetnim pomlađivanjem

Umjetno pomlađivanje povezano je s mnogim problemima, od komplicirane proizvodnje u rasadnicima zbog posebnih ekoloških zahtjeva vrste

do slabo zastupljenog gene poola u proizvedenom materijalu. Istraživanja pokazuju da je sadni materijal obične jele u mnogim slučajevima opterećen nedovoljnom genetičkom informacijom, odnosno postojanjem velikog broja jedinki nastalih samooplodnjom ili inbridingom, tj. gubitkom adaptacijske sposobnosti, te sabiranjem sjemena s malog broja sjemenskih stabala. Zato pri umjetnoj obnovi treba voditi računa o sljedećem:

- porijeklu sjemena i sadnog materijala, odnosno sjeme ne bi smjelo biti opterećeno lošom genetičkom strukturom, koja mora odgovarati lokalnim populacijama izdvojenima na temelju sjemenskih rajona;
- određivanju optimalnog broja biljaka u procesu obnove, da bi se u kasnijim stadijima dobio zadovoljavajući broj biljaka, koje bi reprezentirale genetičku strukturu populacije;
- korištenju sjemena sabranoga sa što više stabala ravnomjerno raspoređenih u populaciji i to sjemena različitih godišta, kako bi se smanjilo moguće štetno djelovanje inbridinga i bolje očuvala genetička struktura populacije, jer se može dogoditi da zbog nekog razloga dio stabala u godini sabiranja nije cvjetao ili plodonosio;
- održavanju što je moguće veće heterogenosti zasada te isključivanju bilo kakvih mjera njege i radova u populaciji, što znači omogućiti prirodnoj selekciji da eliminiira što više neprilagođenih jedinki.

PREPORUKE ZA ODRŽAVANJE GENETIČKE RAZNOLIKOSTI

Na temelju provedenih istraživanja genetičkog diverziteta mogu se dati sljedeći zaključci i preporuke.

a. Metoda analize DNA

Primijenjenim metodama analize DNK još nije posve ispitana kod šumskog drveća, tako da je broj ispitanih kodiranih gen lokusa vrlo malen. Zna se da DNK biljezi sa svojim informacijama sudjeluje u izgradnji oko 35000 gena. Ipak su neka od istraživanja u nekih vrsta toliko uznapredovala da se već rabe specifični lokusi, koji nam omogućuju određivanje pribježišta iz ledenog doba u ispitivane vrste, ili ispitivanje polimorfnosti populacije, te ukupnog broja alela, odnosno genetičke raznolikosti.

Ipak pomoću DNK analize možemo vidjeti samo mali dio populacijske genetičke informacije, a veliki dio ostaje nedostupan. Također, ogra-

ničene su mogućnosti primjene haplotipske varijabilnosti u ekološkim istraživanjima.

b. Metoda izoenzimske analize

Samo se mali dio genetičke informacije biljnog organizma kakvo je šumsko drveće može obuhvatiti ispitivanjem izoenzimskim sustavima. Izbor sustava za analizu ovisi o primijenjenoj metodi i mogućnosti njihova nalaženja u biljnom organizmu. Tako se uz pomoć izabranih enzimskih sustava i metode njihove primjene može dokazati samo 30% stvarnih izoformi jednog enzima. Stoga uz pomoć izoenzimske analize promatramo samo mali dio ukupne genetičke informacije sadržane u običnoj jeli, odnosno populaciji. Izoenzimi pokazuju takva obilježja da su pogodniji za istraživanja genetičke raznolikosti populacija, i u ekološkim istraživanjima.

c. Adaptabilnost ispitivanih gen lokusa i haplotipova

Prema nekim istraživanjima i saznanjima vrlo je teško napraviti komparaciju između tih metoda, jer vrste s disjunktnim rasprostranjem, kao što je u principu šumsko drveće, pokazuju veliku međupopulacijsku varijabilnost i umjerenu unutarpopulacijsku varijabilnost na molekularnoj razini, odnosno genetički diverzitet.

Veza ispitivanih gen lokusa s određenim sposobnostima adaptacije vrsta šumskog drveća u mnogim istraživanjima nije registrirana na zadovoljavajućoj razini, ali ipak neka od istraživanja to potvrđuju za biokemijske lokuse, kao prema kiselosti tla. Tako se pojedini gen lokusi kao i njihovi aleli ne mogu smatrati potpuno neutralnima. Isto tako i primarni populacijski genetički parametri mogu dati važne dokaze o adaptivnosti jedinke ili populacije, a to se prije svega ogleda u genetičkoj raznolikosti, broju haplotipova, efektivnom broju haplotipova, haplotipskoj raznolikosti, genetičkoj multilokusnoj raznolikosti (v_{gen}), stupnju heterozigotnosti. Njihovim promatranjima mogu se donijeti odgovarajuće preporuke radi očuvanja genetičkog biodiverziteta populacija, odnosno uspješne obnove populacija.

Kako bi se osigurala dobra prilagodba genotipova na različite uvjete, istraživani gen lokusi ili haplotipovi morali bi biti neovisni jedni o drugima, a promjene okoliša kao nosioca evolucijskih promjena ne bi smjele biti dopuštene. Zbog toga se postojeći genetički set koji bismo sačuvali u

bankama gena ne može smatrati krajnjim ciljem očuvanja jele, već početnim materijalom u procesu konzervacije *in situ* i *ex situ*.

POTVRDA GENETIČKOG BOGATSTVA U POPULACIJAMA

U istraživanjima se može pojaviti i takav biološki materijal koji neće pokazivati mnoga genetička obilježja bitna za adaptacijsku sposobnost istraživane vrste.

Za prilagodbu i održanje neke populacije *in situ* mora se uzeti u obzir i činjenica da opstanak ovisi i o osnovnim životnim čimbenicima te o jedinki, koja je nosilac genetičkog resursa, tj. o njezinoj sposobnosti da genetički resurs prenese na sljedeću generaciju (vitalitet, plodonošenje, otpornost itd.). Stoga je potrebno poznavati genetičku strukturu dobivenu uz pomoć genetičkih biljega i osnovne ekološke čimbenike.

Promatramo li genetički kriterij, najbolje je da populacija posjeduje što je moguće više genetičkih varijanti (brojnost genotipova), bilo rijetkih alela, bilo onih s visokom učestalošću, veliki genetički potencijal za prilagodbu, visok stupanj heterozigotnosti, veliku multilokusnu raznolikost i visok polimorfizam haplotipova, jer se velika raznolikost u šumskog drveća povezuje se s višom otpornošću prema polutantima i propadanju. U vezi s genetičkom raznolikošću posebno su važne populacije koje se mogu smatrati predstavnicima postojećega gene poola (da je prisutna mala diferencijacija u njima) te populacije koje imaju veliku raznolikost u gene poolu, jer oslikavaju posebnosti u svom razvoju, odnosno prilagodbu na specifične ekološke uvjete.

Na temelju svega istraženog u istraživanim populacijama situacija je vrlo složena. Imamo male populacije s malom heterozigotnošću, s velikom učestalošću određenih alela, vrlo često i rijetkih, koji karakteriziraju samo balkansko područje, ali i s pojavom manjeg broja gen lokusa nego u velikih populacija. Ipak, i te male populacije karakterizira pojava polimorfizma razmjerno njihovoj veličini.

S druge strane, velike populacije karakterizira veliki polimorfizam i heterozigotnost, s pojavom vrlo rijetkih alela i većim brojem gen lokusa. Na osnovi toga u populacijama se može utvrditi i genetičko opterećenje. Stoga je preporučljivo uključivanje većeg broja parametara pri utvrđivanju genetičkih potencijala, i u vezi s tim odrediti veći broj populacija za poduzimanje aktivnosti na očuvanju genetičkih potencijala. Istraživanjem

većeg broja populacija bolje bi se upoznali genetički potencijali, i nakon toga smanjile opasnosti od gubitka dragocjenih genetičkih potencijala u uzgojnomeliorativnim radovima u šumama obične jele.

Odlučujuću ulogu u potvrdi genetičkih potencijala ima podjela variranja unutar i između populacija. Ako genetičko variranje između populacija nije klina, nego je diskontinuirano, tada se preporučuje da obuhvati što veći broj populacija pri poduzimanju mjera za održanje genetičkog potencijala. U homogenijim uvjetima s klinalnom varijabilnošću dovoljan je i manji broj populacija za održavanje genetičkog potencijala.

Uzmemo li u obzir i rezultate nekih inozemnih autora date za šumsko drveće, kao i domaćih, obavezno treba uključiti i visinsko raščlanjivanje populacija drveća, jer su brojni autori dobili međupopulacijske razlike na osnovi visinskog raščlanjivanja. Stoga bi to trebalo uzeti u obzir prilikom deklariranja genetičkih potencijala, te težiti tome da na određenim visinama raspoložemo populacijama koje mogu zadovoljiti i kvantitetom i kvalitetom genetičkog potencijala.

BROJ POTREBNIH POPULACIJA ZA BANKE GENA *IN SITU*

Na temelju dobivenih rezultata u brojnim istraživanjima u BiH ne bi se moglo točno reći koliki je broj populacija i u populacijama broj jedinki potreban za održanje genetičkih potencijala.

Iz rezultata je vidljivo da za banku gena velike populacije treba veći broj jedinki, a za male populacije treba manji broj jedinki. Osim toga, treba voditi računa i o samome prilagodbenom potencijalu biljaka u populaciji. Za populacije i jedinke koje imaju visoki potencijal prilagodbe, treba manje populacija ili jedinki, od onih kod kojih je taj potencijal manji, pa je potrebno i više populacija i više jedinki.

Inače, za održavanje genetičkog potencijala u različitim ekološkim nišama, uz prisutno genetičko diferenciranje, može uvjetovati povećanje prilagodbenog potencijala populacija.

Tako se za populaciju sa velikim genetičkim diverzitetom može primijetiti da je pod mnogo manjim negativnim utjecajem od drugih populacija. Stoga ona pokazuje manju razliku spram pribježištu na jugu Balkana, dok se populacije sa manjim diverzitetom, posebice one iz zapadne Bosne udaljavaju, jer

dolaze u zoni hibridizacije apeninskih i balkanskih migracijskih putova. Na osnovi tih rezultata populacije s velikim diverzitetom možda sadrže i pretpovijesne genetičke informacije, pa i one koje nisu registrirane pomoću analize DNK i biokemijskih biljega. Stoga bi ta populacija trebala imati visok prilagodbeni potencijal i otpornost u usporedbi s drugim populacijama. To bi se moglo provjeriti samo testovima u nizu terenskih pokusa.

Dakle, pri umjetnom širenju populacija šumskog drveća u Bosni i Hercegovini treba posebnu pažnju obratiti lokalnim populacijama, koje su vrlo važne na lokalnoj razini, odnosno rajonu, na osnovi svog prilagodbenog potencijala, a koji bi se i eksperimentalno trebao dokazati. Inače, rajoni su definirani u Bosni i Hercegovini na temelju Ekološko vegetacijske rajonizacije.

OBNOVA GENETIČKIH POTENCIJALA

Već je istaknuto značenje prirodnog i umjetnog pomlađivanja u vezi s obnovom genetičkih potencijala. Zbog toga je, a radi minimalnog održanja genetičkih potencijala i procesa pomlađivanja, odlučujući broj potrebnih rezervi gena.

Prema nekim autorima u zemlji i inozemstvu, broj jedinki potrebnih za održavanje genetičkog potencijala mora se temeljiti na vjerojatnosti gubitka rijetkih gena iz populacije, što znači da populacija mora biti toliko velika da u sebi očuva veći dio gene poola. To je bitno pri konzervaciji gena *ex situ*, bilo čuvanjem sjemena u bankama gena, bilo podizanjem arhiva gena. Za održanje potencijala *in situ* donju granicu broja jedinki treba odrediti na osnovi spoznaje je li moguća naknadna obnova genetičkog potencijala prirodnog pomlađivanja. U tom slučaju presudno je važan broj biljaka, horizontalna i vertikalna struktura, tip gospodarenja (jednodobna ili preborna struktura šume).

Tako u homogenim uvjetima trebamo imati manji broj većih populacija koje bi mogle zadovoljiti potrebe za reprodukcijom materijalom, a u heterogenim uvjetima Dinarida potrebno je imati veći broj manjih objekata (sjemenskih sastojina) što bi bilo optimalno za očuvanje genetičke varijabilnosti, odnosno autoktonog gene poola.

U populacijama s pojavom rijetkih alela, a tih imamo veći broj kod svih istraživanih vrsta, prilikom njihove obnove treba voditi računa o strukturi

mlade sastojine i omogućiti prenošenje rijetkih alela na slijedeću generaciju, po mogućnosti prirodnom obnovom, ali ako se to pokaže nedovoljnim, pristupiti i umjetnoj obnovi. U tim radovima treba obratiti pažnju na genetičku strukturu populacije, prema starosnim stadijima, jer u provedenim istraživanjima rezultati pokazuju razlike između starosnih stadija populacije smreke. Obnovu treba pratiti povremenim genetičko molekularnim istraživanjima, jer se razlike između starih stabala i mladih u jednoj populaciji, uz odgovarajuće uzgojne mjere, mogu svesti na minimum.

Literatura

- Ballian D. 2003a. Procjena genetičke varijabilnosti obične jele (*Abies alba* Mill.) analizom izoenzima u dijelu prirodnih populacija Bosne i Hercegovine i Hrvatske, Šumarski list 3-4: 135-151.
- Ballian D. 2003b. Procjena genetičke varijabilnosti obične jele (*Abies alba* Mill.) analizom cpDNA u dijelu prirodnih populacija Bosne i Hercegovine i Hrvatske, Šumarski list 7-8: 347-357.
- Ballian D. 2004. Varijabilnost mikrosatelitne DNK u populacijama divlje trešnje iz središnje Bosne. Šumarski list 11-12: 649-654.
- Ballian D. 2006. Kontrola podrijetla Pančićeve omorike (*Picea omorika* / Panč./ purk.) iz plantaže kod Kaknja pomoću izoenzimskih biljega. Šumarski list 7-8: 295-304.
- Ballian D. 2007. Genetička struktura smreke (*Picea abies* Karst.) na planini Vlašić. Radovi HDZU 9: 211-220.
- Ballian D. 2009. Genetičke strukture obične jele (*Abies alba* Mill.) iz zapadne i istočne Bosne. Šumarski list 9/10: 501-512.
- Ballian D., Božić, G. 2004. Kontrola morfološke identifikacije klonova iz sjemenske plantaže bijelog bora „Koziji grm“ pomoću izoenzimskih markera. Radovi Šum. Fak. u Sarajevu 1: 47-56.
- Ballian D., Bogunić F., Konner M. 2005. Usporedba molekularno genetičkih svojstava sjemenskih plantaža običnog bora (*Pinus sylvestris* L.) u Bosni i Hercegovini. Rad. Šumar. Inst. Jastrebarsko 41 (2): 7-16.
- Ballian D., Longauer R., Mikić T., Paule L., Kajba D., Gömöry D. 2006. Genetic structure of a rare European conifer, Serbian spruce (*Picea omori-*

- ka (Panč.) Purk.). *Plant Systematics and Evolution*, Springer-Verlag 260: 53-63.
- Ballian D., Grebenc T., Božič G., Melnik V., Wraber T., Kraigher H. 2006. History, genetic differentiation and conservation strategies for disjunct populations of *Sibiraea* species from South-eastern Europe and Asia. *Conservation Genetics* 7 (6): 895-907.
- Ballian D., Ivanković M., Slade D. 2006. The distribution of the populations of sessile oak (*Quercus petraea* (Matt.) Liebl.) in Bosnia and Herzegovina by chloroplast DNA (cpDNA) and its application in forestry. In: Bohnens J., Rau H.-M. Hrsg. 2006. Forstliche Genressourcen als Produktionsfaktor. 26. Tagung der Arbeitsgemeinschaft Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung vom 20. bis 22. Oktober 2005 in Fulda. Hessen-Forst, Hann. Münden, 61-66, 2006: 121-131.
- Ballian D., Bogunić F., Konnerth M., Kraigher H., Pučko M., Božič G. 2007a. Genetička diferenciranost subpopulacija obične smreke (*Picea abies* (L.) Karst.) na planini Igman. *Šumarski list* 1/2:13-23.
- Ballian D., Bogunić F., Božič G. 2007b. Genetička varijabilnost obične smreke (*Picea abies* /L./ H. Karst.) u bosanskom dijelu Dinarida. *Šumarski list* 6/7: 237-246.
- Ballian D., Giersberg B., Tröber U. 2008. Genetička varijabilnost obične tise (*Taxus baccata* L.) u Bosni i Hercegovini. *Šumarski list* 9/10: 431-443.
- Ballian D., Monteleone I., Ferrazzini D., Kajba D., Bellett, P. 2008. Genetic characterization of common ash (*Fraxinus excelsior* L.) population in Bosnia and Herzegovina. *Periodicum Biologorum* Vol. 110, 4: 323-328.
- Ballian D., Bogunić F., Božič G. 2009. Genetic Research of Norway spruce (*Picea abies* (L.) Karst.) from extreme areas of *Spaghno-Piceetum* in Slovenia & Bosnia and Herzegovina. *Dendrobiology* Vol. 61. Supplement: 2009137-144.
- Ballian D., Belletti P., Ferrazzini D., Bogunić F., Kajba D. 2010. Genetic variability of pedunculate oak (*Quercus robur* L.) in Bosnia and Herzegovina. *Periodicum biologorum* 112 (3): 353-362.
- Ballian D., Ivanković M., Gračan J., Perić S., Marjanović H., Bobinac M., Slade D. 2010. Analysis of Pubescent oak (*Quercus pubescens* Willd.) by means of chloroplast DNA (cpDNA) in the western part of Balkan peninsula. *Acta Societatis Botanicorum Poloniae* 79(3): 189-195.

- Gömöry D., Longauer D., Liepelt S., Ballian D., Brus R., Kraigher H., Papan V. I., Stupar P. I., Paule L., Ziegenhagen B. 2004. Variation patterns of mitochondrial DNA of *Abies alba* Mill. in suture zones of postglacial migration in Europe. *Acta Societatis Botanicorum Poloniae* Vol. 73, No. 3: 203-206.
- Gömöry D., Paule L., Ballian D. 2007. Genetic aspect of the conservation of rare endem tree species: a case study of *Picea omorika* (Panč.) Purk. *Geobiocenologicke spisy*, Brno 12: 73-82.
- Hase I., Heinze B., Arthofer W., Kajba D., Ballian D. 2007. Candidate Genes For Hairiness. In Poplar. Plant & Animal Genomes XV Conference January 13-17, 2007, Town & Country Convention Center, San Diego, CA. (poster, sažetak u zborniku).
- Kajba D., Ballian D., Heinze B., Idzajt M., Bogdan S. 2004. *Populus nigra* ssp. *caudina* and its importance for forest tree improvement and conservation of poplar genetic resources. IPC 2004 – Chile, 22nd Session, International Poplar Commission, Santiago – Chile, 28 November – 9 December 2004. (usmena prezentacija, sažetak u zborniku).
- Potter D. S., Still M., Grebenc T., Ballian D., Božič G., Franjić J., Kraigher H. 2007. Phylogenetic relationships in tribe *Spiraeae* (*Rosaceae*) inferred from nucleotide sequence data. *Plant Systematics and Evolution*, Springer-Verlag 266: 105-118.
- Slade D., Skvorc Z., Ballian D., Gracan J., Papes D. 2008. The chloroplast DNA polymorphisms of White Oaks of section *Quercus* in the Central Balkans. *Silvae Genetica* v. 57 (4-5): 227-234.

Rukopis primljen/Manuscript received: 22. 1. 2011.
Rukopis prihvaćen/Manuscript accepted: 5. 7. 2012.