

## Мултифункционални значај биодиверзитета и генетичких ресурса шума Републике Српске (БиХ)

Василије Исајев, Вања Даничић

**Сажетак:** Флора, фауна и фунгиа Босне и Херцеговине убраја се у најразноврсније у читавој Европи, а висок степен ендемичности и реликтности даје јој значај на нивоу глобалне биолошке разноликости. Чак 30% укупне ендемске флоре Балкана налази се у БиХ. Негативне активности у прошлости утицале су на смањење бројности и нестанак одређених биљних врста, што је довело до поремећаја читавих екосистема. Очување и унапређење коришћења биодиверзитета и у оквиру тога шумских генетичких ресурса у РС (БиХ) није једноставан подухват, али ако се начини један дугогодишњи план рада и обезбиједи његова реализација, резултати неће изостати. Свака од изложених етапа заштите, и оплемењивања има одређену намјену и у већини случајева је само дио укупних активности. У циљу очувања највреднијих дијелова шумских заједница, тиме и природе, популације врста дрвећа, појединачне врсте или гени, примјењују се методе *in situ* и *ex situ* конзервације. У посљедње двије деценије, полазећи од квантитативне и популационе генетике, постигнут је значајан напредак у идентификовању показатеља генетичке разноликости врста.

---

Цитирање: Исајев В, Даничић В (2023)  
Мултифункционални значај биодиверзитета и генетичких ресурса Републике Српске (БиХ).  
У: Говедар З, Матаруга М, Пржуљ Н (уредници) Одрживи развој и управљање шумским екосистемима. Академија наука и умјетности Републике Српске, Бања Лука, Монографија LI:331–404

---

Cite as: Исајев В, Даничић В (2023)  
Multifunctional importance of biodiversity and genetic resources in forests of Republika Srpska (BiH). In: Govedar Z, Mataruga M, Pržulj N (eds) Sustainable development and management of forest ecosystems. Academy of Sciences and Arts of the Republic of Srpska, Banja Luka, Monograph LI:331–404

Познавање генетске варијабилности шумских заједница је значајно јер је она параметар интра и интер популационог адаптационог и продуктивног потенцијала, без чијег познавања се не може постићи трајан успјех у очувању и динамичкој конзервацији генофонда великог броја врста. Досадашња истраживања у Републици Српској (БиХ), обављена на морфолошком нивоу у компаративним анализама већег броја квантитативних и квалитативних својстава, као и на молекуларном нивоу, потврдила су да се врсте дрвећа одликују великим генетичким богатством, које је полазна основа за текуће и будуће процесе оплемењивања врста шумског дрвећа. Познавање генетског потенцијала шума у Републици Српској (БиХ), и могућности његовог усмјереног коришћења, поред привредног значаја, кључно је и за процесе адаптације шумских врста. Значајно је имати у виду да *in situ* објекти конзервације нису комплекси шумских заједница изузети из режима редовног газдовања и у којима се мјере гајења и заштите спроводе као у шумама са посебном намјеном, већ су то пилот-објекти у којим се морају организовати вишедеценијске анализе производног, адаптационог и репродуктивног потенцијала у популацијама врста дрвећа. На основу вишегодишњих анализа, могуће је уочити постојање и динамику режима по којима се одвијају оне животне манифестације које чине основ стабилности популација у времену и простору, и које су основа за спровођење сложених метода оплемењивања, као што су селекција и хибридизација. Конзервација шумских генетичких ресурса обухвата високо комплексне и обимне активности које подразумевају пуно искуства, информациону базу и финансијска средства. Једино систематични приступ може гарантовати да сви важни генетички ресурси могу бити чувани у минимално потребним објектима и уз прихватљиве трошкове. Треба имати у виду да не постоје оптимална стандардна рјешења за *in situ* и *ex situ* конзервацију. Рјешења би требало да су повезана и прилагођена биеколошким одликама врста, демографским и екогеографским ситуацијама у регионима конзервације, објектима чувања и националним, социјалним и политичким контекстом.

Досадашње активности на очувању шумских генетичких ресурса нису довољне, при чему се степен њихове угрожености континуирано повећава, као посљедица спорадично непланског и несвјесног дјеловања човјека (експлоатација шума, пожари, развој туризма, губитак шумског земљишта итд.) и климатских промјена. То захтијева јасно дефинисање националне стратегије очувања, конзервације и усмјереног коришћења шумских генетичких ресурса Босне и Херцеговине, као основе за планске активности у овој области.

Кључне ријечи: Генетички ресурси, биодиверзитет, *in situ*, *ex situ*

## 11.1. Увод

Перманентни пораст и интензитет коришћења природних ресурса, за потребе растућег броја становништва, ствара бројне иреверзибилне негативне промјене у природи, односно животној средини. Ове промјене све више се манифестују у климатским промјенама, растућој десертификацији и смањењу броја врста живог свијета. Објављивањем књиге *Границе раста*, коју је издао Римски клуб 1972. године, формира се прво научно утемељено упозорење о озбиљности угрожавања животне средине и свих могућих глобалних посљедица ових мултифакторијалних појава. Прва конференција Уједињених нација о животној средини, одржана у Стокхолму 1972. године, означила је прекретницу у односу човјечанства према животној средини. Историјска конференција Уједињених нација „Самит о Земљи” о животној средини и развоју (*United Nations Conference on Environment and Development, UNCED*), одржана је у Рио де Жанеиру у јуну 1992. године. На овој конференцији донијета су важна документа: Декларација о животној средини и развоју (Рио декларација), Агенда 21 (Програм активности за 21. вијек), Конвенција о промјени климе, Конвенција о биодиверзитету и принципи о управљању, заштити и одрживом развоју свих типова шума. Десет година послје Конференције у Рију, 2002. године, у Јоханесбургу (Рио + 10), састали су се релевантни стручњаци и политичари свијета. На овом скупу, реферати, дискусије и донијети закључци највећим дијелом односили су се на одрживи развој, на проблем повећања сиромаштва људи у одређеним дијеловима свијета и очувању биодиверзитета. Успјех у очувању и усмјереном коришћењу биодиверзитета директно зависи од планских и сталних активности којима се слиједе међународни трендови базирани на следећим питањима:

- Колико смо спремни да озбиљна упозорења о спречавању рапидне ерозије биодиверзитета у свијету, прихватимо као један од најважнијих задатака у будућности и, сходно нашим могућностима и људским капацитетима, адекватно партиципирамо у општим напорима да сачувамо биолошку разноврсност на дијелу територије над којом имамо право и ингеренције?
- Колико су код нас научна истраживања различитих аспеката биодиверзитета повезана и усмјерена и колико су резултати ових истраживања искоришћени у процесу, валоризацији и заштити биодиверзитета?
- Колики су стварни трошкови заштите биодиверзитета и који су економски механизми и модалитети потребни да се оствари склад између заштите биодиверзитета и коришћења биолошких ресурса?

## 11.2. Појам „биодиверзитет“

Разноврсност живота на Земљи је квантитативна колико и квалитативна категорија, и упоредива је једино са бесконачним бројем и разноврсношћу небеских тијела. Довољно је чак и летимично погледати физичко-географску, климатску, геолошку, педолошку, вегетацијску или биномску карту свијета, па се врло сликовито увјерити у чињеницу да планета почива на разноликости. Биолошка разноврсност Земље, осим врста тзв. дивље флоре, фауне, гљива, бактерија, вируса, као и свих екосистема, обухвата и све многобројније, људском активношћу доместификоване, сорте културних биљака и гајених животиња (Isajev et al. 1997). Свеукупној разноврсности живе и неживе природе мора се додати и разноврсност људских популација, са свом разноликошћу језичких, културних и духовних, етнолошких обиљежја старосједилачких, традиционалних и локалних заједница људи у специфичном односу са природом која их окружује. Оба ова сегмента „планетарног“ диверзитета фундаментални су за стабилност и трајање хармоније на Земљи. Људска врста је данас критични елемент очувања овог чудесног спектра, који у свим својим аспектима заправо представља саму основу будуће људске цивилизације. Сасвим је разумљиво, да је заштита укупне биолошке разноврсности постала један од основних парадигми понашања савременог човјечанства. Појам биодиверзитета уведен је прије четрдесет година, на приједлог еколога, у терминологију која се тиче глобалних аспеката животне средине (Norse and McManus 1980; Lovejoy 1980; Wilson 1985,1992; Norse et al. 1986), и према најширој прихваћеној дефиницији означава свеукупност гена врста, екосистема и предјела на Земљи. Према најновије прихваћеној дефиницији, под биодиверзитетом се подразумијева разноврсност живота и свих његових форми, нивоа и комбинација (Brennan and Withgott 2005). Дефиниција појма биодиверзитет указује на то да он обухвата неколико организацијских нивоа: генетски, специјски и екосистемски, од којих сваки има свој, како просторни тако и временски континуитет на нашој планети.

Под **генетичким** диверзитетом подразумијева се разноврсност насљедне структуре између јединки које припадају истој врсти и то је интраспецијски варијабилитет морфолошких, физиолошких и функционалних својстава (Eriksson 1997). **Специјски** диверзитет подразумијева свеукупност органских врста на нашој планети, од настанка живота па до данас (интерспецијски варијабилитет у времену и простору). Постоје веома различите процјене о укупном броју органских врста на Земљи, али их је до данас описано и класификовано око 1,5 милион, од чега нешто више од милион животињских и око 500 хиљада биљних врста (Pimm et al. 1995).

Тренутном систематиком врста животиња, биљака, гљива и микроорганизама, свакако није обухваћен њихов стварни број, јер се, по неким процјенама, на нашој планети налази око 100 милиона врста (Pimm et al. 1995). Под **екосистемским** диверзитетом подразумева се разноврсност изнад специјског нивоа, односно разноврсност станишта, животних заједница, екосистема и предјела (макро и микро популациона интерактивна разноликост).

Разликовање генетичког, специјског и екосистемског диверзитета треба схватити условно, односно битна одредница биодиверзитета је међусобна повезаност и условљеност сва три нивоа. Еколошки и биолошки гледано, ове нивое је тешко међусобно раздвајати јер су гени садржани у популацијама врста, док су врсте саставни дио екосистема, те се, на тај начин, остварује јединство на коме почива живот и његова еволуција на Земљи. Међутим, оваква подјела биодиверзитета значајна је за практичне сврхе, како при искоришћавању биолошких ресурса (одређеног нивоа), тако и при примјени мјера њихове заштите. Имајући у виду да су шуме најсложеније копнене биоценозе, као и то да су интра и интер утицаји шумских комплекса на окружење суштински за постојање живота на Земљи каквог тренутно познајемо, проучавање, очување и усмјерено коришћење њиховог генетичког ресурса је од есенцијалног значаја.

Шумски генетички ресурси, формирано током еволуције, манифестују се генетичком разноликошћу у хиљадама врста шумског дрвећа на Земљи који тако чине међугенерациске ресурсе од огромне адаптабилне, животне, економске и друштвене важности. Очување (конзервација) шумских генетичких ресурса широм свијета има за циљ одржавање укупне генетичке разноликости, која је од познатог или могућег социоекономског или еколошког значаја.

### **11.2.1. Значај биодиверзитета**

Биодиверзитет је у жижи интересовања биолога, научника и стручњака из примијењених биолошких дисциплина, као што су пољопривреда, шумарство, ветеринарство, затим из области заштите и управљања воденим екосистемима, те свима који у дјелатностима користе природу као општи ресурс – туризам, здравствени и рекреативни итд., а који на различите начине приступају заштити и уравнотеженом коришћењу биолошких ресурса. Биодиверзитет је и у сфери интересовања и истраживача који се баве културним и духовним вриједностима разноврсности локалних и регионалних људских популација и њиховим односом према природи.

### 11.3. Шумски генетички ресурси

Генетичка дивергентност је фундаментални и критични дио биодиверзитета. Врсте шумског дрвећа имају од 20.000 до 50.000 гена (Geburek and Turok 2005). Ови гени одређују динамику и ток онтогенетског развића дрвећа, фенотипске карактеристике вегетативних и генеративних органа дрвећа, и физиолошки праг адаптације на специфичне и промјенљиве факторе животне средине. Отуда се под шумским генетичким ресурсима сматра кодиран и некодиран, али функционалан генетски материјал (ДНК) шумског дрвећа који је стварне или потенцијалне вриједности за будуће генерације човјечанства.

Код пољопривредних таксона, као што су сорте, линије и друго, очување генетичких ресурса углавном се организује путем складиштења сјемена у банкама гена, док код шумских генетичких ресурса, поред чувања сјемена у банкама гена, конзервација се мора организовати на нивоу селекционисаних природних, или у то сврху специфично пројектованих вјештачких популација. Према дефиницији међународне организације за храну и пољопривреду (*Food and Agriculture Organization, FAO*) из 1989. године, под шумским генетичким ресурсима подразумевају се „генетске варијације дрвећа које су од потенцијалне или тренутне користи за људе“. Појам „генетички“ односи се на генетичку варијабилност (ДНК) поријекла, као и варијације гена на различитим нивоима: (1) варијације између врста, (2) варијације између популација у оквиру исте врсте, и (3) варијације између појединих стабала унутар популације (Isajev et al. 1997). Највећа је варијација између врста, те би најдраматичнија штета која би могла да се деси у будућности представљала губитак цијеле врсте. Рад на нивоу врста и гена на просторима гдје финансијска средства за истраживања и конзервацију често нису довољна, захтијева ефикасно коришћење средстава, постављање приоритета, као и коришћење нових алатки, као што су географски информациони системи (GIS), моделирање и молекуларни маркери, те обично интензиван рад на терену.

Међутим, постоји забринутост око могућности употребе генетске информације и око трошкова који ће да настану, као и њене користи за газдовање шумама и програмима конзервације, посебно у земљама у развоју, гдје основни подаци недостају или су несистематизовани (Матаруга и сар. 2013). Из тог разлога, треба пажљиво направити списак свега што је потребно за истраживање. Производни системи у шумарству и агрошумарству у великој мјери зависе од непрекидне доступности различитих генетичких ресурса, како на нивоу врсте, тако и на нивоу провенијенције (популације). Генетичке варијације унутар врсте неопходне

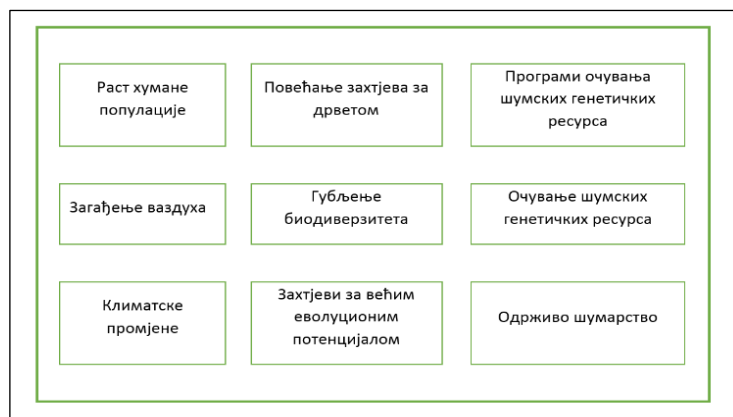
су за прилагођавање врста у будућности, као и за вјештачку селекцију и програме оплемењивања. Сходно томе, човјечанство ће имати користи од шума и дрвећа само ако шумски генетички ресурси остану на располагању. У многим земљама ће перспектива одрживог развоја у руралним областима у великој мјери зависити од генетичке разноврсности, како аутохтоних тако и егзотичних врста дрвећа (Матаруга и сар. 2013).

### **11.3.1. Значај шумских генетичких ресурса**

Данас се сматра да, од укупне површине под шумама и шумским земљиштем у Европи, укупно 215 милиона хектара (FAO 2000), само 4% површине под шумом неометано је од стране хумане популације. Иако Европа чини само око 5% површина под шумом у свијету, европске шуме су веома разноврсне, не само у еколошким условима и продуктивности природних станишта, већ и у њиховој историји, власничкој структури и праксама управљања. Предвиђања су да ће се коришћење дрвета и недрвних шумских производа повећати полако, али сигурно. Такође, посебно осјетљиви екосистеми угрожени су у дужем временском периоду. Подручје Балканског полуострва у свијету познато је као уточиште специјског, а самим тим и генетског диверзитета код многих врста шумског дрвећа (Hewitt 1999; Petit et al. 2003). Отуда је у овим регионима очување шумских генетичких ресурса посебно важно. Огромна штета забиљежена на шумским екосистемима, раних осамдесетих година двадесетог вијека, приписује се комбинованом ефекту загађивача ваздуха и других стресних фактора. Перцепција јавности о овој пријетњи за шуме, довела је до нове еколошке свијести међу становништвом. Климатске промјене се налазе у центру пажње и интереса јавности, што пажњу читавог свијета усмјерава на шуме. Поред тога што ублажавају ниво угљен-диоксида у атмосфери, шуме су такође један од највреднијих свјетских природних ресурса, и носилац важних екосистемских услуга. За разлику од биљака које се гаје у пољопривреди, шуме се састоје, прије свега, од природних популација, које су биле под већим или мањим утицајем човјека. Међутим, природна географска дистрибуција врста је знатно измијењена у мјери која зависи од специфичности врста дрвећа. Шуме су биолошки веома разноврстан и међу најбогатијим од свих земаљских екосистема. Оне нису само важна станишта за многе биљне и животињске врсте, оне такође имају абиотичке кључне функције. На примјер, шуме дјелују као суштински ублаживач климатских промјена. У исто вријеме, шуме имају значајне економске, социјалне и културне улоге (Матаруга и сар. 2013).

Губитак генетске разноврсности је призната преокупација у друштву, међутим, њен дугорочни значај за људско благостање није увијек препознат. Да би се обезбиједило боље коришћење постојећих потенцијала, у циљу смањења негативних утицаја генетског осиромашења у шумама, постоји потреба за добро управљање и очување њихових генетичких ресурса. Почетком двадесет првог вијека, повећана пажња посвећена је управо очувању и усмјереном коришћењу биљних генетичких ресурса. Генетичка дивергентност је компонента биолошке разноликости, која је диференцирана на три нивоа: а) разноликост екосистема, б) разноликост врста, и в) разноликост у оквиру врсте (генетичка разноликост) (Isajev et al. 1997). Разноликост међу индивидуама исте врсте је, у ствари, та генетска разноликост која омогућава врстама да се прилагоде промјенама у свом окружењу. Генетички диверзитет је често непроцењив и од виталног значаја за садашњост и будућност шумских екосистема, шумарства, индустрије и уопште шуме као јединице. Укратко, то је од виталног значаја за будућност шума било на глобалном или локалном нивоу. Шумска генетска разноликост је базен својствених разлика међу индивидуама шумских врста. Сви смо упознати са таквим разликама међу људима; разлике у облику очију, боји косе и тону коже, висини или цртама лица. Исти степен разлике постоји међу дрвећем у оквиру врсте. Генетска разноликост је основна јединица биодиверзитета. Општепозната као генетички ресурси, она представља извор адаптације у свим врстама. Карактеристике шумских врста дрвећа варирају унутар опсега врста, због адаптације на специфичне услове средине. Дакле, свака локална популација са аспекта адаптације представља јединствен генетски ресурс. Губитак популације понекад се назива „тихо истребљење“, непримјетно, јер врста није изумрла, али драгоцјени генетички ресурси су изгубљени и не могу се лако или брзо реконституисати. Као резултат притисака на шумско земљиште и ефекте неодрживог коришћења шумских ресурса, велики потенцијал шумских генетичких ресурса је у опасности да буду заувјек изгубљен, прије него што се може препознати, а камоли користити. Губитак шума и деградација и даље проузрокују велике глобалне бриге, упркос огромним напорима да се постигне одрживо управљање шумама. Ту је и повећање свијести о критичној вриједности шумског генетичког диверзитета које, само по себи, треба да буде средство у суочавању са глобалним изазовима, као што су климатске промјене (Fischlin and Midgley 2007). Будући да није ни изводљиво ни пожељно да се у највећем дијелу Европе издвоје велики шумски комплекси, као резерве природе, очување шумских генетичких ресурса интегрисаних у редовно одрживо газдовање шумама константно је актуелно и потребно (Сл. 11.1 и 11.2).





Сл. 11.1. Фактори који чине неопходним очување шумских генетичких ресурса (Eriksonn 1997, према Geburek and Turok 2005)

Fig. 11.1. Factors that make it necessary to preserve forest genetic resources (Eriksonn 1997; according to Geburek and Turok 2005).



Сл. 11.2. Повезаност шумских генетичких ресурса са другим функцијама шуме и приоритетне активности

Fig. 11.2. Relationship of forest genetic resources with other forest functions and priority activities

Поред прекограничног атмосферског загађења и заштите животне средине, постоји листа озбиљних фактора који утичу на очување и управљање генетичким ресурсима. Ово укључује интензивно управљање у прошлости,

вјештачку регенерацију са опсежним трансфером шумског репродуктивног материјала, смањене величине популације, посебно због фрагментације шума и увођење егзотичних врста шумског дрвећа. Они често доводе до губитка или, барем, до промјене генетског идентитета аутохтоних популација дрвећа. Генетичка дивергентност је важна из еколошких, економских и етичких разлога (Isajev et al. 1997).

**Еколошки разлози.** Генетска разноврсност пружа темељ за развој шумских врста дрвећа. Ова разноликост омогућава шумама и дрвећу да се адаптирају на промјене и неповољне услове хиљадама година, а резултирала је јединственим и незамјенљивим портфолиом шумских генетичких ресурса. Генетска разноликост је основа за одговор врста према биотичким и абиотичким утицајима.

Ово је од посебног значаја због дуговјечности дрвећа и везаности за станиште, због чега, за разлику од животиња, дрвеће није у могућности да избјегне неповољне утицаје околине. Генетска разноликост доприноси прилагодљивости, а тиме и очувању врста и екосистема. Шумски генетички ресурси су важни за добробит човјечанства. Они су од суштинског значаја за прилагођавање на климатске промјене, одговор на инвазивне врсте, као и промјене у квалитету ваздуха.

Поред тога, шумска генетичка разноликост има кључну улогу у одржавању биолошке разноликости шума на нивоима екосистема, врста и популација. Генетички диверзитет, односно разноликост на унутарспецијском нивоу, критична је компонента биолошке разноликости, јер дозвољава врсти да се развија током времена у простору и на тај начин има кључну улогу за дугорочно преживљавање и за екосистемску стабилност. Очувањем генетичких ресурса обезбјеђује се значајан фактор шуме у кружењу воде у атмосфери. Шуме регулишу водни режим повећањем инфилтрације, смањењем отицања и заштитом од поплава, чиме утичу на количину воде, што је од пресудног значаја за снабдијевање водотока у планинском подручју. Шумски екосистеми су најбољи природни биофилтер у својству пресудне улоге на заштити и побољшању квалитета вода. Несташица воде је извјесна ако се има у виду да се у планетарним водним резервама слатке воде налази свега 2,86%, а оне доступне човјеку само са 0,62%.

**Пејзажна разноликост.** Статус који шумски генетички ресурси заузимају у свијету и код нас говори о томе колики је њихов значај за пејзаж у коме они имају кључно мјесто. Ако се овом додају естетске вриједности шумских комплекса и све њихове поливалентне функције, онда се са правом може рећи да су шуме основна вриједност предјела и његовог изгледа, односно пејзажа.

**Толерантност на болести и штеточине.** Генетичка дивергентност је такође потребна за одржавање виталности шума због њихове сталне изложености штеточинама и болестима. У природним екосистемима, саморегулисање структура између живих организама и њиховог абиотичког окружења је типично. Већина адаптивних процеса биће окарактерисана промјенама у обје генетске структуре (свих организама у том специфичном систему) и еколошких услова, гдје задњи претходи бившем. Међутим, у стабилном окружењу, услови средине (абиотички и биотички) не мијењају се током времена или се мијењају само у цикличном начину понављања.

Популације домаћина и патогена еволуирају до успостављања генетске равнотеже. Различити услови средине (укључујући биотички и абиотички стрес) неопходни су у регулисању снаге за заједничку адаптацију. Такви системи углавном су добро балансирани и карактерише их висок капацитет против „природног” ремећења.

У шумама се знатно поремети равнотежа свих живих организама, која је постигнута у времену, па се епидемије и градације могу развијати лакше и брже, а могу чак и водити до пропадања аутохтоних популација. Различити антропогени притисци посебно су утицали на природне шумске екосистеме у прошлом вијеку у Европи, тако да је интеракција између патогена и њихових домаћина често била фатална за опстанак локалних популација дрвећа.

**Економски разлози.** Генетска разноликост у популацијама шумског дрвећа основа је одрживог, ефикасног, мултифункционалног шумарства. Генетички ресурси имају значајне економске вриједности, како тренутне, постојеће, тако и потенцијалне. Гени комерцијалних врста шумског дрвећа извор су побољшања квалитета и квантитета прираста дрвне масе, развијања отпорности на болести, штеточине, сушу, високе и ниске температуре и сл., због чега су ови ресурси од виталног значаја за одрживи развој шумарства.

**Етички разлози.** Имајући у виду нашу одговорност према будућим генерацијама, генетички диверзитет мора бити очуван због етичких разлога, како би се сачували екосистеми, врсте и популације у њиховој разноврсности и у неоштећеном стању. Наша обавеза је „сачувати за покољења која долазе оно што смо наслиједили од наших предака”.

Такође, разумијевање и управљање генетичким диверзитетом шумског дрвећа важно је у свим типовима шума. Праћење разноврсности популација у примарним шумама може побољшати знања о томе како екосистем функционише. Интензивна генетска селекција и узгој дешава се у плантажама и агрошумарским системима у којима процјене о броју врста

дрвећа варирају од 80.000 до 100.000, али мање од 500 су испитиване у смислу свог садашњег и будућег потенцијала. Студије генетичких ресурса шумског дрвећа концентрисале су се на доместификацију тих неколико интересантних својстава која се највише примјењују за производњу дрвета, влакана и производњу горива из плантажа и агрошумарских система (Матаруга и сар. 2013).

### **11.3.2. Значај и циљеви очувања шумских генетичких ресурса**

Први корак у очувању генетичких ресурса је дефинисање циљева програма заштите. Ово је од највећег значаја, јер постоји могућност да се сачува нека од особина екосистема, а ипак изгуби ентитет врсте. Такође је могуће да врста буде сачувана, али да се изгубе генетски различите популације, према томе изгубили би се и гени који би у будућој адаптацији били од значаја, нпр. отпорност на сушу, болести и штеточине. Они такође могу бити важни за врсте које су обухваћене програмима селекције, ако то у датом моменту буде потребно, или неопходно (Isajev et al. 1997).

Многи родови и врсте у шумама широм свијета пружају сировине и услуге, као што су дрво, храна, сточна храна, еколошка стабилизација, хладовина, заклон, те културне и духовне вриједности. Међутим, степен користи од врста дрвећа у садашњем друштву систематски је утврђен за мање од 1.000 врста, а само око 100 врста објекат су интензивног истраживања кроз различите генетичке програме (Isajev et al. 1997). Може се закључити, да се код великог броја шумских популација, издвојених у програмима *in situ* конзервације, не спроводе активни програми генетског управљања, без обзира на то што се користе као сјеменски објекти.

Конзервација шумских генетичких ресурса широм свијета има за циљ одржавање укупне генетичке разноликости у хиљадама индивидуа стабала, који су од познатог или могућег социоекономског или еколошког значаја. Осим тога, ниво и дистрибуција генетске варијације, код било које врсте, у процесу је сталних природних промјена које су посљедица ефеката дејства главних фактора еволуције. Еволутивни процеси који промовишу и одржавају генетичку различитост су, по правилу, главне области рада у конзервационој генетици (Namkoong et al. 1997, Namkoong 2001).

**Одрживо газдовање шумама** је вишенамјенско управљање шумама, које има за циљ обезбјеђење трајности и одрживости производа и услуга, а које капацитети шума пружају, без промјена, односно смањења током времена (FAO 1993).

То подразумејева примјену праксе газдовања шумама, која омогућује да коришћење дрвета и других ресурса у шумама буде одрживо за развој нације и добробит заједнице која живи у шуми или у близини шуме.

Одрживо управљање шумама и конзервација шумских генетичких ресурса су међузависни. Многе одабране врсте нису адекватно заступљене у заштићеним подручјима, нити укључене у засаде и програме доместификације. Сходно томе, усклађивање циљева конзервације и управљања, као и праксе у производним шумама или вишенамјенским природним шумама, од суштинског је значаја за очување шумских генетичких ресурса ових врста (Матаруга и сар. 2013). Шумским дрвећем се генерално управља (или газдује) са дугим периодима ротације (вријеме између обнове и сјече), од 5–10 година и од 80–120 година (Матаруга и сар. 2013). У развоју одрживог газдовања шумама, биће потребно да се спроведу шумарске праксе које одржавају генетску разноликост на дужи временски период. Одрживо газдовање шумама захтијева боље разумијевање специфичности шумског дрвећа и њихове генетичке разноликости.

### 11.3.3. Стратегије конзервације шумских генетичких ресурса

При постојању хиљаде врста дрвећа дистрибуираних између неколико локалних популација (укрштање група индивидуа), од којих свака има хиљаде промјенљивих генетских локуса, приоритете треба прво поставити на ниво врсте; тек тада можемо додијелити приоритете међу популацијама (Geburek and Turok 2005). Важно је да се подаци о врстама, који треба да буду сачувани, као и њихови нивои угрожености, упореде са *in-situ* и *ex-situ* приступима у газдовању, што би значило да национални програми треба да посједују начин за утврђивање приоритета приликом конзервације који ће узети у обзир велики потенцијални број врста за које они могу бити одговорни. Због своје харизматичности, фокус може понекад да буде на врстама. С друге стране, у фокусу могу бити и опажене пријетње, које су посљедица економске вриједности или еколошких особина, а то су врсте које имају ниску популациону густину, посебне моделе опрашивања или специфичне механизме клијања сјемена (Geburek and Turok 2005).

Неки од неопходних корака приликом постављања приоритета су основне информације о статусу генетске разноликости, ранг потенцијалне вриједности врсте, процјене опасности и потенцијал за очување. Исход може да се прикаже као рангирање приоритета за управљање или класификација врста у приоритетним групама.

У принципу, ефикасан програм очувања врсте/а треба узети у обзир читав низ географских дистрибуција врста, као и метапопулационе структуре врста (Geburek and Turok 2005). Без ове информације, не може се тврдити да је генетска разноликост циљане врсте на крају сачувана. Из тог разлога, већина националних програма за очување шумских генетичких ресурса мора да се бави очувањем локално прилагођених популација.

#### 11.3.4. Домаћа регулатива

Конвенција о биолошкој разноликости (*Convention on Biological Diversity*, CBD) први је међународни споразум који на интегралан начин покушава ријешити проблеме у вези са заштитом и одрживим коришћењем биолошке разноликости од глобалног, преко регионалног, до националног и локалног нивоа. Босна и Херцеговина је пуноправна чланица CBD-а од 2002. године. Своју прву Стратегију и акциони план за заштиту биолошке разноликости Босна и Херцеговина је урадила за период 2008–2015. године.

Израда Стратегије и акционог плана за заштиту биолошке разноликости Босне и Херцеговине за период 2015-2020. године представља наставак глобалног стратешког планирања и извјештавања према CBD-у, у који је Босна и Херцеговина укључена од самог почетка. Основни међународни правни и политички оквир за конзервацију шумских генетичких ресурса у Европи дефинисан је у оквиру EUFORGEN-а (*European Forest Genetic Resources Programme*) и у њему БиХ није чланица. Политика заштите и очувања природе у БиХ је у надлежности ентитета. У Републици Српској је дефинисана:

- Законом о заштити природе („Службени гласник Републике Српске“, број 20/14),
- Законом о заштити животне средине („Службени гласник Републике Српске“, број 53/02),
- Законом о шумама (“Службени гласник Републике Српске”, број 66/03, 75/08 и 30/10),
- Законом о репродуктивном материјалу шумског дрвећа (“Службени гласник Републике Српске”, број 60/09),
- Стратегијом развоја шумарства 2011–2021. (Влада Републике Српске 2011),
- Програмом очувања шумских генетичких ресурса Републике Српске 2013–2025. (Министарство пољопривреде, шумарства и водопривреде 2013).

## **11.4. Стање шума и генетичких ресурса у Европи и Републици Српској (БиХ)**

### **11.4.1. Стање шума и генетичких ресурса у Европи**

Област шума и шумског земљишта у Европи обухвата укупно 215 милиона хектара. Укупна површина под шумом износи 176 милиона хектара (Lorenz et al. 2005). Ово је подијељено на 91 милион хектара, углавном четинарске, и 57 милиона хектара, углавном шуме лишћара. Остатак је класификован као мјешовите шуме. У поређењу са другим великим регијама шума у свијету, број аутохтоних врста дрвећа је низак у Европи (Lorenz et al. 2005). Она расте од сјеверне до јужне Европе. Шумско подручје Европе, 149 милиона хектара, доступно је за снабдијевање дрветом. То су скоро искључиво високе шуме, са изузетком изданачних у региону Медитерана. Од преосталих површина под шумом, 80% нису доступне за снабдијевање дрветом због економских разлога. Осталих 20% нису доступне за снабдијевање дрветом због заштитне функције (Lorenz et al. 2005). Површине под шумом неометане од стране људских активности (7 милиона хектара) релативно су мале у односу на велике регионе шума на другим континентима.

Процјена промјена у прошлости у шумском подручју Европе отежана је са неколико фактора. Прије свега, подаци недостају из неколико земаља, а периоди за које се пријављују промјене у шумској области у великој мјери се разликују међу различитим народима. Штавише, различите дефиниције шума и шумског земљишта повећавају нетачност. Сходно томе, подаци се морају узети са резервом, мада су промјене у величинама површина свакако мале. У посљедњих неколико година, чини се да је површина шума на годишњем нивоу повећана за 0,5 милиона хектара.

То је углавном због претварања и нешумског земљишта у шуме. Повећања у шумским областима посебно су изражена у Француској, Грчкој, Италији, Португалу, Шпанији и Турској, као посљедица великих програма пошумљавања (Lorenz et al. 2005). Промјена пољопривредне праксе и напуштање пољопривредног земљишта су у порасту, нарочито шумско подручје Француске и Норвешке (Lorenz et al. 2005). Прве оцјене TBFR 2000 указују да је већина нових шума засађена са локалним провенијенцијама.

Повећање површина под шумом паралелно је праћено са повећањем шумског фонда. Укупне дрвне залихе у Европи изnose 25.854 милиона м<sup>3</sup>, са просјечним повећањем од 327 милиона м<sup>3</sup> годишње. Ово повећање

шумског фонда резултат је неколико фактора: најчешће се наводи таложење азота, повећање концентрације угљен-диоксида, више просјечне температуре ваздуха и побољшане праксе узгојних система (Lorenz et al. 2005). Упркос генерално стабилном стању већине шумских подручја Европе, ТВFRA (UNECE/FAO 2000) је идентификовала осиромашење биолошке разноврсности шума, као последица нестанка биљних и животињских врста, што је условљено људским активностима. Ниже биљке (маховине и лишајеви) очигледно су више угрожени него дрвеће и друге васкуларне биљке. Према Lefevre et al. (2013), урађени су индекси за очување 11 врста: *Abies alba*, *Fagus sylvatica*, *Fraxinus excelsior*, *Pinus sylvestris*, *Quercus petraea*, *Pinus brutia* and, *Pinus halepensis*, *Populus nigra*, *Ulmus laevis*, *Prunus avium*, *Sorbus torminalis*. Подаци су засновани на основу података из 33 државе, од којих је једна од њих и БиХ.

Током протекле деценије, као дио Европских шума, у оквиру Програма генетичких ресурса (EUFORGEN), направљене су мапе дистрибуције 34 врсте дрвећа (*Abies alba*, *Acer campestre*, *Alnus cordata*, *Alnus glutinosa*, *Acer pseudoplatanus*, *Betula pendula*, *Castanea sativa*, *Fagus orientalis*, *Fagus sylvatica*, *Fraxinus excelsior*, *Larix decidua*, *Liquidambar orientalis*, *Malus sylvestris*, *Picea abies*, *Pinus brutia*, *Pinus cembra*, *Pinus halepensis*, *Pinus leucodermis* syn *P. heldreichii*, *Pinus nigra*, *Pinus pinaster*, *Pinus pinea*, *Pinus sylvestris*, *Populus nigra*, *Populus tremula*, *Prunus avium*, *Pyrus pyraeaster*, *Quercus robur*, *Quercus petraea*, *Quercus suber*, *Sorbus domestica*, *Sorbus torminalis*, *Tilia cordata*, *Tilia platyphyllos*, *Ulmus laevis*).

На основу најновијих информација доступних у Европском информационом систему о шумским генетичким ресурсима (*Establishment of a European Information System on Forest Genetic Resources*, EUFGIS), Паневропска мрежа садржи информације од 3.657 јединица (укупан број популација 4.394) и 109 врста дрвећа у 35 држава.

#### **11.4.2. Стање шума и генетичких ресурса у Републици Српској и Босни и Херцеговини**

Република Српска, као дио БиХ, сврстава се у подручја са највишим степеном биолошке разноликости у Европи. Приближно 70% европских сисара, 75% европских птица 52% европских слатководних риба, 79% медитеранских врста риба, 39% европских васкуларних биљака и значајан број реликтних и ендемичних врста, насељавају територију Босне и Херцеговине, Србије и Црне Горе (Stevanović i Vasić 1995).



На основу постојећих инвентура, јасно је да је богатство биљног и животињског свијета, биоценоза и екосистема Републике Српске, изузетно велико и да, у поређењу са богатством врста одговарајућих група, односно биоценоза и екосистема у оквиру Балканског полуострва или Европе, представља не само национално богатство, већ и изузетан развојни потенцијал (Матаруга и сар. 2013). БиХ (Република Српска) једна је од најбогатијих по разноликости доместифицираних дивљих врста биљака и животиња у дугој прошлости развоја цивилизација на овим просторима. Неке од њих су се толико одомаћиле и адаптирале да представљају, заједно са дивљим облицима, вриједан дио природне баштине.

Специфичан географски положај на линији удара средњоевропских и медитеранских утицаја, као и велика разноликост геоморфолошких, геолошких, хидролошких и педолошких одлика, условили су да Република Српска (БиХ) представља подручје изузетног генетског, специјског и екосистемског диверзитета. Од укупно 1.800 врста ендемске флоре на Балкану, око 30% налази се у БиХ, а већина и у Републици Српској (Матаруга и сар. 2013). Територија Републике Српске (2.461.700 ха), са 3.760 врста, има индекс биодиверзитета 0,0015 (Стратегија развоја шумарства РС 2011–2021).

На подручју Републике Српске налазе се примарни генцентри већег броја ендемских и ендемско-реликтних врста, од којих је међу првима оморика (*Picea omorika* Рапчић/Purk) (Исајев 1987). Шумски ресурси Републике Српске обилују бројним екотиповима, варијететима, формама и другим облицима полиморфизма, што су значајни чиниоци за очување адаптивности врста (Исајев и Туцовић 1997; Isajev i sar. 1997; Mataruga i sar. 2000, 2005; Stevanović i Vasić 1995).

Полазну основу за проучавање, заштиту и усмјерено коришћење биодиверзитета заштићених подручја у Босни и Херцеговини, представља еколошко-вегетацијска рејонизација Босне и Херцеговине (Стефановић и сар. 1983), којом је њена територија подијељена на четири области, са 14 подручја:

**Припанонска област** са подручјима: 1. Сјеверnobосанско, 2. Сјеверозападно босанско; **Прелазно илирско-мезијска област** са подручјима: 1. Доње дринско, 2. Горње дринско; **Област унутрашњих Динарида** са подручјима: 1. Цазинске крајине, 2. Западнобосанско кречњачко-доломитско, 3. Средњобосанско, 4. Завидовићкотеслићко, 5. Источнобосанске висоравни, 6. Југоисточно босанско; **Медитеранска област** са подручјима: 1. Субмедитеранско-планинско, 2. Субмедитеранско-монтано, 3. Субмедитеранско, и 4. Еумедитеранско.

Природно наслеђе Босне и Херцеговине представља високовриједни дио природе. У ову категорију спадају: национални паркови, просторно ограничена подручја природе, појединачне биљне и животињске врсте, споменици природе и заштићена подручја. Око 1% укупне површине шума и шумског земљишта Републике Српске отпада на прашумске резервате, националне паркове, споменике природе, заштићене пејзаже и резервате (Матаруга и сар. 2013). Према другим подацима, само је 0,55% територије под службеном заштитом (у поређењу са државама Европске уније које имају просјек од 7%) (Матаруга и сар. 2013). Тренутно су издвојена три национална парка – Национални парк „Сутјеска“; Национални парк „Козара“ и Национални парк „Дрина“, те прашумски резервати – Прашумски резерват Јањ (295 ха); Прашумски резерват Лом (297,8 ха). У срцу Националног парка „Сутјеска“ смјештен је строги природни резерват Перућица (1.434 ха), највећа прашума у Европи (Заштићена подручја Републике Српске, 2013). Међутим, не треба испустити из вида да значајне површине шума у екстремним орографско-едафским условима (клицуре, кањони, и др.) изван система газдовања представљају посебан извор биодиверзитета и генофонда (Матаруга и сар. 2013). Има могућности да се површине шума са посебном намјеном прошире најмање на 5% укупне површине (Матаруга и сар. 2013). Флору Босне и Херцеговине чини око 4.500 виших биљака, 600 таксона маховина и 80-ак таксона папрати (Брујић 2011). Тренутно се у БиХ налази око 250 врста шумског дрвећа и грмља. У шумама живи и преко 200 врста фауне. У прашуми Перућици регистровано је 449 таксона (врста и подврста) виших биљака и 79 ендемита (Ratknić i sar. 2006). У Националном парку „Козара“, укупне површине 3.494 ха, регистровано је 865 врста, од чега је 117 гљива, 11 лишајева, 80 маховина и 657 врста виших биљака (Vucalo i sar. 2007). У прашумском резервату Лом, на површини од 298 хектара, нађене су 463 врсте, од чега су 74 гљиве, 37 лишајеви, 96 маховина и 256 васкуларних биљака (Vucalo i sar. 2008). На подручју Националног парка „Дрина“ констатовано је 635 такса, док је флора распоређена у 90 породица и 351 род (Национални парк Дрина (2021) <https://npdrina.com/>). Ово су само неки од примјера огромног специјског диверзитета који се може наћи и на релативно малим површинама шумских екосистема.

### **11.5. Газдовање шумама и шумски генетички ресурси**

У Републици Српској шумама се газдује по принципу трајности приноса, што значи да се подржава систем одрживости шумских заједница и њихова заштита (Матаруга и сар. 2013). Газдовањем се стимулише природна обнова

шума, чиме се обезбјеђује интраспецијски диверзитет и заштита свих вриједности шума. Овај научни принцип је општеприхваћен и дио је овдашње традиције у газдовању шумама. Систем је детаљно разрађен и уграђен у све планове газдовања, тј. шумско-привредне основе (ШПО) и изведбене пројекте. Концепт газдовања шумама на просторима Републике Српске (БиХ) има дугу традицију (развијан је више од 100 година) и у цјелини је сагласан са међународним критеријумима одрживог газдовања шумама и заштите биодиверзитета (Говедар 2006).

У укупном шумском фонду Републике Српске (државне и приватне шуме) категорија високих шума има највеће учешће, које износи 652.178 ха или 48,2%, док категорија изданачких шума има учешће од 411.079 ха или 30,4%. Ако се анализирају површине шума без шумског земљишта подесног и неподесног за пошумљавање и газдовање, категорија високих шума у власништву Републике има највеће учешће од 544.570 ха или 53,89%, од чега је шумских култура 52.065 ха. Високе шуме са природном обновом заузимају површину од 473.462 ха или 46,9%, високе деградирание шуме 19.043 ха или 1,9%, док категорија изданачких шума има учешће од 217.645 ха или 21,5%. Код шума у приватном власништву учешће високих шума са природном обновом је 105.791 ха или 35,1%, високих деградираних шума 666 ха или 0,2%, шумских култура 1.093 ха или 0,4% и изданачких шума 193.434 ха или 64,3% (Говедар и Медаревић 2008). У високим шумама са природном обновом доминирају шуме букве, затим букве, јеле и смрче и јеле са смрчом (око 40% укупне површине шума у државној својини) (Стратегија развоја шумарства 2011). Комбиноване методе обнављања, засноване на примјени пребирног система газдовања, примјењују се у овим шумама. Готово на читавој површини високих шума у Републици Српској примјењује се групимично-пребирни систем сјеча, што увелико оставља простора пројектанту и извођачу за прилагођавање интензитета у зависности од врсте и станишта (у смислу дефинисања величине подмладног језгра). Досадашњи резултати у обнови мјешовитих шума су добри, те је општи став да је потребно и у будућности наставити са њиховом досљедном примјеном. Производни потенцијали високих чистих букових и храстових шума са природном обновом нису на најбољи начин искоришћени. Опште стање код четинарских чистих и мјешовитих састојина знатно је боље него код чистих и мјешовитих лишћарских састојина. Због тога је, у циљу бољег коришћења производног потенцијала лишћарских шума (нарочито букових и храстових), потребно приступити разради система газдовања по производним типовима ових шума, односно газдинским класама (Govedar 2005).

Када се у процесу селекције и одабира за сјечу дрвенасте врсте сматрају корисним, неодрживи модели коришћења представљају још једну пријетњу

генетичким ресурсима. Проблем се обично односи на учесталост и интензитет сјече, било за дрвну или недрвну производњу, и на начин како шуме реагују на нивоу врста и екосистема након сјече. Деградација генетичких ресурса не мора да подразумијева уклањање свих стабала, она може имати облик селективне сјече, остављајући само дрвеће лошијег здравственог стања за будући циклус репродукције и на тај начин утиче на квалитет сјемена и природну регенерацију, а сходно томе и на економску добит у дужем временском периоду. Селективне прореде воде разрјеђивању састојина, што може довести до промјена у генетској структури преостале популације. Кроз операције дознаке и сјече може се угрозити генетичка разноврсност, као и квалитет потомства уколико селекција има „негативан предзнак”, односно ако се током узгојних захвата не врши правилна узгојно-техничка класификација стабала (Говедар 2007).

### 11.6. Методе конзервације шумских генетичких ресурса

Ефикасан програм очувања и проучавања генофонда врста подразумијева мултифакторијални приступ у истраживањима и његовом спровођењу. Њиме су обухваћени картирање, односно географске дистрибуције врста и анализе утицаја њихове метапопулационе структуре на популациону стабилност и на репродуктиван циклус унутар њих. У процесу конзервације, прецизним картирањем спонтане појаве врсте, а у циљу заштите укупног екосистема, морају се издвојити много веће површине у непосредном окружењу него што су то површине популација врсте која се конзервира.

Тако је у циљу заштите дивљег сродника кукуруза *Zea diploperens* (*Teosinta*), који је пронађен само на 6 хектара у Мексику, кроз *UNESCO MAB PROGRAM*, заштићено подручје од 135.000 хектара. Без поузданих информација о величини и просторним дистрибуцијама популација циљане врсте, не може се тврдити да је генетска разноликост на крају сачувана. Из тог разлога, већина националних програма за очување шумских генетичких ресурса мора да се бави очувањем локално прилагођених популација. Имајући у виду да је циљ очување генетичких ресурса, врсте дрвећа могу се сврстати у групе (Geburek and Turok 2005):

- врсте за које не постоје мјере које би могле допринијети њиховој конзервацији,
- врсте које ће опстати или преживјети и без предузетих мјера,
- врсте које ће опстати само ако се примијене одговарајуће мјере управљања (колико средства дозвољавају).

Важно је прво идентификовати ову посљедњу категорију врста, а затим им, као приоритетну, додијелити средства (Vane-Wright 1996). Географска дистрибуција популација наведене врсте мора бити пописана и картирана, чиме ће се добити поуздан увид у обим угрожености одређених популација, тако да ће метод управљања и очувања бити добро постављен. Основу за конзервацију шумских генетичких ресурса представља генетичка варијабилност природних популација, која је резултат различитих генетичких процеса: мутација, рекомбинација, флукуације гена, селекције и генетичког дрифта (Geburek and Turok 2005). За евидентирање и утврђивање степена генетичке варијабилности користе се методе класичне и молекуларне генетике (Geburek and Turok 2005). Методе класичне генетике углавном се базирају на анализи квантитативних својстава на макроскопском и микроскопском нивоу, уз примјену различитих статистичких метода за анализу добијених података. За прецизније проучавање генетичке варијабилности данас се примјењују методе молекуларне генетике, познатије као молекуларни маркери, помоћу којих се утицај фактора спољашње средине знатно редукује, а посматра се варијабилност која је под директном контролом генотипа. Са аспекта очувања генетичке варијабилности, може се говорити о различитим „методама“ конзервације. Термин „метод“ користи се у контексту одређене концепције конзервације генетичких ресурса: *in situ* или *ex situ*, динамична или статична, док се врста, екосистем, популација, индивидуа или дио индивидуе сматрају објектом конзервације (Geburek and Turok 2005). У активностима на очувању и усмјереном коришћењу генетских ресурса врста дрвећа примјењују се двије основне методе рада. Први поступак заснован је на искуству из пољопривреде и подразумева примјену високе технологије, коришћење техника убрзаног оплемењивања на специфичне особине, складиштење гена у ген-банкама и подизање сјеменских плантажа као доминантног облика очувања гена. Други метод рада базира се на претпоставци да је природно обнављање довољно да обезбиједи и очува популације са оптимумом и стабилношћу генетских извора, што је истовремено и најбољи начин конзервације. Очување, тестирање и коришћење генофонда врста дрвећа, обухвата више активности:

- изучавање природе фенотипске варијабилности у великим и малим популацијама,
- унапређење технике масовне и индивидуалне селекције,
- примјену блиске и удаљене хибридизације,
- анализу морфометријских карактеристика,
- упознавање међузависности особина раста и развоја анализираних генотипова и њиховог потомства (Isajev i sar. 1988).

Стратегије очувања генетичких ресурса груписане су у *in situ* и *ex situ* категорије. Облици очувања генетских ресурса могу се подијелити у двије основне групе: *in situ* и *ex situ* (Таб. 11.1).

Таб. 11.1. Облици очувања генетских ресурса (Isajev et al. 1997)  
Table 11.1. Forms of conservation of genetic resources (Isajev et al. 1997)

Очување генофонда	
Конзервација постојећих састојина <i>in situ</i>	Подизање специјализованих култура <i>ex situ</i>
природни резервати	арборетуми
национални паркови	живи архиви
групе стабала или појединачна стабла	провенијенични тестови
сјеменске састојине	тестови потомства
	сјеменске плантаже

Газдовање шумским генетичким ресурсима, које у исто вријеме треба да обезбиједи конзервацију, унапређење и њихово усмјерено коришћење, представља велики изазов који се поставља пред шумарску струку. Стратегија конзервације и метода рада која ће се примијенити зависи од укупног знања о врсти са којом се ради, а базира се на: величини ареала и распрострањења, општих биолошких одлика врсте, начина размножавања, генетичке структуре, система оплемењивања и других одлика које су са њом повезане. При активностима на конзервацији врста и унутарврсној варијабилности, обје стратегије, *in situ* и *ex situ*, комплементарне су и треба да се одвијају паралелно једна са другом.

Везивање конзервације генофонда врста дрвећа за оплемењивање и побољшање својстава дрвећа, подразумијева активности обезбјеђивања и заштите основе генетске варијабилности и стварање генетичких ресурса од којих се, примјеном различитих метода оплемењивања, може добити унапријеђен и побољшан материјал (Isajev i Tucovic 1998). Ово подразумијева трагање за генетским ресурсима и њихову идентификацију кроз истраживања и изучавања генетичке структуре и система оплемењивања појединачне врсте. Касније се обично укључују истраживања варијабилитета унутар и између популација у огледима, као што су провенијенични тестови, тестови потомства *half* и *ful sib* линија итд.

Сваки процес конзервације неопходно је започети јасним дефинисањем његовог циља. Када процес конзервације омогућава адаптацију и промјене фреквенције гена у складу са локалним селективним утицајем, говоримо о динамичној (еволутивној) конзервацији. Уколико је процес конзервације

планиран са циљем очувања тренутне фреквенције гена оригиналне популације, при чему изостају ефекти генетичких процеса, говоримо о статичној конзервацији (Guldager 1975). Конзервација врста на оригиналном станишту (*in situ* конзервација) типичан је примјер динамичне-еволутивне конзервације, константних дугорочних покушаја очувања адаптабилног потенцијала врста. Међутим, еволутивна конзервација може се примијенити и на вјештачки подигнутим *ex situ* објектима, у оквиру којих је дозвољено дјеловање процеса селекције и да се смјена генерација одвија генеративно (Isajev et al. 1997).

Основни циљ статичне конзервације је презервација тренутног сета гена у колекцији или узорку. Статична конзервација везује се за ситуације у којима је одабрана група тестираних генотипова, гдје су познате вриједности, крајњи циљ конзервације, или у којима није могуће основати *ex situ* плантажу према еволутивним конзервационим циљевима (Isajev et al. 1997). У овакав вид конзервације спада чување и заштита вегетативно произведених клонова у клонским архивима. Код неких врста могуће је спроводити овај метод конзервације и путем оснивања банке сјемена, полена, ДНК, *in vitro* експлантата и криопрезервацијом. Коначно, одређени степен статичне конзервације може бити постигнут и у конзервационим објектима основаним помоћу садница: сјеменске плантаже, провенијенични тестови, тестови потомства, у којима се мјере газдовања спроводе са циљем елиминације процеса природне селекције (примјена систематске прореде).

### 11.6.1. *In situ* методе конзервације

*In situ* (на мјесту) конзервација подразумијева конзервацију шумских генетичких ресурса у природним популацијама које су у нормалном режиму газдовања, заштићеним подручјима или вјештачки подигнутим популацијама, без усмјерене селекције, на подручјима са којих сакупљено сјеме изворно потиче (Geburek and Turok 2005). Овакав концепт представља динамичан вид конзервације који подразумијева очување жељеног генетичког састава популације уз континуирано одвијање генетичко-еволутивних процеса, као посљедице интеракције између генотипова и фактора спољашње средине.

У складу са представљеним облицима очувања генетских ресурса (Таб.11.2) у Републици Српској, издвојена су три национална парка, два строга резервата природе, чији је облик заштите и начин газдовања строго дефинисан законом, и 113 сјеменских објеката (Таб. 11.3 и 11.4).

Таб. 11.2. Облици очувања генофонда врста дрвећа *in situ* у Републици Српској  
 Table 11.2. *Forms of preservation of the gene pool of tree species in situ in the Republic of Srpska*

Карактер природних популација		Укупан број	Укупна површина (ха)
Строги резерват природе	"Лом"	2	297,80
	„ Јањ“		295,00
Национални паркови	1. Сутјеска	3	16.052,34
	2. Козара		3.907,54
	3. Дрина		6.315,00
Сјеменски објекти	Сјеменске састојине	113	683,34
	Групе стабала		
	Појединачна стабла		
	Сјеменске културе		

У оквиру сјеменских објеката најзаступљеније су сјеменске састојине (47), затим појединачна стабла (42), групе стабала (19), док је најмање заступљено сјеменских култура (5).

У Федерацији Босне и Херцеговине регистровано је 97 сјеменских објеката са укупном површином 1.205,01 ха. Од тога је 55 сјеменских објеката четинарских врста, од чега су 6 домаћих и двије интродуковане (Свјетковић et al. 2019). Значајно за очување шумског биодиверзитета је заштићена и регистрована сорта жута буква („Службени гласник Републике Српске“, број 111/09) која је одлуком Владе Републике Српске издвојена као споменик природе („Службени гласник Републике Српске“, број 30/12). Жута буква је јединствен примјерак врсте која се одликује жутом бојом лишћа. Примјерак се налази на територији општине Котор Варош. Као споменик природе, налази се у III Категорији IUCN.

Укупна површина сјеменских састојина и сјеменских култура на подручју Републике Српске је 991,81 ха. Сјеменске састојине букве и црног бора најзаступљеније су по површини од свих сјеменских објеката (Граф. 11.1). *In situ* конзервација знатно је ефикаснија приликом конзервације функција екосистема него појединачне врсте. Код већине дрвенастих врста, *ex situ* методе конзервације не могу се примијенити због бројних биолошких, техничких и ресурсних ограничења, што увећава значај *in situ* метода конзервације.

Примјеном *in situ* конзервације у природним популацијама унапређују се функције цјелокупног екосистема и међуврсна интеракција. Осим тога, у шуми су присутне бројне дрвенасте и жбунасте врсте, које можда нису од



великог значаја за газдовање, али могу бити од изузетне вриједности у смислу генетичких ресурса и њихове употребе у будућности. *In situ* конзервација је фокусирана на конзервацију генетичких ресурса у њиховим изворним екосистемима, без обзира да ли је у тај екосистем присутан људски фактор.

Таб. 11.3. Број сјеменских објеката по врстама дрвећа у Републици Српској  
 Table 11.3. Number of seed objects by species in the Republic of Srpska

Сјеменски објекти	Врста дрвећа	Број објеката
СИЈЕМЕНСКЕ САСТОЈИНЕ	<i>Fagus sylvatica</i>	9
	<i>Quercus petrea</i>	4
	<i>Abies alba</i>	4
	<i>Picea omorika</i>	6
	<i>Pinus nigra</i>	4
	<i>Pinus sylvestris</i>	6
	<i>Picea abies</i>	7
	<i>Picea abies &amp; Abies alba</i>	4
	<i>Abies alba &amp; Picea abies</i>	1
	<i>Acer pseudoplatanus</i>	1
	<i>Juglans regia</i>	1
ГРУПА СТАБАЛА	<i>Acer pseudoplatanus</i>	3
	<i>Quercus rubra</i>	2
	<i>Betula verrucosa</i>	1
	<i>Castanea sativa</i>	1
	<i>Chamaecyparis lawsoniana</i>	1
	<i>Fraxinus excelsior</i>	1
	<i>Juglans nigra</i>	1
	<i>Larix decidua</i>	1
	<i>Pinus mugo</i>	1
	<i>Pinus strobus</i>	1
	<i>Prunus avium</i>	1
	<i>Pseudotsuga menziesii</i>	1
	<i>Pyrus piraster</i>	1
	<i>Quercus robur</i>	1
	<i>Robinia pseudoacacia</i>	1
	<i>Thuja occidentalis</i>	1
	СИЈЕМЕНСКЕ КУЛТУРЕ	<i>Picea omorika</i>
	<i>Pseudotsuga menziesii</i>	4

Таб.11.4. Број појединачних стабала по врстама дрвећа у Републици Српској  
 Table 11.4. Number of seed objects by species in the Republic of Srpska

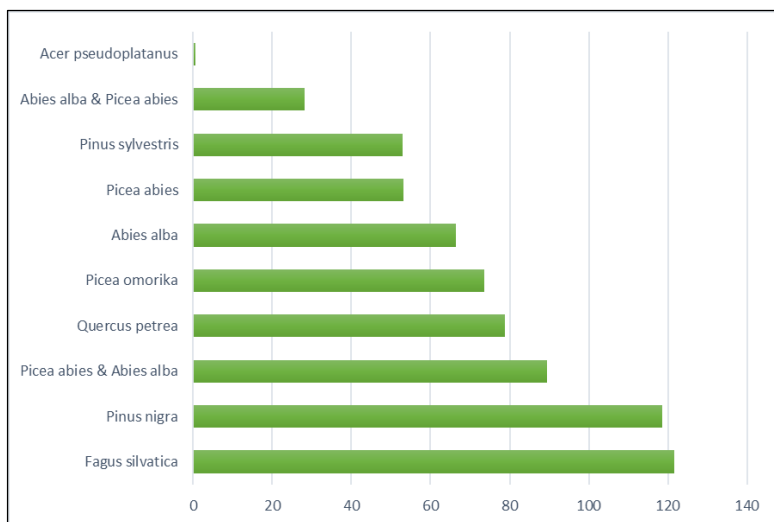
Сјеменски објекти	Врста дрвећа	Број објеката
ПОЈЕДИНАЧНА СТАБЛА	<i>Acer pseudoplatanus</i>	4
	<i>Prunus avium</i>	2
	<i>Abies grandis, Acer dasycarpum, Acer platanoides, Aesculus hippocastanum, Carpinus orientalis, Cedrus deodara, Celtis australis, Chamaecyparis lawsoniana, Corylus colurna, Cupressus sempervirens, Evodia daniellii, Fraxinus ornus, Koelreuteria paniculata, Liquidambar straciflua, Malus sylvestris, Morus alba, Morus nigra, Ostrya carpinifolia, Picea pungens, Pinus halepensis, Pinus heldreichii, Pinus maritima, Pinus pinea, Pinus wallichiana, Prunus cerasifera, Quercus ilex, Quercus pubescens, Quercus trojana, Robinia pseudoacacia Hrzshii, Sophora japonica, Thuja occidentalis, Thuja occidentalis Columna, Thuja plicata, Tilia cordata, Tilia platyphyllos, Tsuga menziesi</i>	1

На једноставан начин гермплазма је конзервирана на мјесту гдје је природно лоцирана. *In situ* генетичка конзервација, према томе, обухвата конзервацију одређених популација кроз генерације, с циљем очувања спонтано развијених генетичких структура унутар врста (Koski et al. 1997). Процес развијања и имплементације програма *in situ* конзервације подијељен је у седам активности које треба спроводити (Isajev et al. 1997):

- сакупљање релевантних података,
- селекција циљних врста и постављање приоритета,
- установљавање основног метода конзервације (активи, пасивни, статички, динамички),
- идентификација и селекција популација које ће се чувати,
- дефинисање објеката конзервације и специфичних циљева,
- дефинисање смјерница вођења (ако постоје) и успостављање мониторинг система.

За правилан избор подручја *in situ* конзервације и начина његовог газдовања неопходно је одредити (Isajev et al. 1997):

- број конзервационих подручја;
- оптималну величину сваког конзервационог подручја;
- појединачне популације унутар подручја;
- план газдовања.



Граф. 11.1. Површине сјеменских састојина по врстама дрвећа  
*Graph. 11.1. Areas of seed stands by tree species*

Избор станишта и популација, које ће бити укључене у подручје за генетичку конзервацију одређених врста, мора се заснивати на познатој или очекиваној дистрибуцији генетичке варијабилности. До сада у нашој земљи генетичка истраживања спроведена су само на појединим шумским врстама, а уколико подаци и постоје, тешко су примјењиви за идентификовање конзервационих станишта. Посебну пажњу треба посветити конзервацији унутарврсне генетичке варијабилности у периферним и изолованим популацијама, јер се оне често карактеришу добрим особинама, као што су отпорност на сушу, толерантност на различите земљишне услове или својства која ће им у будућности обезбиједити опстанак у процесима климатских промјена. Популације морају бити одабране тако да обухвате све генеколошке зоне.

У пракси се препоручује конзервација више од једне популације по генеколошкој зони. Широко распрострањене врсте и врсте са високом способношћу укрштања често посједују континуирани распоред генетичке варијабилности, те се релативно лако може обавити узорковање унутар генеколошких зона.

За овакве врсте, оснивање 1–3 подручја за генетичку конзервацију у свакој већој зони сматра се довољним. Код врста са високим процентом самооплодње, као и код оних са дисјунктивним ареалом, па и код ендемских врста, више мањих конзервационих подручја је пожељније. У пракси, број популација изабраних за конзервацију зависи и од степена угрожености популације, ресурса расположивих за газдовање и очекиване економске и генетичке вриједности.

Како генетички диверзитет може бити еродиран у малим популацијама, конзервационо подручја морају имати потребну ефективну величину. Док се нискофреквентни гени прилично брзо изгубе у малим популацијама, високофреквентни гени могу бити конзервирани помоћу свега неколико индивидуа, кроз најмање неколико генерација.

У пракси, величина конзервационог подручја високо је варијабилна. Мале популације треба избјегавати кад год је то могуће. Подручје потребно за конзервационо станиште ће зависити од густине репродуктивних стабала циљне врсте. Имајући у виду да су конзервациони циљеви усмјерени ка конзервацији адаптабилне квантитативне генетичке варијабилности, конзервационе популације морају укључити најмање 150, а идеално преко 500 индивидуа, које ће се међусобно укрштати. Врсте са густином 2–5 индивидуа на 100 ха захтијеваће већа подручја од врста чија је густина преко 100 индивидуа по хектару. Величина подручја потребног за конзервацију може се кретати у распону од 5 ха до 10.000 ха, понекад и више (Isajev et al. 1997). Деградација станишта као посљедица људских неповољних утицаја може за посљедицу имати висок степен угрожености неких врста, док друге могу имати чак користи у таквим ситуацијама (нпр. пионирске врсте). Темељна процјена степена угрожености и њихових узрока није једина помоћ за селекцију приоритетних врста за програме конзервације већ указују на то да активности конзервације морају бити обавеза. Као илустрације, могу се навести врсте које су природно ограничене у суженим условима станишта, као нпр. црна топола (*Populus nigra* L.) која се природно јавља само у плавним равницама, дуж водотока ријека. У циљу конзервације црне тополе, која је угрожена у многим европским земљама, није довољно конзервирати их у *in situ* популацијама. У многим случајевима услови ријечних система и њихова динамика су промијењени људском активношћу до тог степена да се *Populus nigra* не може више природно обновити (Lefevre et al. 2003).

У таквим околностима, активностима конзервације би прво требало побољшати или чак поново успоставити природна станишта, тј. на локацијама гдје је то могуће не спречавати плављења, или алтернативно,

примјеном адекватних техничких мјера, створити природне услове за обнављање црне тополе. Као најстарији метод очувања генофонда врста дрвећа *in situ* је издвајање и усмјерено коришћење сјеменских састојина, врста дрвећа, првобитно за производњу сјемена дрвећа и жбуња, а потом као облик очувања генетског богатства врста дрвећа.

*In situ* конзервација може привидно изгледати као један лак пут конзервације диверзитета врста и њихових генетичких ресурса. То су високо комплексне и обимне активности, које подразумевају пуно искуства, информациону базу и финансијска средства. Једино систематични приступ може гарантовати да сви важни генетички ресурси могу бити чувани у минималном броју резервата са минимумом трошкова. На крају, двије важне ствари потребно је истаћи. Прво, не постоје оптимална стандардна рјешења за *in situ* конзервацију. Рјешења би требало да су повезана и прилагођена биогеолошким одликама врста, демографским и екогеографским ситуацијама у регионима конзервације, објектима чувања и националним, социјалним и политичким контекстом (Матаруга и сар. 2005). Главни циљ ових заштићених подручја је очување екосистема као цјелине, заштита природних љепота или станишта за угрожене животињске врсте. Како су она по дефиницији, заштићена законом, то је оперативни приступ у њима пасиван, док је генетски приступ статичан. У подручјима заштићене природе и националним парковима озбиљно ограничење представља законом утврђена доступност тог генетског извора за рад на оплемењивању, док преодоминантност старих шума оправдано ставља под сумњу сигурност регенерације и, према томе, сигурност генетске конзервације.

### 11.6.2. *Ex situ* метода конзервације

Стратегија *ex situ* конзервације има за циљ фиксирање, анализирање и усмјерено коришћење компонената генетичког диверзитета популација изван њиховог природног, спонтаног станишта (Матаруга и сар. 2013). У току развоја програма конзервационе генетике, и оплемењивања четинара, развиле су се различите методе *ex situ* очувања генофонда дрвећа. Ове методе своје специфичности заснивају на општим биолошким карактеристикама врсте, међу којима су од изузетног значаја облици и атрибути размножавања (генеративно и вегетативно), адаптабилни потенцијал на климатске промјене, одлике промјена у популацијама и могућностима складиштења сјемена.

У току развоја програма оплемењивања, развиле су се различите методе *ex situ* очувања и усмјереног коришћења генофонда врста дрвећа, које имају за

циљ конзервацију компонената генетичког диверзитета изван њиховог природног станишта. Без обзира на то што *ex situ* објекти имају исти циљ при конзервацији, они се, у зависности од примијењених методских поступака рада при оснивању и циљева конзервације, разликују и обухватају:

- оснивање арборетума, живих архива, провенијеничних тестова, тестова потомства,
- оснивање сјеменских плантажа – клонских и (или) генеративних,
- производњу унутарврских и међуврских хибрида,
- оснивање клонских колекција, клонских тестова у густој мрежи упоредних клонских засада и експериментално-производних макро огледа са бројним домаћим и страним клоновима колекција сјемена, полена или вегетативног репродуктивног материјала, као што су резнице, племке и *in vitro* култура ћелија и ткива.

У Србији су за оснивање вишенамјенских пилот-објеката, поред међународног искуства и метода рада, примијењени резултати вишегодишњих теренских и лабораторијских истраживања природе варијабилитета унутар и међу природним, спонтаним популацијама смрче (*Picea abies* Karst), оморике, (*Picea omorika* /Panč/ Purkyne), црног (*Pinus nigra* Arnold) и бијелог бора. (*Pinus sylvestris* L) (Isajev 2016). Подигнути пилот-објекти, према избору локација, резултатима спроведених истраживања у полазним популацијама, биотехнолошким карактеристикама садница произведених од сјемена тест стабала, као и шемом садње биљака на терену, оригинални су и у складу са међународним стандардима *ex situ* конзервације ових врста. Основани пилот-објекти у Србији су провенијенични тест смрче (Исајев и Туцовић 1992), генеративне сјеменске плантаже прве генерације оморике (Исајев 1987), црног бора (Исајев и сар. 1994) и бијелог бора (Лућић 2012), поред доприноса конзервацији генетског богатства, производњи репродуктивног материјала, значајни су и као експерименталне популације у којима се, примјеном метода шумарске генетике, физиологије биљака и генекологије, унапређује стратегија оплемењивања дрвећа. Поред значаја за шумарску науку и праксу, ови пилот-објекти су и експериментални полигони за даљу квалификацију научног кадра. У Републици Српској, тј. Босни и Херцеговини, подигнуто је више објекта *ex situ* конзервације генофонда врста дрвећа.

**Провенијенични тестови.** На подручју Босне и Херцеговине, током 20. вијека, подизани су тестови потомства са акцентом на четинарске врсте (смрча, дуглазија, ситканска смрча, ариш и др.) (Daničić et al. 2019). У посљедњих неколико година подизани су углавном тестови домаћих лишћарских врста, као што су храст лужњак и буква.

*Провенијенични тестови дуглазије.* Најчешће заступљена врста у провенијеничним тестовима, као интродукована врста је дуглазија (Daničić et al. 2019). Током 1962. године, као резултат међународне сарадње кроз IUFRO, подигнути су огледи са америчким и канадским провенијенцијама зелене (обалске) дуглазије на неколико локалитета у БиХ. Локалитети на којима се тестира дуглазија су Голеш код Травника, Градишка и Баталово блато. Pintarić (1991) препоручује популације из сјеменских зона из Вашингтона, као зона из којих је репродуктивни материјал постизао најбоље резултате по питању преживљавања и раста.

*Провенијенични тестови ариша.* Огледи са аришом основани су 1959. године, те праћени до 1990. године, када су извршена посљедња мјерења. Провенијенични тест је у периоду 1992–1995. године девестиран у току ратних дешавања и није био погодан за даље праћење. Подигнуто је 46 огледа у Европи и САД, а једна плоха је подигнута у БиХ, у оквиру другог интернационалног огледа са аришем по методологији коју је написао Schober (Daničić et al. 2019)

*Провенијенични тестови бијелог бора.* На подручју БиХ подигнута су 4 провенијенична теста бијелог бора, 1989. године, на локалитетима Романија – Соколац, Завидовићи, Теслић и Босански Петровац (Stefanović 1980). У тестовима на локалитетима Романија – Соколац праћени су параметри преживљавања и морфометријски параметри (Ballian et al. 2009; Cvjetković et al. 2014). У осталим тестовима вршена су мјерења, али резултати још увијек нису публиковани. Резултати указују на значајну варијабилност међу тестираним провенијенцијама у погледу морфометријских параметара. Поред ова 4 провенијенична теста, постоје још два, у Жепчу и на Купресу, који су у фази истраживања.

*Провенијенични тест лужњака.* Оглед је основан 2009. године, а тест је основан од 28 популација у Босни и Херцеговини са типом садног материјала 1+0, на подручју општине Жепа. Неке од популација које нису у појасу ријеке Саве, гдје је карактеристични ареал лужњака, имају врло добре резултате, и обрнуто (Memišević-Hodžić et al. 2016). Други провенијенични тест храста лужњака основан је 2019. године на подручју Подградаца. Тест је основан од четири популације из Хрватске (Сисак, Нашице, Нова Градишка и Копривница) и четири популације из Босне и Херцеговине (Приједор, Карановац, Подградци и Србац), типом садног материјала 2+0. Први резултати истраживања односе се на преживљавање (опстанак) садница на крају првог вегетационог периода и кретао се између 26 и 72%. Највећи проценат преживјелих садница забиљежен је код садница из популације Подградци и Нова Градишка (Pećanac et al. 2019).

*Тестови потомства смрче.* Као резултат активности на издвајању сјеменских објеката у Републици Српској, током 2009. године подигнути су тестови потомства на 4 локалитета у БиХ: Дринић, Дервента, Сребреница и Невесиње. Основани су од шест популација из БиХ (двје популације из Хан Пијеска, по једна популација из Фоче, Потока, Олова и Кнежева). До сада су рађена истраживања опстанка садница и постојање разлика између популација и линија полусродника (Mataruga et al. 2010), затим истраживања којима су дефинисана најранија и најкаснија отварања пупољака, као и утврђивање популација које се одликују најбржим растом (Cvjetković et al. 2016; Cvjetković et al. 2015a; Cvjetković et al. 2015b; Cvjetković et al. 2015c). Сprovedена су генетска истраживања примјеном SSR маркера у два провенијентна теста – Дринић и Сребреница (Cvjetković et al. 2017).

**Сјеменске плантаже.** На подручју БиХ подигнуто је неколико сјеменских плантажа у циљу производње квалитетног репродуктивног материјала.

**Сјеменске плантаже бијелог бора.** На подручју Босне и Херцеговине подигнуте су сјеменске плантаже бијелог бора у Добоју, у непосредној близини Сарајева и у близини Раковице. Бијели бор има дисјунктан ареал на нашем подручју, али уједно и велику важност за шумарство Босне и Херцеговине.

*Сјеменска плантажа бијелог бора у Добоју.* То је клонска плантажа основана у јесен 1968. године у Озимици, да би у прољеће 1972. године пресађена у Станове код Добоја (Сл. 11.3).



Сл. 11.3. Клонска сјеменска плантажа бијелог бора – Станови (Daničić 2008)  
*Fig. 11.3. Clone seed plantation Scots pine – Stanovi (Daničić 2008)*



Основана је на површини од 1,0 ха, од 20 клонова који воде поријекло са планине Романије, локалитет Кнежински палеж. Рађена су истраживања варијабилности у фенологији цвјетања и утицаја климатских фактора на динамику цвјетања, одлике полена, као и анализа фотосинтетичких пигмената (Daničić 2008, Даничић и сар. 2011а, Daničić et al. 2011b, Daničić et al. 2012, Daničić et al. 2012b, Daničić et al. 2015).

**Сјеменска плантажа „Козији грм“.** Смјештена је у непосредној близини Сарајева. Плантажа је подигнута од 40 клонова, док сваки клон је заступљен са 25 рамета, поријеклом из пет различитих провенијенција са подручја Босне и Херцеговине (Горњи Јањ – 10 клонова, Клековача – 7 клонова, Каљина Биоштица – 16 клонова, Романија – 8 клонова, Гласинац – 6 клонова, Игман – 1 клон) (Ballian i Војић 2004).

**Сјеменска плантажа „Шамин гај“.** Смјештена је у непосредној близини Раковице, око 20 км сјеверозападно од Сарајева. Плантажа је подигнута од 20 клонова поријеклом из једне провенијенције, са локалитета Игман. Сваки од 20 клонова заступљен је са 20 копија, те је приликом подизања сјеменске плантаже било укупно 400 рамета (Daničić et al. 2019).

**Сјеменска плантажа оморике у Какњу.** Сјеменска плантажа Панчићеве оморике простире се на површини од 8,2 ха. Анализама поријекла плантаже бавио се Ballian (2006), те установио да се оморика из сјеменске плантаже из Какња није идентификовала ни са једном познатом популацијом оморике са природних станишта. Као разлог наводи то што су у плантажи добијени алели који су регистровани у више популација оморике, као и то да се један од регистрованих алела не налази уопште у природним популацијама, већ води поријекло из неке од неистражених популација или из мање скупине стабала.

**Арборетуми и алпинетуми.** У БиХ су углавном у склопу расадника које се баве производњом шумског и хортикултурног садног материјала и у оквиру универзитетских комплекса (Daničić et al. 2019).

**Живи архиви.** У Босни и Херцеговини су подигнути: клонски архив црних топола са 163 клона аутохтоне црне тополе, те архив оскоруше *Sorbus domestica* (Daničić et al. 2019).

Новије студије у популационој и еколошкој генетици упућују на закључак да природне и одомаћене врсте дрвећа, садрже значајне резерве генетске варијабилности, и то како географске, тако и интрапопулационе (Isajev 2016). Постоји много варијаната у оквиру врста, па се, по правилу, колекцијама обухвата само мали дио од укупне варијабилности врсте.

У циљу упознавања и усмјереног коришћења генетског потенцијала, неопходно је спроводити претходно експериментално испитивање различитих популација у посебним географским, еколошким и популацијским тест културама.

Од осамдесетих година XX вијека, примјеном различитих активности, конзервација, генофонда врста четинара у Србији и у БиХ, континуирано се обавља у специјализованим пилот-објектима (Isajev et al. 1997, 2016; Matauga 2003; Cvjetković 2018) у којима се врше мултидисциплинарна истраживања:

- изучава природа фенотипске варијабилности у великим и малим популацијама,
- анализирање морфометријске карактеристике генеративних и вегетативних органа,
- развија техника масовне и индивидуалне селекције,
- разматра унапређење технике рада при блиској и удаљеној хибридизацији,
- проучава примјена генетичких и биохемијских маркера у анализама интра и интер популационе варијабилности дрвећа,
- проучавају међузависности особина раста и развоја анализираних генотипова и њиховог потомства.

Добијени резултати омогућују боље упознавање производног и адаптивног потенцијала анализираних врста. Сјеменске плантаже и пилот-објекти, као специјализоване културе, допринесе усмјереном коришћењу генофонда дрвећа, планским превођењем потенцијалне генетичке промјенљивости у слободну, и истовремено су, примјеном нових аналитичких метода еко-физиологије, генетике, оплемењивања дрвећа и биометрике, полигони за тестирање, очување и усмјерено коришћење биодиверзитета врста (Isajev i Šijačić –Nikolić 2003., Isajev 2016).

### **11.6.3. Одређивање величине експерименталних популација**

Величина експерименталних популација у динамичкој конзервацији гена заснована је на генетичким, демографским и факторима животне средине (Graudal et al. 1997). Са генетичке тачке гледишта, сакупљено сјеме из полазних популација које *ex situ* конзервирају, треба да добро представља оригиналну популацију, да обезбјеђује довољну адитивну генетичку варијансу, и да дозволи спонтано одвијање природне селекције на датом мјесту (Isajev 2016). Посебно је битно да површине основаних објеката *ex situ* конзервације буду довољно велике како би се смањио ризик од губитка

генетичке варијабилности ефектом дрифта гена и како би се избјегле могуће негативне појаве које проузрокују ефекте инбридинга. Величина популација заснива се на прорачунима који обухватају ефективну популациону величину у хектарима, која се односи на идеалну панмиксију, са једнаким фертилитетом и бројем потомака из свих спонтаних комбинација. Ови захтјеви се практично никад не испуне, и једна ефективна величина популације од 50 индивидуа може да одговара најмање 100–200 индивидуа у природним стаништима (Graudal et al. 1997; Eriksson 2001).

Величину популације, Brown and Hardner (2000), дефинисали су на основу узорка који укључује са 95% сигурности бар једну копију алела, са произвољном фреквенцом од 0,05. Овај метод подразумева сакупљање сјемена из слободног опрашивања са минимум 15 несродних индивидуа у спонтаним природним шумским популацијама. Graudal et al. (1997), препоручују да се врши сакупљање сјемена са 25 индивидуа дрвећа, која су довољно удаљена једно од другог, најмање на растојању троструке њихове висине, како би се избјегло могуће опрашивање у сродству. Потребно је преузети бригу током сакупљања и манипулације сјеменом због могућих генетичких промјена које се могу индуковати (Hattemer 1995). Уобичајена је појава да се идентитет материнских стабала (донора сјемена) изгуби, због чега је неопходно да се индивидуално сакупљене количине сјемена мијешају у једнаким количинама како би се, колико год је то могуће, обезбиједио подједнак утицај сваке материнске јединке на будуће генетичко богатство *ex situ* објекта.

Када је полазна популација јако мала и када се обавља њена конзервација *ex situ*, неопходно је примјенити неки од метода вегетативног размножавања, оживљавањем резница или путем калемљења (Isajev 2016). У оваквим случајевима, индивидуе ће бити сродне због чега је неопходно у основаним популацијама за *ex situ* конзервацију обезбиједити њихово укрштање са представницима из других удаљених популација, о чему се посебно мора водити рачуна у оквиру концепта конзервације оснивањем клонских сјеменских плантажа.

Процјена потребног броја стабала у експерименталним популацијама варира, али може се сматрати као поуздана ефективна величина експерименталне популације, када она обухвата 30 до 80 индивидуа (Yanchuk 2001). Ова величина узорака обезбјеђује генетичку добит за одабране особине и такође је довољна да се са високом вјероватноћом очувају копије неутралних алела у популацији фреквенције веће од 0,05 (Yanchuk 2001). Међутим, адаптивна генетичка варијабилност у свакој генерацији може бити изгубљена у оном обиму који је директно под

утицајем примијењеног модела секције у полазним популацијама. Код других особина могу се јавити губици у адаптивној генетичкој варијанси при изборима случајног узорка за фактор  $\frac{1}{2}$  Не по генерацији (Bulmer 1985).

*Ex situ* метод конзервације може бити успјешно примијењен у различитим ситуацијама. Они се могу користити када су генетички ресурси угрожени у њиховим природним стаништима и њихова даља егзистенција и развој захтијевају поновно заснивање на некој другој локацији.

Рана доместификација дрвенстих врста у *ex situ* састојинама може функционисати као извор сјемена, узимајући у обзир брзо набављање сјемена за комерцијалну употребу. *Ex situ* популације посебно су важне у програмима гајења дрвећа, када генетичко управљање захтијева усмјерено коришћење генетичког потенцијала популација врста дрвећа, како за људске потребе, тако и за унапређење адаптационог потенцијала на варијабилност услова животне средине.

*Ex situ* популације су уопштено јако мале за одржавање свих ријетких алела или алела ниске фреквенције који могу имати потенцијалну вриједност у будућности. Велики *in situ* резервати ће садржати такве алеле у адекватном броју и интеграција *ex situ* и *in situ* популација је неопходна, из чега произилази закључак да су ове двије методе конзервације генетског диверзитета популација дрвећа комплементарне (Isajev 2016).

Значај објеката *ex situ* конзервације је вишеструк. Поред конзервације дијела гермплазме врста дрвећа, ови објекти су и стационарани вишедеценијски пољски огледи у којима се тестирају и унапређују методе и технике рада на оплемењивању дрвећа.

Поред значаја за шумарску науку и праксу, ови пилот-објекти су експериментални полигони у којима се обављају анализе и спроводе огледи у циљу квалификације научног кадра – израде магистарских теза и докторских дисертација, као и за припрему и публикавање научних радова. У раду на конзервацији и оплемењивању дрвенстих биљака, селекционисани генотипови се „заувијек“ могу очувати путем вегетативног умножавања. Не треба спасавати стотине или хиљаде хектара под дрвећем, већ дуготрајним тестирањем, провјерене ортете могу да се клонирају у милионе копија, што добро илуструју искуства у раду са клонским сортама из родова *Populus*, *Salix*, *Criptomeria* и др. (Isajev 2016).

Модерне методе рада, као што је култура ткива, имају велики потенцијал за очување гена *ex situ*. Како овај модел постаје све оперативнији, могуће је да се, на веома малом простору „ускладишти“ генетски потенцијал великог броја генотипова (Isajev 2016). Методи складиштења сјемена су врло добри

за неке врсте, јер се овако конзервира чување генотипова, гена или генских комплекса. У примјени овог метода конзервације генофонда, треба имати у виду двије важне чињенице:

- да сјеме временом губи клијавост и мора се замијенити новим уродом,
- да код неких врста старење сјемења прате и мутације гена, тако да дрвеће које из њега ниче може имати различиту генетску компоненту од оригиналне популације.

Поред сјемења, и полен се може складиштити за дуги период времена. Међутим, полен представља само половину жељеног материјала, тако да је потребно обезбиједити одговарајуће женске индивидуе, које се могу опрашити поленом сакупљеним са полинатора који посједују жељена генетска својства. Новије квантитативне студије у популационој и еколошкој генетици упућују на то да природне и одомаћене врсте дрвећа у БиХ садрже значајне резервоаре генетске варијабилности, и то како географске, тако и интрапопулационе. Постоји много варијаната код сваке врсте, па колекцијом може бити обухваћен само мали дио од укупне варијабилности. Основа коришћења полазног материјала је претходно експериментално испитивање – апробација разних популација у посебним географским, еколошким и популацијским тест културама (Isajev 2016).

Наведене експерименталне популације, које се састоје од одабраних генотипова испитаног поријекла, оснивају се у циљу чувања дијела евидентиране генетске варијабилности за будуће оплемењивачке циклусе. Овакве популације су подијељене на линије, на главне или кључне дијелове, или у мале вишеструке популације. Како је у њима регенерација планирана уз помоћ контролисаног укрштања и тестирања потомства, укључујући и селекцију, број несродних индивидуа по генерацији је прилично мали и креће се од 69 до 500, у различитим моделима (Isajev 2016). Примјена оплемењивачких метода у њима је сигурно ефикасна за постављене циљеве, али њихове предности са становишта конзервације генофонда на дуги рок треба критички посматрати, јер:

- материјал од кога су основани експерименти увијек је биран према економски важним особинама и број генотипова је релативно мали,
- контролисано укрштање по било ком моделу оплођења теже је извести у природи него у теорији; такође, трошкови рада могу бити врло високи, а стварање безбједних услова, спречавање контаминације нежељеним поленом, може да буде веома сложено,
- оплемењивачке линије могу се разликовати од природне популације и бити значајно стратификоване.

## 11.7. Молекуларни маркери за карактеризацију варијабилности шумског дрвећа

У специфичној области конзервационе генетике, примјена молекуларних маркера у анализама и усмјереном коришћењу природе узрока међуиндивидуалног и међупопулационог варијабилитета изузетно је корисна, како у *ex situ* тако и у *in situ* конзервацији. *Ex situ* конзервација генетичких ресурса обухвата чување узорака у специфичним објектима, подигнутим садним материјалом чијој су производњи претходила вишегодишња мултидисциплинарна истраживања, као и чување материјала у банкама гена. Примарна намјена наведених метода је конзервација генетске разноликости врста у максимално могућем обиму. Управљање банкама гена обухвата четири главне категорије активности, које могу имати користи од примјене молекуларних генетичких маркера. Ове активности обухватају „аквизицију” (развој стратегија узорковања, идентификација популација које треба да буду сачуване), „одржавање” (квантификација генетског дрефта, идентификација генетске контаминације), „карактеризацију” (генетичка процјена гермплазме) и „коришћење” (молекуларни маркери и функционална разноврсност, молекуларни маркери и генетско унапређење) (Bretting and Widrechner 1995; Brown and Kresovich 1996; Karp et al. 1997).

*In situ* конзервација захтијева процјену генетичке варијабилности унутар и између популација, како би се утврдиле популације које треба да се чувају (инвентар генетичког диверзитета). Штавише, то захтијева развој активности управљања за праћење генетских промјена током времена (студија динамике различитости). Студија *in situ* конзервације може такође имати користи од примјене молекуларних генетичких маркера (Karp et al. 1997). Маркер апликације користе се за различите апликације у истраживању разноликости шумских екосистема (Таб. 11.5). Молекуларни маркери нису гени у класичном смислу, они могу да имају, али често немају, биолошку функцију. Дакле, маркери се углавном налазе у ДНК без кодиране/биолошке функције. Из тога слиједи могући закључак, да су молекуларни маркери стални сегмент (поље) у геному. Поред тога, да би маркер био користан у конзервацијској генетици, мора да постоји неки степен варијације, или полиморфизма, на маркер локусу. Важно је знати да варијација на молекуларном нивоу није нужно повезана са варијацијама биолошке функције. Развој ДНК маркера, укључујући RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*), VNTR (*Variable Number of Tandem Repeats or Minisatellites*), SSR (*Simple Sequence Repeats or Microsatellites*), RAPD (*Random Amplified polymorphic DNA*), AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*), SSCP (*Single-Strand Conformation Polymorphism*) и SNP (*Single Nucleotide*

*Polymorphism*) превазишао је ограничења о броју варијабилних локуса. Такође, развојем ДНК маркера створени су услови за проучавање варијација у кодирању, не-кодирању и високо варијабилним регионима, како нуклеотида, тако и органела генома (хлоропласта и митохондрије).

Таб. 11.5. Молекуларни маркери који су у употреби у истраживању разноликости шумских генетичких ресурса: својства и примјена (Brown and Kresovich 1996)

*Table 11.5. Molecular markers used in research on the diversity of forest genetic resources: properties and applications (Brown and Kresovich 1996)*

Маркери/ својства	Опис	Својства*	Апликације	Полимо- рфизам *
Изозими	Израз протеинских маркера-фенотипски маркер	Ко-доминантан	Генетичке студије популација и студије система парења	Низак до средњи
RFLPs	Ограничен дио дужине полиморфизма	Ко-доминантан	Мјере генетичке разноврсности карактеризација генетичког материјала	Висок
RAPDs	Насумице појачан полиморфизам	Доминантан	Мјере генетичке разноврсности	Средњи
AFLPs	Појачани дио дужине полиморфизма	Доминантан	Мјере генетичке разноврсности	Висок
SSRs	Понављање једног проводника (микросателити)	Ко-доминантан	Генетичке студије популације	Висок
STS	Редослед ознака положаја	Ко-доминантан	Генетичке студије популације	Средњи до висок
SNP	Једини нуклеотидни полиморфизам	Ко-доминантан	Филогенетичке студије популација	Веома висок
Редослед гена	Хлоропласт (cpDNA); митохондрија (mtDNA); једарни (nDNA)	Доминантан	Филогенетичке студије популација	Низак до средњи
Низ чипа ДНК	Микро низови DNA секвенци	Доминантан	Генотипизације и студије изражавања гена	Висок

\*Особине: доминантан (недостатак капацитета да разликује хомозиготе из хомозиготских јединица: ко-доминантне (капацитет да пронађе хетерозиготе или појединце са двије различите алеле у истом мјесту)

\*Полиморфизам: овдје означен као капацитет да идентификује мјесто полиморфа

### **11.7.1. Развој примјене маркера у проучавању диверзитета шумског дрвећа**

До осамдесетих година двадесетог вијека, у анализама варијабилности дрвећа и жбуња, методе класичне генетике заснивале су се на анализама квантитативних и квалитативних својстава, на микроскопском и макроскопском нивоу. Највећи број морфолошких маркера откривен је проучавањем фенотипских карактеристика и опсега варирања димензија и облика вегетативних органа изданка (стабла), листа, коријена, као и генеративних органа цвијета, стробила, шишарица, плодова, сјемена итд. Ове методе су сваки генотип идентификовале и проучавале кроз његов фенотипски ефекат, при чему је евидентирана варијабилност између индивидуа обично била квантитативног, рјеђе квалитативног карактера.

За добијање поузданих информација о природи гена који контролишу раст, развој, еволуционе и адаптивне потенцијале код дрвећа, процјене су се дуго базирале на фенотипским карактеристикама. Међутим, због израженог утицаја средине на фенотипска својства, добијени резултати често нису били поуздани и довољни. Примјена молекуларних маркера обухвата групе метода које су битне за поуздане анализе природе биодиверзитета шумских врста дрвећа и жбуња, и које су полазна основа процеса конзервације, селекције и хибридизације. Већина морфолошких особина код дрвећа је, уосталом као и код других организама, контролисана великим бројем гена, те као таква није довољно поуздана да се користи као генетички маркер. На примјер, висина и пречник стабала зависе од многих гена и под великим су утицајем станишта. У начелу, код дрвећа, морфолошки маркери који приказују Менделово наслеђивање су ријетки. Чињеница да су морфолошке карактеристике изузетно подложне утицају фактора спољашње средине, чиме се „маскира“ природа експресије самог генотипа, релативизовале су резултате обављаних анализа. При истраживањима у шумарској генетици поузданост примјене морфолошких маркера је ограничена, због следећих разлога:

- хетерозиготе је тешко идентификовати,
- често могу показати епистатичке ефекте (интеракције између гена), плејотропију, некомплетну пенетранцу, или њихова експресија може бити под јаким утицајем услова средине,
- они могу произвести фенотип који се експримира само у једној фази развоја организма, што реалативизује њихову примјену код шумског дрвећа које се карактерише веома дугом онтогенезом, некада и преко 500 година.



Наведене карактеристике морфолошких маркера условиле су развој и примјену других врста маркера, чије коришћење обезбјеђује много поузданије резултате. Резултати бројних проучавања полиморфизма протеина методом електрофоретских анализа, у почетку су вршена углавном на генетски добро проученим врстама, као што је винска мушица *Drosophila melanogaster* и кукурузу *Zea mays*, да би се касније обимно користили и на другим врстама, међу којима су бројне врсте шумског дрвећа. Релативно једноставан методски поступак спровођења електрофоретских анализа условио је да се генетски полиморфизам различитих група изоензима користи за проучавање и у процјени генетског варијабилитета у популацијама различитих врста дрвећа.

Изозими су први пут идентификовани око 1950. године, и у то вријеме су, због наведених ограничавајућих фактора при примјени морфолошких маркера, представљали велики напредак у студијама генетичких карактеристика популација шумског дрвећа. До сада, највише информација о генетској варијабилности популација шумског дрвећа добијено је у истраживањима примјеном изоензима. Редосљед аминокиселина у ензиму у јасном је односу према редосљеду база одређених подручја ДНК ланца, тј. гена. Стога се ензими могу употријебити за позиционирање гена, због чега се и примјењују као генетски маркери. Изозими су вишеструке молекуларне форме ензима са сличном или идентичном каталитичком активношћу. Различите индивидуе и/или популације исте врсте могу посједовати различиту молекуларну структуру, која може бити, бар дјелимично, детектована помоћу гел електрофорезе. Изозими су ефикасни молекуларни маркери, са једним ограничењем, наиме, број изозимских локуса који могу бити идентификовани веома је ограничен, дјелимично због система детекције јер се испитивања ензима генерално изводе на скробном гелу (систем ниске резолуције). Предност изозима је у томе што су они кодоминантни у природи. Од раних седамдесетих, када су Bartles (1971) и Bergmann (1971) развили ензимску електрофорезу за смрчу, ензими су, као директни производи ДНК, врло брзо нашли широку примјену и код других врста шумског дрвећа.

Примјеном изоензима прецизирани су миграциони процеси у постгласијалном периоду, код смрче, *Picea abies* (Lagercrantz and Ryman 1990; Morgante and Vendramin 1991) јеле, *Abies alba* (Konnert and Bergman 1995) букве, *Fagus sylvatica* (Gömöry et al. 1999; Comps et al. 1991), јасике *Populus tremula* (Guzina 1976), црног бора, *Pinus nigra* (Nikolić 1982). Прве студије којима је циљ била процјена параметара система размножавања дрвећа, биле су такође реализоване коришћењем изозима. Добијени резултати ових проучавања показали су да дрвенасте врсте имају високе

стоје укрштања ван сродства, више од 90%, на примјер код смрче (Boscherini et al. 1993) и код букве (Rossi et al. 1996). Природа насљеђивања свих проучаваних изозимских локуса претходно је утврђена анализирањем хаплоидног ткива материнског мегагаметофита четинара или код full и half-sib фамилија код скривеносјеменица.

Namerik and Godt (1990) су приредили најобухватнији преглед литературе о биљним изоензимима, који омогућују прецизно и детаљно сагледавање популационе структуре и система оплемењивања дрвећа. Користили су податке за око 322 таксона дрвећа, да би мјерили генетски диверзитет међу њима. Карактеристике ареала врсте (континуиран или дисконтинуиран), његове опште географске одлике, као и величине локалних популација, коришћени су као полазни критеријуми за утврђивање укупних генетичких варијација на нивоу врста. Дрвенасте биљке са великим ареалима и дисконтинуираним дистрибуцијама локалних популација, системом размножавања у удаљеном сродству и механизмима дисперзије полена и сјемена путем вјетра или животиња, одликују се вишим нивоом диверзитета у поређењу са врстама које не посједују наведене комбинације особина.

Поред примјене изоензима, код дрвенастих биљака, све више се користе и биохемијски маркери, феноли и терпени за испитивање индивидуалне и популационе варијабилности, идентификацију клона или хибрида (Stevanović-Janežić et al. 1993, 1994; Војовић 1997; Isajev 2004). Покушаји да се варијабилност релативне или апсолутне количине монотерпена у смоли четинара (анализиране и мјерене примјеном гасне хроматографије) користи као генетички маркер, показали су се недовољно поузданим, углавном због потешкоћа у детерминисању начина насљеђивања, а и због велике зависности њихове експресије од промјенљивих услова животне средине, посебно изражених при нападу патогена или при климатском стресу (Hannover 1992).

Основни недостаци ових маркера су утицај станишне варијабилности, индивидуална варијабилност и комплексност (Isajev i Šijačić-Nikolić 2003). Код шумских врста дрвећа и жбуња, генетички маркери се примјењују у истраживањима варијација кодирајућих, некодирајућих и високо варијабилних региона, како код нуклеарних генома тако и код генома органела – хлоропласта, митохондрија. Досадашњи резултати истраживања, као и постигнути ефекти при њиховој примјени у шумарској генетици и оплемењивању дрвећа, указују на својства која је потребно да посједују маркери.

За проучавање ДНК маркера количина ткива је пресудна за избор маркера, нарочито када се не користи PCR техника. Четине, полен, пупољци и

потпуно зрело сјеме и кора (по могућности дијелови коре са већим наслагама ксилема), могу се користити за ДНК проучавања. Хербаризовани материјал, такође, може бити коришћен за изолацију ДНК, нарочито ако није био третиран неком од хемикалија из групе формалина (Rogers and Bendich 1985). Квалитет ДНК умногоме зависи од старости ткива од кога се узима узорак, тако да се са старошћу количина ткива потребног за узорак повећава (Jobes et al. 1995). За истраживања генетичке промјенљивости примјеном маркера најчешће се користи сјеме или вегетативна ткива. Под вегетативним ткивима подразумијевају се сва ткива која директно представљају генотип индивидуа са које је ткиво узето, нпр. лист, четине, коријен, пупољак итд.

Молекуларни маркери се примјењују у анализама генетичких специфичности популација шумског дрвећа и жбуња и у конзервационој генетици на много начина, као што су (Brown and Kresovich 1996):

- **Опис и мониторинг генетичког диверзитета.** Инвентаризација диверзитета је претходна етапа рада, прије него што се приступи анализама динамике диверзитета. Мониторинг се може обавити у различитим географским и просторним размјерама, узимајући у обзир како неутралне тако и адаптивне особине.
- **Идентификација кључних фактора који обликују генетички диверзитет.** Ово се може постићи праћењем два главна приступа: 1) студија фактора из прошлости, узимајући у обзир постгласијалну историју, и 2) анализа садашњих и фактора будућности, проучавајући систем размножавања, ток гена и динамику колонизације.
- **Мапирање генетске повезаности** – QTL анализа (анализа локуса квантитативних особина) и селекција уз помоћ маркера (MAS), која је најзначајнија у области генетског развоја, али корисна такође и у специфичним областима популационе и конзервационе генетике.
- **Сврха издавања сертификата** – поријекло провенијенције, сјеменског региона (зоне) и другог репродуктивног материјала неопходног за савремену расадничку производњу, домаћи и међународни промет.

Од средине 1980-их, број генетских маркера, за истраживања шумских врста дрвећа, растао је динамично. Развој ДНК маркера, укључујући RFLP, VNTR, SSR, RAPD, AFLP, SSCP и SNP, створио је основе за унапређење и примјену поузданих метода које се користе код дрвенастих биљака.

Примјеном метода RAPD и AFLP у истраживању могу се идентификовати поједине јединке, односно популације које су значајне за конзервацију или

даље усмјерено коришћење у процесу оплемењивања. За разлику од једарне ДНК, хлоропластна и митохондријална ДНК не подлијежу процесима рекомбинација, што је од великог значаја за истраживања постгласијалних миграција дрвећа, односно у популационој генетици (Исајев и Шијачић 2011).

У природним популацијама дрвећа постоје двије фазе кретања гена. Прва је преко материнских стабала, тј. путем сјемена, а друга је преко мушког родитеља или путем полена (Исајев и Шијачић 2011). Стога гени (геноми) који се насљеђују преко мајке (матрокрилно), обично остају унутар популације, што је при спровођењу активности на конзервацији генофонда врло битно. За разлику од ДНК у органелама цитоплазме, једарна ДНК је под снажним утицајем полена и рекомбинација, тако да се генетички материјал може мијешати (размјењивати) са релативно великих одстојања, чиме су знатно отежане активности при конзервацији шумских популација. Хлоропластна ДНК код лишћарских врста насљеђује се само путем мајке, док се она код четинара насљеђује преко оца, што код истраживања захтијева развој посебних метода анализе. Код митохондријалне и рибозомалне ДНК насљеђивање је увијек преко мајке, што знатно олакшава анализу и даје велике могућности за популациона истраживања, посебно за праћење миграционих процеса након посљедње гласијације (Исајев и Шијачић 2011).

Примјена молекуларних маркера, развијених код неких врста шумског дрвећа (нпр. у генима *Picea abies*, *Pinus pinaster* и *Pinus halepensis*), има велики значај у истраживањима унутарврсног варијабилитета дрвећа, репродуктивних процеса дрвећа, генетичке природе адаптивних и продуктивних особина врста дрвећа и др. Велики број студија, реализованих током протеклих година, показују значај и вриједност примјене молекуларних маркера у истраживањима на пољу конзервационе и популационе генетике шумског дрвећа. Развој типова молекуларних маркера, као и све шира њихова примјена у шумарској генетици, унаприједила је неопходна знања о:

- значају динамике и смјера миграционих токова у постгласијалном периоду, за обликовање садашњег генетичког и географског диверзитета популација дрвећа;
- утицају величине популације и селекционог притиска на развој способности адаптације и „пулсирања” популација дрвећа у простору и времену;
- моделирању програма при активностима на пољу конзервационе генетике, при очувању генофонда врста дрвећа, *in situ* и *ex situ*.

У Босни и Херцеговини су спроведена истраживања на биохемијском и молекуларном нивоу за: **Панчићеву оморику** – *Picea omorika* Purk. (Mataruga et al. 2020; Mataruga et al. 2019; Ballian i sar. 2004; Ballian 2006; Gömöry et al. 2007; Jukić 2014); **јелу** – *Abies alba* Mill. (Ballian 2003a, 2003b, 2003c, 2009, 2010, 2013; Ballian i Kajba 2005, Ballian i Mataruga 2011; Ballian i Halilović 2016; Ballian i sar. 2012); **смрчу** – *Picea abies* Karst. (Ballian 2007; Ballian i sar. 2006, 2007a, 2007b, 2009, 2012; Cvjetković et al. 2017, Cvjetković 2018); **храст лужњак** – *Quercus robur* L. (Ballian et al. 2010, 2015a; Slade et al. 2008); **храст китњак** – *Quercus petraea* (Matt.) Lieblein (Ballian i sar. 2007; Slade i sar. 2008; Ballian 2016); **тису** – *Taxus baccata* L. (Ballian i sar. 2008; Tröber i Ballian 2011; Mayol i sar. 2015; 2019).

Примјеном биохемијских маркера на подручју БиХ истраживани су: **црни бор** – *Pinus nigra* L. (Bogunić i sar. 2007, 2011; Mataruga i sar. 2012) и **буква** – *Fagus sylvatica* L. (Ballian i sar. 2012; Kvesić i sar. 2016).

Кроз више истраживања у БиХ карактеризована је генетска варијабилност примјеном молекуларних маркера (ssrDNK, cpDNK, mtDNK) за: **питоми кестен** – *Castanea sativa* Mill. (Daničić 2018; 2019, Daničić i sar. 2019, Fussi et al. 2016, Skender 2010; Skender i sar. 2013, 2017); **бијели јасен** – *Fraxinus excelsior* L. (Ballian i sar. 2008; Heuertz i sar. 2004), **храст медунац** – *Quercus pubescens* L. (Slade i sar. 2008; Ballian i sar. 2010); **храст сладун** – *Quercus fraineto* L. (Sladei i sar. 2008), **клен** – *Acer campestre* L. (Kvesić i sar. 2020), **мукиња** – *Sorbus austriaca* L. и **јаребика** – *Sorbus austriaca* (Hajrudinović 2012; Hajrudinović i sar. 2015a, 2015b; Hajrudinović Bogunić 2018), **глогови** – *Crataegus spp.* L. (Bašić 2009), **црна топола** – *Populus nigra* L. (Ballian i Trober 2016, 2017), **оскоруша** – *Sorbus domestica* L. (George i sar. 2015) и **граб** – *Carpinus betulus* L. (Postolache i sar. 2017).

Из резултата наведених истраживања спроведених у посљедњих 20 година на важним шумским врстама, може се примјетити да постоји велика варијабилност на морфолошком и молекуларно-генетичком нивоу, као и да постоје разлике међу популацијама из различитих еколошких ниша.

## 11.8. Будућност конзервације генетичког потенцијала шумског дрвећа

Добро је познато да ће шумарство све више бити потиснуто на рубно земљиште, пошто расте популација становништва на Земљи, те расте и потреба за квалитетним земљиштем за пољопривредне усјеве или због претварања земљишта у урбане средине (FAO 2001).

Будуће активности при избору врста биће усмјерене на оне које ће се адаптирати на та маргинална станишта. Тестирање врста и провенијенција, програми пред-оплемењивања или побољшавања ће имати за циљ да произведу различите популације дрвећа које се могу прилагодити различитим климатским и земљишним условима.

Предвиђен сценарио промјене климе у многим дијеловима свијета у наредних 100 година, утицаће на брзину ових промјена ако се реализује. Једини начин да се ово постигне је приступ широком спектру генетичког диверзитета, са релевантним информацијама о врстама дистрибуције, обрасцима генетске варијације и кључног значаја разумијевања биологије врста (на примјер репродуктивне методе, карактеристикама историје живота, адаптивних потенцијала и продуктивности у различитим климатским условима). У том смислу, истраживање ће и даље да буде важан дио активности усмјерених на очување и управљање шумским генетичким ресурсима у будућности (FAO 2001).

### **11.9. Ефекти климатских промјена на шумске генетичке ресурсе**

Климатске промјене су један од најважнијих глобалних изазова са којима се суочавају, подједнако екосистеми и друштво. Према Међународном панелу о климатским промјенама (IPCC, *Intergovernmental Panel on Climate Change 2001*), промјена климе може, у Европи у наредних 50 година утицати, на повећање просјечне температуре за 2–4 °C и тиме изазвати значајне промјене у регионалним и сезонским обрасцима падавина. За посљедицу, ова појава ће утицати на еколошке услове простора на којима се тренутно налазе шумски екосистеми и на којима су они адаптирани. Климатске промјене ће индуковати додатне изазове у управљању шумама, што ће се неминовно одразити на економске и социјалне користи које произилазе из шума, а које друштво у цјелини или појединци имају (Матаруга и сар. 2013).

Евидентне климатске промјене неминовно утичу на реакције шумских заједница, тако да је кључни научни и практични изазов унапређење одрживости и прилагодљивости шума новим изазовима, који у великом броју случајева могу бити провокативни до горње границе збирне норме реакције. Поред велике неизвјесности у прогнозама сценарија, нарочито у погледу количине падавина, припрема за очекиване промјене представља задатке који до сада нису познати у шумарству.

Припрема и конверзија шума према будућим климатским условима представља тешке економске и технолошке изазове који ће познавањем, вредновањем и усмјереним коришћењем шумских генетичких ресурса бити адекватан, прихватљив и одржив методски приступ (Fischlin and Midgley 2007). Међутим, био би веома пристрасан приступ третирати овај проблем искључиво као еколошко и економско питање, јер су шуме једнако значајне по својим културним, естетским и емотивним вриједностима. Климатске промјене се не односе само на повећање топлотних режима, односно пораста температуре ваздуха и редукцију обима и режима падавина. Промјене у варијабилности климатских услова из године у годину су још важније. Новија истраживања указују на постојање тенденције повећања варијабилности у наредним љетима, што може имати драстичнији утицај на екосистеме него на промјене у просјечним климатским условима, што изузетна суша у току љета 2003. године добро илуструје (Ciais et al. 2005).

### **11.9.1. Предвиђање директних ефеката климатских промјена на могућу редукцију генетске разноликости**

Критични моменти за вегетацију настају усљед дисхармоније утицаја климатских параметара и појаве фенофаза, карактеристичних за шумску врсту у одређеном региону (Mitchell et al. 2004). Промјена климе се огледа у повећању средњих годишњих температура у појединим периодима и кроз смањење количине падавина у току љетњих мјесеци. Поклапање периода суше и високих температура, уз дејство полутаната доводи до смањења виталности стабала, њиховог сушења и редукције у популацијама и у тако поремећеној интеракцији свих организама популације, стварају се повољни услови за развој многих патогених организама и појаву градиација.

Промјене климатских параметара директно се одражавају на редукцију броја индивидуа, односно на редукцију генетске разноликости у популацијама дрвећа, што за посљедицу може имати (Mitchell et al. 2004):

- помјерање граница појединих типова шума у односу на географску ширину и надморску висину;
- промјену природне-спонтане прерасподјеле површина типова шума у њиховом међусобном односу;
- повлачење појединих заједница под притиском других и њихово могуће нестајање, у дужем временском року;
- промјену састава појединих биљних заједница уз нестајање једних и појаву других врста у односу на спратовност и социјални положај;
- промјену односа појединих врста дрвећа према свјетлости;

- немогућност очувања биолошке разноврсности, планирања одрживог газдовања шумама и рационалног управљања овим ресурсом.

Дрвеће и друге биљке реагују на различите начине на климатске промјене у окружењу. Ови организми могу имати високу фенотипску пластичност и постојећи генотипови или популације могу једноставно да толеришу промјене животне средине, или, у супротном, због недостатка способности прилагођавања абиотичким промјенама они изумру. Око 10% (8.750) од скоро 100.000 врста дрвећа налази се на листи угрожених врста, из различитих разлога (Oldfield et al. 1998).

Дрвеће може да мигрира кроз расипање сјемена на више одговарајуће области. Стопа растурања сјемена је између 10 и 100 метара годишње, или максимално 100 километара на 100 година. То су кратке раздаљине, у поређењу са оним што се предвиђа као могуће климатске промјене (Malcolm et al. 2002). На примјер, граница шума бијелог бора (*Pinus sylvestris*) у сјеверној Финској помјерила се за 6 км сјеверно у периоду између 1935. и 1995. године (Sirén 1998).

Миграције су могуће, као одговор на постојеће антропогене промјене климе, али популације могу такође бити у стању да се развијају путем генетског прилагођавања новим условима. Генетичка структура популација многих врста дрвећа показује да, поред миграције на различите области, заједнички адаптациони одговор популација налази се у њиховом генофонду чија генетска престојавања обезбјеђују потенцијал за толеранцију на географско варирање климатских услова (Mitchell et al. 2004). Међутим, и код врста које имају велики и широко распрострањен ареал постоје граничне популације, на које треба обратити посебну пажњу, а то су (Матаруга и сар. 2013):

- изоловане популације на јужним или континенталним маргинама укупне дистрибуције врсте;
- изоловане популације на планинама које немају “резервне надморске висине”;
- локације гдје су услови неподесни као потенцијална миграциона област (високи алпски или бореални услови);
- области обновљене са репродуктивним материјалом који карактерише ниска прилагодљивост,
- популације са високом фенотипском пластичности.

Истраживања су показала да промјене у климатским условима утичу на процесе репродукције, цвјетања, опрашивања и сјеменошења, што може утицати на регенерацију и способност ширења врсте (Матаруга и сар. 2013).



Поред тога, опадање обима плодоношења и већи морталитет зрелих стабала, низак успјех регенерације и висока унутарспецифична конкуренција (посебно шибља и корова) захтијевају додатне напоре да се одржи генетска разноликост и адаптивни потенцијал.

Познато је да су шуме важни апсорбенти угљен-диоксида, гаса чије повећање концентрације у атмосфери доводи до „ефекта стаклене баште“, тако да редуција површина под шумама има директне, непожељне посљедице на температурне режиме и влагу ваздуха. Губитак шума директно утиче на пораст неповољних ефеката стаклене баште са 12–15%, што је приближно исто као и утицај издувних гасова које емитује свјетски транспортни сектор.

Врсте не „пулсирају“ као монолитна јединица, због унутарврсне хетерогене генетске структуре. Карактеристике протока гена врста, спонтане појаве у генеративној регенерацији шума, као и употреба репродуктивног материјала углавном ће утицати на то, како ће генетичка структура бити провоцирана климатским промјенама. У планинским предјелима, у оквиру дистрибуције појаса надморске висине, врсте су структурисане у висинске „траке“ или клине. Резултати студија код неких четинара указују на то да разлика од 300 метара надморске висине у висинској дистрибуцији врста је критична граница безбједног трансфера (Матаруга и сар. 2013).

### **11.10. Конзервација генофонда шумских популација и оплемењивање дрвећа**

Постоје бројни разлози зашто је потреба за заштитом шумских генетичких ресурса тако значајна и зашто тако брзо постаје толико критична. Свака акција која редукује шуме или уништава дио шумских популација, може довести до нежељених и опасних посљедица.

У Таб. 11.6. представљена је категоризација шумских популација и њихова улога у конзервацији генофонда. Постоје многи деструктивни чиниоци, на примјер, инсекти, болести, сјече огревног дрвета, сјече рашчишћавања парцела за пољопривреду, ширење градова, пожари, олује и друге природне катастрофе, који се, нажалост, често јављају интегрално.

Пракса сјече аутохтоних шума и замјене четинарским врстама, боровима и смрчом, може се сматрати дјелатношћу која за посљедицу има редуцију генетске базе лишћара до нивоа њихове угрожености као врста. Екстремно неповољнија ситуација је онда када се ове појаве јављају у шумским популацијама дрвећа са ограниченим ареалом или са дисјунктивним

популацијама. Ове појаве посебно су алармантне код екотипова на ограниченом станишту или понекад на цјелокупном ареалу ендемских врста. У таквим околностима нису угрожени само генски комплекси или гени, већ и цијеле популације, што у екстремним случајевима може довести до елиминације врсте.

Као посљедица ових појава, неке врсте или провенијенције шумског дрвећа редуковане су на свега неколико стотина преживјелих стабала. Сваки облик разарања већих размјера, као што су пожари, инсекти, болести, олује наводи на размишљања о губитку гена, међутим, проблем је оно што слиједи послје несреће. Ако се шумске популације спонтано регенеришу, нема опасности од губљења генофонда али ако је разарање толико велико да не може доћи до обнављања шуме, може доћи до озбиљног губитка гена. Овај тип опште деструкције веома је уобичајен у сушним областима и то је важан узрок губитка генетских ресурса.

Таб.11.6. Карактер типова шумске популације (Исајев и Шијачић 2011)

*Table 11.6. Character of forest population types (Исајев и Шијачић 2011)*

Тип	Физичка величина	Генетска аријација	Приступ	
			Оперативан	Генетски
Подручја заштићене природе	простране	велика	пасиван	статички
<i>In situ</i> генетске резерве	мале	велике	активан	динамичан
Природне састојине за производњу дрвета	веома простране	у опадању	промјенљив	индиферентан
Оплемењивачке истраживачке популације	врло мале	велика и стратификована	активан	динамичан
Популација за производњу сјемена	врло мале	умјерене или мале	активан	селективан
Вјештачке састојине за производњу дрвета	веома простране	неизвјесна	активан	амбивалентан

Циљ многобројних програма oplemeњивања шумских врста јесте да се повећа продукција и унаприједи својства полазног материјала, намијењеног различитим, прије свега привредним сврхама, гдје су квантитет и квалитет антропогено основаних популација на првом мјесту. Стопа побољшања је мјерљива од самог почетка, јер се изражава у односу на показатеље основне популације, односно упоређује се са свим експресијама врсте у

природи. Истовремено, концепт оплемењивања може се дефинисати и као мјера ефикасније селекције или као могућност уклањања непожељних гена из локалне популације (Исајев и Шијачић 2011).

Потенцијал за унапређење или основа за селекцију, зависи превасходно од генетске варијабилности врсте како је еволуирала у природи. Што је већа разноликост генотипске грађе међу јединкама, такозвана шира генетска варијабилност, то су већи изгледи, уопштено говорећи, за врсту или популацију да се репродукују и преживе или да се прилагоде промјенљивим условима средине. За програме оплемењивања дрвећа, то истовремено представља већи потенцијал за селекцију жељеног генетског састава.

Оплемењивачки програми у шумарству укључују само дио генетске варијабилности, при чему се бирају и самим тим фаворизују оне комбинације гена које задовољавају одређени циљ или циљеве. Крајња посљедица је да се добију врло приносна, али фенотипски униформна стабла, која могу бити умањене толерантности и отпорности на болести и штеточине.

Из овога произилази да је, као и код других природних и обновљивих извора, битно развијати методе за очување генетског потенцијала природних популација врста дрвећа. Резултати обављених истраживања омогућују да се укаже на извјесне ефекте очувања генофонда када се програму оплемењивања дрвећа приступа са малом популацијом, односно локалним популацијама унутар укупног ареала врсте (Isajev 2016).

Суштинско питање је колико првобитне генетске варијабилности треба да задржимо или заштитимо у дуготрајном програму оплемењивања да би се обезбиједила довољна флексибилност коришћења побољшаног материјала. Шумске врсте дрвећа, код којих се примјењују основне методе оплемењивања, селекција, хибридизација и рјеђе индуковање и мутација, имају различити генетски састав и различито реагују на наведене методе. Из ових разлога, неопходно је познавање генетске грађе, репродуктивне биологије сваке поједине врсте и могућ примјенљив систем оплемењивања, што, у глобалним размјерама, недостаје за већину врста.

Запажања и резултати популационе генетике могу да наговијесте посљедице које прате сужење генетске разноврсности, а која се јавља при напорима да се оплемењивање усмјери ка специфичним намјенама (Isajev 2016). Успјех у оплемењивању и конзервацији генетског извора зависиће од: познавања и поштовања правила оплемењивачког рада (узимања узорака), тј. облика селекције, иманентних својстава врсте и ефеката

укрштања у сродству, као и од интеракције фактора средине и биолошких карактеристика врсте и популације, односно од познавања оптималних и граничних подручја њиховог појављивања.

Када се врши селекција узорака из одабране популације, генетска грађа изабраног материјала биће мање варијабилна него она коју има полазна основа, тј. макропопулација која је природно еволуирала. Узрок овој појави налази се у чињеници да извјесне комбинације гена могу бити изгубљене или намјерно искључене при избору жељених карактеристика које су одређене оплемењивачким програмом.

Селекција у сљедећим генерацијама индуковаће даљу редукацију генетичке варијабилности. Због тога је избор величине узорака при конзервацији генофонда врста дрвећа од фундаменталног значаја, јер од њега зависи даљи рад на планирању и реализацији програма оплемењивања дрвећа. Умјесто једноставног критеријума при избору величине узорка, који, нажалост не постоји, примјењују се искуства стечена у истим или сличним дјелатностима, гдје су достигнућа популационе или квантитативне генетике даље одмакла. При селекцији узорка из полазне популације, смањује се учесталост гена у њиховим алелима. Прво ће бити изгубљени они гени који су ријетки или недавно настали. Значај губитка зависиће од величине узорка, односно од броја јединки по узорку, од односа међу јединкама дрвећа са којег је сјеме сакупљано и од тога колико узорци одражавају дистрибуцију врсте у различитим условима станишта.

У малим популацијама, у сљедећим генерацијама испољава се најзначајнија редукација генетичке варијабилности, посебно када се њихова величина временом не мијења. Добијени резултати анализа односа величине популације и генетичке варијабилности код дрозифиле (Таб. 11.7) су индикативни јер се односе и на друге животињске и биљне врсте и недвосмислено потврђују принцип да што је популација мања то се у сљедећим генерацијама губи више генетске варијабилности. Ако се величина популације повећа у другој и наредним генерацијама, увећање варијабилности није директно пропорционално физичком увећању популације, већ ће бити успорено (Матаруга и сар. 2013).

Код шумских дрвенастих врста, за смјену генерација потребно је много дуже вријеме, па ће и ефекти на генетску варијабилност бити, у складу с тим, спорији у испољавању. Међутим, без обзира на разлику између дрвећа и дрозифиле, када се ради са малим популацијама треба имати у виду ефекат избора узорака на генетичку варијабилност, јер је то кључни дио сваког програма оплемењивања.

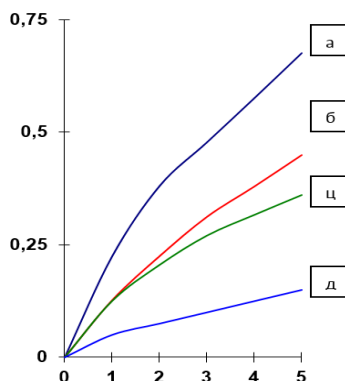
Таб.11.7. Одржавање генетичке варијансе у малим популацијама константне величине за број генерација (Матаруга и сар. 2013)  
 Table 11.7. Maintaning genetic variance in small populations of constant size for a number of generations (Mataruga и сар. 2013)

Величина популације	Процент генетичке варијансе која престаје после 1, 5, 10, 100 генерација			
	1	5	10	100
2	75,0	24,0	6,0	<< 1,0
6	91,7	65,0	42,0	<< 1,0
10	95,0	77,0	60,0	<< 1,0
20	97,5	88,0	78,0	8,0
50	99,0	95,0	90,0	36,0
100	99,5	97,5	95,0	60,0

### 11.10.1. Величина популације и укрштање у сродству

Приликом избора популације(а) или појединачних стабала, као објекта за конзервацију генетског богатства, мора се имати у виду могућност појаве укрштања у сродству и његове стопе блискости. Стопа блиског укрштања може се изразити као смањење хетерозиготности по генерацији инбридинга (Тисовић and Исајев 1995). У случају самооплодње, што је најјачи облик инбридинга, половина локуса постаће хомозиготна у свакој генерацији, па ће коефицијент инбридинга, „F“ износити 0,5. Ефекат различитих степена инбридинга изражен као повећање хомозиготности је различит и зависи од тога да ли се ради о самооплодњи или размножавању индивидуа различитих генерација (Граф. 11.2). Укрштање у сродству може имати негативан учинак на особине важне за гајење и за напоре да се сачува генетска варијабилност (Тисовић and Исајев 1995). У циљу смањења неповољних ефеката, генетску сродност међу јединкама у полазној популацији или основаној треба држати на минимуму, осим у ријетким случајевима, када се она свјесно планира. Постизање наведеног циља подразумијева примјену одређених правила при селекцији родитељских стабала, како у погледу њиховог броја, тако и у погледу растојања између њих. Од знања која посједујемо, о системима оплемењивања, и могућностима за њихову примјену у природним условима, индивидуална или масовна селекција, селекција на континуирана или дисконтинуирана својства, опсег природне дисперзије сјемена, зависи и адекватно узимање узорака. Типична ситуација у многим земљама је сакупљање сјемена из природних шумских популација за подизање расадника или *ex situ* састојина

за конзервацију или за провенијентне тестове. Приликом избора величине популације, прихвата се као толерантна стопа инбридинга од 1–2%, што значи да је коефицијент инбридинга  $F = 0,01–0,02$  (Tucović and Isajev 1995).



Граф.11.2. Повећање хомозиготности приликом инбридинга: (а) самооплодња, (б) размножавање индивидуа прве генерације и родитељске генерације, (ц) размножавање индивидуа друге генерације, (д) размножавање индивидуа са два заједничка претка, (Tucović and Isajev 1995)

Fig. 11.2. Increasing homozygosity during: (a) self-fertilization, (b) reproduction of individuals of the first generation and parental generation, (c) reproduction of individuals of the second generation, (d) reproduction of individuals with two common ancestors (Tucović and Isajev 1995)

Оправдање за ову толеранцију заснива се на искуству великог броја обављених истраживања, у којима је испитивана најмања могућа величина популације довољна за континуирано преживљавање и репродукцију. Према резултатима бројних истраживања, наводи се да је популациона величина од 50 несродних јединки, ефективна популација, та која ће дати проценат инбридинга 1 (један), што се математички може изразити формулом:  $F = 1/2 N_e$ , гдје је  $F$  – коефицијент инбридинга, а  $N_e$  – ефективна величина популације. Из ове једначине произилази да, ако је  $N_e = 50$ ,  $F$  ће бити блиска 0,01. Везивање конзервације генофонда врста дрвећа за оплемењивање и побољшање својстава дрвећа је активност обезбјеђивања и заштите основе за генетску варијабилност или стварања извјесног броја генетских ресурса од којих се селекцијом може добити унапријеђен, побољшан материјал. Обезбјеђење подразумијева трагање за генетским ресурсима и њихову идентификацију кроз истраживања и изучавања генетичке структуре и система оплемењивања појединачне врсте.

Касније се обично укључују истраживања варијабилитета унутар и између популација у огледима провенијентних тестова, тестова потомства *half and full sib* линија итд. *Ex situ* оплемењивачки засади пружају могућности којих у природи нема, или се срећу веома ријетко. Код оморике, на примјер, сјеменска стабла се путем укрштања у сродству разлажу на хомозиготне и хетерозиготне генотипове са уочљивим особинама, тзв. генским маркерима, који се ријетко јављају у слободно укрштајућим популацијама (Isajev 2016). Ово сазнање, у комбинацији са другим методама, омогућава и њихово лоцирање у оквиру хромозомског комплекса оморике. Недавно развијене технике за алоезимске студије, као што је електрофореза, могу се још шире примјењивати за процјену хетерогености.

Заштита или мјера конзервације кључне су за обезбјеђење непрекидног снабдијевања генетским варијацијама. У контексту оплемењивања дрвећа, мјере конзервације постају још важније, јер ће напредак у оплемењивању водити сужавању генетске варијабилности (Isajev 2016). Ако је шира генетска база још увијек доступна, негативне посљедице усљед генетички униформних, али високоприносних засада, могу се ублажити уношењем гена отпорних на штеточине или болести (Isajev 2016).

Одржавање широке генетске базе вјероватно ће се показати неопходним у оним случајевима гдје се циљеви програма оплемењивања мијењају, па се траже нове комбинације гена. Ефикасна конзервација генетичке варијабилности зависна је од укупног знања о врсти у смислу појављивања и распрострањења, начина размножавања, система оплемењивања, генетичке структуре и других одлика које су са њом повезане (Isajev 2016). У одсуству довољног познавања појединих врста, које у овом тренутку преовлађују у програмима унапређења особина дрвећа и у пројектима обезбјеђивања сјемена шумског дрвећа, могу се навести три важна стратешка приступа (Isajev 2016):

- Примјена основних и општеприхваћених правила за узимање узорка из полазне популације да би се поставио оглед, као и детаљно упознавање еколошких карактеристика локације гдје се тест или тестови подижу;
- Описати и регистровати основне чињенице о активностима везаним за идентификацију и успостављање конзервацијских подручја;
- Примјенити, побољшати и подржати изучавање фактора који утичу на одржавање генетске варијабилности у репродукционој биологији и оплемењивачким, узгојним системима.

Свјесни тијесне повезаности између конзервације генофонда, унапређења својстава дрвећа и рационалног коришћења шума, подразумијева се правилно успостављање односа између *in situ* конзервације шумских

генетичких ресурса и одрживог газдовања шумама на једној страни и управљања заштићеним подручјима на другој, као и у третирању, конзервацији и управљању генетским ресурсима *in situ* и *ex situ* и активности оплемењивања као комплементарне стратегије. Тежиште очувања диверзитета врста треба пренијети са физичке заштите састојина или стабала на заштиту њихове репродуктивне функције и тако потенцијалну генетичку промјенљивост усмјерено превести у слободну генетичку промјенљивост која је доступна природној селекцији (Isajev 2016).

Шумски фонд у дендрофлори националних паркова и сјеменских састојина, богат је врстама дрвећа и жбуња, али његова генетичка варијабилност још није довољно позната, што ствара тешкоће око његовог адекватног коришћења при подизању нових квалитетних шумских култура (Isajev 2016). Недостатак специјализованог кадра, проблем очувања и унапређења генофонда чини још сложенијим. Из наведених разлога, неопходно је прићи што прије експерименталном рјешавању ових проблема како би се нашао најбољи начин за очување и унапређење генофонда дрвећа *in situ* и *ex situ*. Шуме националних паркова, сјеменских састојина, резервата, живих архива, арборетума, провенијеничних тестова и сјеменских плантажа, имају много већи значај него што то досадашњи активан однос према њима показује.

Досадашња проучавања особина популација и ефеката природне и искуствене селекције на генетичку структуру популација шумских врста, доприносе очувању и унапређењу генофонда аутохтоних дрвенстих биљака. Балансни модел генетичке структуре популација открива нова својства и захтијева даља истраживања.

### 11.11. Закључак

Флора, фауна и фунгија Републике Српске убраја се у најразноврсније у читавој Европи, а висок степен ендемичности и реликтности даје јој значај на нивоу глобалне биолошке разноликости. Очување и унапређење коришћења бидиверзитета и, у оквиру тога, шумских генетичких ресурса у Републици Српској (БиХ) није једноставан подухват, али ако се начини један дугогодишњи план рада и обезбиједи његова реализација, резултати неће изостати. Свака од изложених етапа заштите и оплемењивања има одређену намјену и, у већини случајева, само је дио укупних активности. Досадашња истраживања у Републици Српској, обављена на морфолошком нивоу у компаративним анализама већег броја квантитативних и квалитативних својстава, као и на молекуларном нивоу, потврдила су да се врсте дрвећа одликују великим генетичким богатством, које је полазна основа за текуће и



будуће процесе њиховог оплемењивања. Познавање генетског потенцијала шума у Републици Српској (БиХ), и могућности његовог усмјереног коришћења, поред привредног значаја, кључно је и за процесе адаптације шумских врста. Шумски фонд у шумским комплексима, у дендрофлори националних паркова и заштићених подручја, богат је врстама дрвећа и жбуња, али његова генетичка варијабилност још није довољно позната, што отежава његово адекватно коришћење у процесу одржавања трајности шума, као и при подизању нових квалитетних вјештачких шума, различитих намјена. Недостатак специјализованог кадра, проблем очувања и реализацију наведених активности чини још сложенијим.

Из наведених разлога, неопходно је прићи што прије експерименталном рјешавању ових проблема како би се нашао најбољи начин за његово очување и унапређење *in situ* и *ex situ*. Шуме националних паркова, сјеменских састојина, резервата, живих архива арборетума, провенијенцијских тестова и сјеменских плантажа, имају много већи значај него што досадашњи активан однос према њима показује. Пракса сјече аутохтоних шума и замјене са четинарским врстама, боровима и смрчом, може се сматрати дјелатношћу која за посљедицу има редукацију генетске базе лишћара до нивоа њихове угрожености као врста. Ове појаве посебно су алармантне код екотипова на ограниченом станишту или понекад на цјелокупном ареалу ендемских врста. Као посљедица ових појава, неке врсте или провенијенције шумског дрвећа редуковане су на свега неколико стотина преживјелих стабала. Сваки облик разарања већих размјера, као што су пожари, инсекти, болести, олује, може довести до губитка гена. Ако се шумске популације спонтано регенеришу, нема опасности од губљења генофонда, али ако је разарање толико велико да не може доћи до обнављања шуме, може доћи до озбиљног губитка гена.

Овај тип опште деструкције веома је уобичајен у сушним областима и може и у нашим условима, нарочито због отопљавања климата, изазвати нежељене ефекте и губитак генетских ресурса. Наиме, климатске промјене су један од најважнијих глобалних изазова са којима се суочавају, подједнако екосистеми и друштво. За посљедицу, ова појава ће утицати на еколошке услове простора на којима се тренутно налазе шумски екосистеми и на којима су они адаптирани. Климатске промјене ће индуковати додатне изазове у управљању шумама, што ће се неминовно одразити на економске и социјалне користи које произилазе из шума, а које друштво у цјелини или појединци имају. Оне неминовно утичу на реакције шумских заједница, тако да је кључни научни и практични изазов унапређење одрживости и прилагодљивости шума новим изазовима, који у великом броју случајева могу бити провокативни до горње границе збирне норме реакције.

У том смислу, газдовање шумским генетичким ресурсима, које у исто вријеме треба да обезбједи конзервацију, унапређење и њихово усмјерено коришћење, представља велики изазов који се поставља пред шумарску струку. Везивање конзервације генофонда врста дрвећа за оплемењивање и побољшање својстава дрвећа, подразумијева активности обезбјеђивања и заштите основе генетске варијабилности и стварање генетичких ресурса од којих се примјеном различитих метода оплемењивања може добити унапређен и побољшан материјал.

У циљу упознавања и усмјереног коришћења генетског потенцијала неопходно је спроводити претходно експериментално испитивање различитих популација у посебним географским, еколошким и популацијским тест културама. Будуће активности при избору врста биће усмјерене на оне које ће се адаптирати на њихова маргинална станишта, а истраживање ће и даље да буде важан дио активности усмјерених на очување и управљање шумским генетичким ресурсима у будућности. Конзервација шумских генетичких ресурса обухвата високо комплексне и обимне активности које подразумијевају пуно искуства, информациону базу и финансијска средства. Једино систематични приступ може гарантовати да сви важни генетички ресурси могу бити чувани у минимално потребним објектима и уз прихватљиве трошкове. Треба имати у виду да не постоје оптимална и стандардна рјешења за *in situ* и *ex situ* конзервацију.

Рјешења би требало да су повезана и прилагођена биогеолошким одликама врста, демографским и екогеографским ситуацијама у регионима конзервације, објектима чувања и националним, социјалним и политичким контекстом. Значајно је имати у виду да *in situ* објекти конзервације нису комплекси шумских заједница изузети из режима редовног газдовања и у којима се мјере гајења и заштите спроводе као у шумама са посебном намјеном, већ су то пилот-објекти у којима се морају организовати вишедеценијске анализе производног, адаптационог и репродуктивног потенцијала у популацијама врста дрвећа.

На основу вишегодишњих анализа, могуће је уочити постојање и динамику режима по којима се одвијају оне животне манифестације које чине основ стабилности популација у времену и простору, и које су основа за спровођење сложених метода оплемењивања, као што су селекција и хибридизација. *Ex situ* метод конзервације успјешно се примјењује у различитим ситуацијама. Овај метод се користи када су генетички ресурси угрожени у њиховим природним стаништима и њихова даља егзистенција и развој захтијевају поновно оснивање на некој другој локацији.

Рана доместификација дрвенстих врста у *ex situ* састојинама може функционисати као извор сјемена, узимајући у обзир брзо набављање сјемена за комерцијалну употребу. *Ex situ* популације посебно су важне у програмима гајења дрвећа када генетичко управљање захтијева усмјерено коришћење генетичког потенцијала популација врста дрвећа, како за људске потребе тако и за унапређење адаптационог потенцијала на варијабилност услова животне средине. *Ex situ* популације су уопштено јако мале за одржавање свих ријетких или алела ниске фреквенције који могу имати потенцијалну вриједност у будућности. Велики *in situ* резервати ће садржати такве алеле у адекватном броју и интеграција *ex situ* и *in situ* метода је неопходна, из чега произилази закључак да су ове двије методе конзервације генетског диверзитета популација дрвећа комплементарне.

Повећано коришћење генетског потенцијала у оплемењивању дрвећа кроз шумарску праксу, треба интензивирати кроз сљедеће активности: унапређење производње нормалног шумског сјемена; примјену концепта нових селекција усмјерених прије свега на оплемењивање само једне особине, јер би ту резултат био сигуран; оснивање и уређење сјеменских плантажа као специјализованих култура за вишегодишњу производњу генетички квалитетног шумског сјемена; скраћивање трајања процеса оплемењивања увођењем нових техника и метода – молекулски маркери, соматонална варијабилност, генетски инжењеринг, фузија протопласта, микропропагација и др. Једино систематични приступ може гарантовати да сви важни генетички ресурси могу бити чувани у минимално потребним објектима и уз прихватљиве трошкове. Треба имати у виду да не постоје оптимална стандардна рјешења за *in situ* и *ex situ* конзервацију. Рјешења би требало да су повезана и прилагођена биогеолошким одликама врста, демографским и екогеографским ситуацијама у регионима конзервације, објектима чувања и националним, социјалним и политичким контекстом.

Досадашње активности на очувању шумских генетичких ресурса нису довољне, при чему се степен њихове угрожености континуирано повећава, као посљедица спорадично непланског и несвјесног дјеловања човјека (експлоатација шума, пожари, развој туризма, губитак шумског земљишта итд.) и климатских промјена. То захтијева јасно дефинисање националне стратегије очувања, конзервације и усмјереног коришћења шумских генетичких ресурса Републике Српске, за будуће стратешке и планске активности у овој области.

## Литература

- Брујић Ј (2011) Босанска Крајина – биљни и животињски свет. У: Српска Енциклопедија, I-2. Матица Српска – САНУ – Завод за уџбенике, Нови Сад-Београд
- Ballian D (2003a) Procjena genetske 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) The new form of common silver fir (*Abies alba* Mill.) from northern Bosnia. *Radovi Šumarskog fakulteta u Sarajevu* 1:47–49
- Ballian D (2003c) Procjena genetičke varijabilnosti obične jele (*Abies alba* Mill.) analizom cpDNA i izoenzima u dijelu prirodnih populacija Bosne i Hercegovine i Hrvatske. Doktorska disertacija, Šumarski fakultet Sveučilišta u Zagrebu
- Ballian D (2006) Kontrola podrijetla Pančićeve omorike (*Picea omorika* /Panč./ purk.) iz plantaže kod Kakња pomoću izoenzimskih biļega. *Šumarski list* 7–8:295–304
- Ballian D (2009) Genetičke strukture obične jele (*Abies alba* Mill.) iz zapadne i istočne Bosne. *Šumarski list* 9/10:501–512
- Ballian D (2010) Genetska struktura obične jele (*Abies alba* Mill.) sa područja Očevije. *Radovi Šumarskog fakulteta u Sarajevu* 40(1):25–36
- Ballian D (2013) Genetic overload of silver fir (*Abies alba* Mill.) from five populations from central Bosnia and Herzegovina. *Folia Forestalia Polonica, Series A*, 55(2):49–57
- Ballian D (2015c) The role of fixation index in preservation of breeds in small and fragmented populations in the matter of Pedunculate Oak (*Quercus robur* L.). *Botanical science in the modern world. Proceedings of International Conference, dedicated to the 80th anniversary of the Yerevan Botanical Garden*, pp 259–266
- Ballian D (2016) Genetska struktura populacija hrasta kitњaka (*Quercus petraea* (Matt.) Lieblein) u Bosni i Hercegovini na temelju analize izoenzimskih biļega. *Šumarski list* 3–4:127–135
- Ballian D, Belleli 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, Belleli 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, Bogunić F, Bajrić M, Kajba D, Kraigher H, Konnert M (2012) The genetic population study of Balkan Silver Fir (*Abies alba* Mill.). *Periodicum Biologorum* 114(1):55–65
- Ballian D, Bogunić F, Božić G (2007a) Genetska varijabilnost obične smreke (*Picea abies* /L./ H. Karst.) u bosanskom dijelu Dinarida. *Šumarski list* 6/7:237–246

- 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* 61:137–144
- Ballian D, Bogunić F, Konnert M, Kraigher H, Pučko M, Božič G (2007b) Genetska diferenciranost subpopulacija obične smreke (*Picea abies* (L.) Karst.) na planini Igman. *Šumarski list* 1/2:13–23
- Ballian D, Bogunić F, Božič G (2006) Smreka u Bosni i Hercegovini. *Radovi šumarskog fakulteta*, str 177–85
- Ballian D, Bogunić F, Božič G (2007a) Genetska varijabilnost obične smreke (*Picea abies* /L./ H. Karst.) u bosanskom dijelu Dinarida. *Šumarski list* 6/7:237–246
- Ballian D, Bogunić F, Mujezinović O, Kajba D (2012) Genetska diferencijacija obične bukve (*Fagus sylvatica* L.) u Bosni i Hercegovini. *Šumarski list* 11/12:587–595
- Ballian D, Božič G (2004) The control of morphologic identification of the clones from the seed orchard of Scots pine “Koziji grm” by using the isoenzyme markers. *Works of Faculty of Forestry Sarajevo* 1:47–56
- Ballian D, Dautbašić M, Božič G (2012) Comparative indicators of genetic variability and bark beetle in infestation intensity in populations of norway spruce (*Picea abies* (L.) Karst.) in Bosnia and Herzegovina. *Folia Forestalia Polonica, series A – Forestry* 54(4):215–222
- 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, Gömöry D, Longauer R, Mikić T, Paule L (2004) Izoenzimska analiza uključujući problem reprodukcije i konzervacije, populacija Pančičeve omorike (*Picea omorika* (Panč.) Purk.) sa Višegradskog područja. *Glasnik Šumarskog fakulteta u Vaňaluci*, str 23–34
- Ballian D, Isajev V, Daničić V, Cvetković B, Bogunić F, Mataruga M (2013) Genetic differentiation in seed stands of European beech (*Fagus sylvatica* L.) in part of Bosnia and Herzegovina. *Genetika* 45(3):895–906
- 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
- Ballian D, Ivanković M, Slade D (2007) Razdioba populacija hrasta kitњака (*Quercus petraea* (Matt.) Liebl.) u Bosni i Hercegovini pomoću kloroplastne DNK (cpDNK) i њezina primjena u šumarstvu. *Glasnik Šumarskog fakulteta u Vaňaluci* 7:97–111
- Ballian D, Kajba D (2005) Estimation of the isoenzyme genetic variability of the silver fir (*Abies alba* Mill.) from the area of Gorski kotar (Croatia). *Periodicum Biologorum* 107(1):67–72
- Ballian D, Mataruga M (2011) Genetic study of small isolated populations of Silver Fir (*Abies alba* Mill.) in Sub-Mediterranean zone of the Dinarides. *Spanish Journal of Rural Development* 11(3):39–50

- Ballian D, Monteleone I, Ferrazzini D, Kajba D, Belletti P (2008) Genetic characterization of common ash (*Fraxinus excelsior* L.) population in Bosnia and Herzegovina. *Periodicum Biologorum* 110(4):323–328
- Ballian D, Mušanović E, Čabarabdić A (2009) Varijabilnosti običnog bora (*Pinus sylvestris* L.) u pokusu provenijencija Glasinac – Sokolac (Bosna i Hercegovina) *Šumarski list* 11–12:CXXXIII:577–588
- Ballian D, Halilović V (2016) Varijabilnost obične jele (*Abies alba* Mill.) u Bosni i Hercegovini. *Znanstvena monografija, Užit – Silva Slovenica*, str 1–350
- Ballian D, Tröber U (2017) Genetska karakterizacija Evropskih crnih topola (*Populus nigra* L. nigra) i dlakavih crnih topola (*Populus nigra* subs. *Caudina*) u Bosni i Hercegovini. *Šumarski list*, str 351–356
- Ballian D, Tröber U (2016) Identificiranje klonova u arhivu crnih topola (*Populus nigra* L.) Žepče. *Naše šume* 44/45:5–14
- Bartels H (1971) Genetic control of multiple esterases from needle and macrogametophytes of *Picea abies*. *Planta (Berl)* 99:283–289
- Bašić N (2009) Genetska karakterizacija vrsta i hibrida roda *Crataegus* L. U Bosni i Hercegovini. *Doktorska disertacija. Univerzitet u Sarajevu*
- Bergmann F (1971) Genetische Untersuchungen bei *Picea abies* mit Hilfe der Isoenzym-Identifizierung. I. Möglichkeiten für genetische Zertifizierung von Forstsaatgut. *Allgemeine Forst- und Jagdzeitung* 142:278–280. *Ireland. Annals of Botany* 93(6):691–697
- Bulmer MG (1985) *The Mathematical Theory of Quantitative Genetics*. Clarendon Press, Oxford, GB:254
- Bucalo V, Jugoslav B, Travar J, Milanović, Đ (2007) *Flora Nacionalnog parka Kozara*. Šumarski fakultet Univerziteta u Banaluci, ERSAF – Lombardija
- Bogunić F, Muratović E, Ballian D, Siľak-Yakovlev S, Brown S (2007) DNA Content (1C) Stability Among Five Subspecies Of *Pinus nigra* Arnold s.l. *Environmental and Experimental Botany, Elsevier*, 59:354–360
- Bogunić F, Siľak-Yakovlev S, Muratović E, Ballian D (2011) Different karyotype patterns among allopatric *Pinus nigra* (*Pinaceae*) populations revealed by molecular cytogenetics. *Plant Biology* 13:194–200
- Bojović S (1997) *Le pin noir et les terpenes*. *Bibliothèque Dissertatio*. Zadužbina Andrejević. Beograd, pp 21–101
- Boscherini G, Vendramin GG, Giannini R (1993) Mating system analysis in two Italian populations of Norway spruce. *J Genet Breed* 47:45–18
- Brennan S, Withgott J (2005) *Biodiversity and Conservation Biology. (In): Environment; The Science behind the Stories*. Pearson, Bewamin Cummings, San Francisco
- Bretting PTC, Widrlechner MP (1995) Genetic markers and plant genetic resources. *PI Breed Rev* 13:11–86
- Brown SM, Kresovich S (1996) Molecular characterization for plant genetic resources conservation: 85–93 *in: Paterson, H. (ed.): Genome Mapping of Plants*. Academic Press, San Diego, USA

- Brown AHD, Hardner CM (2000) Sampling the Gen Pools of Forest Trees for ex situ conservation. In Young A, Boshir D, Boyle T (editors) Forest Conservation Genetics, pp 185–196
- Влада Републике Српске (2008) Програм очувања биљних генетских ресурса, Бања Лука, БиХ
- Bucalo V, Brujić J, Travar J, Milanović Đ (2008) Flora prašumskog rezervata Lom Šumarski fakultet, str 1–45
- Vane-Wright R (1996) Identifying priorities for the conservation of biodiversity: systematic biological criteria within a socio-political framework. In: Gaston KJ (ed). Biodiversity: a biology of numbers and difference Blackwell, Oxford, UK, pp 309–344
- Говедар З (2006) Шумски екосистеми у функцији одрживог развоја Босне и Херцеговине. I Међународни конгрес “Екологија, здравље, рад, спорт”, Бања Лука, 08–11.06.2006, Бања Лука
- Говедар З (2007) Класификација стабала и ефекти проредних захвата у вјештачки подигнутој састојини смрче на подручју Соколина – Котор Варош. Гласник Шумарског факултета у Београду 96:29–43
- Говедар З, Медаревић М (2008) Основ концепције развоја шумарства Републике Српске. Научни скуп „Ресурси Републике Српске“, Академија наука и умјетности Републике Српске, Одјељење природно – метематичких и техничких наука, XIII, Бања Лука
- Govedar Z (2005) Načini prirodnog obnavљања mješovitih šuma jele i smrče (*Abieti Piceetum illyricum*) na području zapadnog dijela Republike Srpske. Doktorska disertacija, Univerzitet u Beogradu, Šumarski fakultet, str 300
- Geburek T, Turok J (2005) Conservation and Mangement of Forest Genetic Resources in Europe. Arbora Publishers, Zvolen, pp 693 ISBN 80967088-1-3
- George JP, Konrad H, Collin E, Thevenet J, Ballian D, Idzajt M, Kamm U, Zhelev P, Geburek T (2015) High molecular diversity in the true service tree (*Sorbus domestica*) despite rareness: data from Europe with special reference to the Austrian occurrence. Ann Bot, doi:10.1093/aob/mcv047
- Gömöry D, Paule L, Brus R, Zhelev P, Tomović Z, Gračan J (1999) Genetic differentiation and phylogeny of beech on the Balkan peninsula. J Evol Biol 12:746–754
- 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 12:73–82
- Graudal L, Kjær ED, Thomsen A, Larsen AB (1997) Planning national programmes for conservation of forest genetic resources. Technical Note No. 48, Danida Forest Seed Centre, Humlebæk, Denmark
- Guldager P (1975) Ex situ conservation stands in the tropics. In The methodology of conservation of forest genetic resources FO:MISC/75/8:85–92
- Guzina V (1976) Procena genetskog varijabiliteta jasike (*Populus tremula* L.) pomoću polimorfizma izoperoksidaza. Doktorska disertacija, Novi Sad

- Daničić V (2008) Међуклонски варијабилитет у сјмесној плантажи бијелог бора (*Pinus sylvestris* L.) на локалитету Станови Добој, Магитарски рад, Шумарски факултет Универзитета у Београду
- Даничић В, Исajeв В, Матаруга М, Лучић А (2011а) Вријабилност морфолошких и физиолошких одлика полена рамета у клонској сјеменској плантажи белог бора (*Pinus sylvestris* L.) на локалитету Станови код Добоја, Шумарство 1–2:13–27
- Daničić V, Isajev V, Mataruga M, Cvjetković B (2011b) Међуклонски варијабилитет фенологије цветања у сјменској плантажи бијелог бора (*Pinus sylvestris* L.) поред Добоја, IV Симпозијум секције за oplemeњивање организама Друштва генетиčара Србије, Кладово, 2–6. октобар 2011, Зbornик апстраката, стр 79
- Daničić V, Mataruga M, Isajev V, Cvjetković B (2012a) Variability of flowering and seed crop in a clonal seed orchard of scots pine (*Pinus sylvestris* L.), International Scientific Conference, Forest in the future Sustainable Use, Risk and Challenges, 4-5. October 2012, Belgrade, Republic of Serbia Proceedings, pp 441–450
- Daničić V, Isajev V, Mataruga M, Cvjetković B, Milijević I (2012b) Variability of photosynthetic pigments content of scotch pine (*Pinus sylvestris* L.) in the seed orchard. International Conference Forestry science and practice for the purpose of sustainable development of forestry, Вања Лука, Republic of Srpska/BiH, 1-4. November 2012, Proceedings, pp 687–697
- Daničić V, Isajev V, Mataruga M, Cvjetković B (2015) The influence of climate factors on flower dynamic of the 20 clone scots pine (*Pinus sylvestris*), Шумарство 3:25–31
- Daničić V (2018) Генетички диверзитет и морфолошко помолошко варијабилитет популација питомог кестена (*Castanea sativa* Mill.) у Bosni и Hercegovini. Doktorska disertacija, Шумарски факултет, Вања Лука
- Daničić V (2019) Генетички диверзитет популација питомог кестена (*Castanea sativa* Mill.) у сјеверозападном дијелу Bosne и Hercegovine, Трећа научно-стручна конференција о кестену "Еколошки и економски значај традиционалног и плантажног узгоја кестена", Велика Кладуша, Nov, 2019 Зbornик радова и сажетака, стр 16–28
- Daničić V, Ballian D, Mataruga M, Cvjetković B, Terzić R (2019a) *Ex Situ* Conservation – Case Study in Bosnia and Herzegovina. In: Šijačić-Nikolić M, Milovanović J, Nonić M (eds) Forests of Southeast Europe Under a Changing Climate - Conservation of Genetic Resources, Springer, Switzerland, pp 251–258
- Daničić V, Isajev V, Mataruga M, Cvjetković V, Konnerth M, Fussi B (2019b) Genetic diversity of natural Bosnian and Herzegovinian populations of sweet chestnut (*Castanea sativa* Mill) as revealed by SSS markers. VI Congress of the Serbian Genetic Society, 13–17.10.2019. god. Book of abstract, p 179
- Eriksson G, Ekberg I (2001) An Introduction to Forest Genetics. Dept For Genet, Swedish Agricultural University, Uppsala, Sweden
- EUFGEN (2021) <http://www.euforgen.org/forest-genetic-resources/eufgen-information-system/>



- Закон о репродуктивном материјалу шумског дрвећа “Службени гласник Републике Српске”, број 60/09
- Закон о шумама “Службени гласник Републике Српске” број 66/03, 75/08 и 30/10
- Закон о заштити животне средине „Службени гласник Републике Српске“, бр. 53/02
- Закон о заштити природе „Службени гласник Републике Српске“, број 50/02
- Исајев В (1987) Оплемењивање оморике (*Picea omorica* /Panč./ Purkyne.) на генетско селекционим основама. Докторка дисертација. Шумарски факултет. Београд
- Isajev V (1991) Serbian spruce (*Picea omorica* /Panč. / Purkyne) Flowering and seed bearing in seed plantations of Western Serbia (Yugoslavia), L Arbore. Biologie de Development. Naturalia Monspeliensis n. h. s, pp 616–618
- Isajev V, Dormling I (1992) Photoperiodic control of growth and growth cessation in 30 half sib families of serbian spruce seedlings (*Picea omorica* /Panč./ Purkyne). Genetika 24(3):209–217
- Исајев В, Туцовић А (1992) Провенијенични тест смрче на три локалитета код Ивањице – Извођачки пројекат. Шумарски факултет Универзитета у Београду, стр 1–52
- Isajev V, Tucović A, Šijačić M (1994) Dostignuća u oplemeњivanju crnog bora (*Pinus nigra* Arn.) u Srbiji. Rad saopšten na 1. Kongresu genetičara Srbije. Угњаčka Вања
- Исајев В, Туцовић А (1997) Диверзитет и коришћење генетских ресурса дрвећа и жбуња Југославије. Савремена пољорпривреда XX(1–2):185–195
- Isajev V, Tucović A, Guzina V, Orlović S (1997) Conservation and utilization of forest genetic resources in Yugoslavia. XI World Forestry Congress, 13–22. X, Antalya. Proceedings of the XI World Forestry Congress
- Isajev V, Tucović A, Guzina V, Orlović S (1997) Conservation and utilization of forest genetic resources in Yugoslavia. XI World Forestry Congress, 13–22. X Antalya. Proceedings of the XI World Forestry Congress
- Isajev V, Tucović A (1998) Usmerena promenљivost i oplemeњivanje drveća i žbunja u budućnosti. Genetika na prelazu izmedju dva milenijuma, Beograd str 31–36
- Isajev V, Šijačić-Nikolić M (2003) Praktikum iz genetike sa oplemeњivanjem biљaka, Art Print, Beograd-Вања Лука, str 240
- Исајев В (2004) Утврђивање генетичке дистанце одабраних врста рода *Picea* на основу варијабилности терпеноиног састава етарских уља четина. Зборник апстраката III Конгреса генетичара Србије. Суботица, 30. новембар – 4. децембар, 2004, стр 13
- Исајев В, Шијачић-Николић М, Иветић В (2006) Конзервација генофонда врста дрвећа у специјализованим плантажама Србије. Међународна научна конференција: Газдовање шумским екосистемима националних паркова и других заштићених подручја. Јахорина – Тјентиште, Босна и Херцеговина, 05-08. јул 2006. Године. Зборник радова, стр 67–76
- Исајев В, Шијачић-Николић М (2011) Практикум из генетике са оплемењивањем биљака. II Издање. Шумарски факултет, Београд

- Исајев В (2016) Пилот објекти *ex situ* конзервације гермплазме четинара у Србији и њихов допринос усмереном коришћењу генетичких ресурса. Прегледни рад. Шумарство 3–4:1–17
- Isajev V (2016) Pilot objektil EX SITU konzervacije germplazme četinarara u Srbiji i њихов doprinos usmerenom korišćeњу genetičkih resursa. Šumarstvo 3–4:1–17
- Jobes DV, Hurley DL, Thien LB (1995) Plant DNA isolation: a method to efficiently remove polyphenolics, polysaccharides, and RNA. – Taxon 44:379–386
- Jukić Љ (2014) Molekularna karakterizacija prirodnih bosanskohercegovačkih populacija vrste *Picea omorika* (Pančić) Purkiyne odanranim STS markerima. Magistarski rad. Univerzitet u Sarajevu, str 126
- Karp A, Kresovich S, Bhat KV, Ayad WG, Hodgkin T (1997) Molecular Tools in Plant Genetic Resources Conservation: a Guide to the Technologies. IPGRJ technical bulletin No. 2. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy
- Konnert M, Bergmann F (1995) The geographical distribution of genetic variation of silver fir (*Abies alba*, Pinaceae) in relation to its migration history. Plant Syst Evol 196:19–30
- Koski V, Skržpna T, Paule I, Wolf H, Turok J (1997) Tehnical guidelines for genetic conservation of Norwaz spruce /*Picea abies* (L.) Karst./. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy
- Kvesić S, Ballian D, Parpan TV (2016) Allozyme variation among European beech (*Fagus sylvatica* L.) stands in Bosnia and Herzegovina. Ecological and Genetic Studies of Phytocenoses 27(3–4):5–15
- Kvesić S, Hodžić MM, Ballian D, Gomory D, Fussi B (2020) Genetic variation of a widespread subdominant tree species (*Acer campestre* L.) in Bosnia and Herzegovina. Tree Genetics & Genomes 16:82
- Lagercrantz U, Ryman N (1990) Genetic structure of Norway spruce (*Picea abies*) concordance of morphological and allozymic variation. Evolution 44:38–53
- Lefèvre F, Koskela J, Hubert J, Kraigher H, Longauer R, Olrik D, Zariņa I (2013) Dynamic Conservation of Forest Genetic Resources in 33 European Countries. Conservation Biology, 27(2):373–384
- Lefèvre F, Imbert E (2003) Dispersal and gene flow of *Populus ngra* (Salicaceae) along a dynamic river system. Journal of Ecology 91:447–456
- Lovejoy TE (1980) Foreword. In: Soule ME, Wilcox BA (eds) Conservation biology: An evolutionary ecological perspective, V–IX. Sinauerr Associates, Sunderland, Mass
- Lorenz M, Fischer R, Mues V (2005) Forest resources in Europe and their condition. In: Geburek T, Turok J (2005) Conservation and Management of Forest Genetic Resources in Europe, pp:111–126. Arbora Publishers, Zvolen
- Lučić A (2012) Podizanje šuma belog bora (*Pinus sylvestris* L.) u Srbiji na ekološko-genetičkim osnovama. Šumarski fakultet. Doktorska disertacija
- Lučić A, Isajev V, Cvjeticanin R, Ракоњас Љ, Novakovic A, Nikolic M, Mladenovic Drinic S (2011) Interpopulation geneticceological variation of Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) in Serbia. Genetika 43(1):1–18

- Mataruga M, Isajev V, Čomić R, Marić Љ (2000) Conservation of forest genetic resources of the Republic Srpska (Bosnia and Herzegovina) in situ. Second Balkan Botanical Congress, Isanbul, Turkey May 14–18. Book of Abstracts p 45
- Mataruga M, Isajev V, Čomić R, Marić Љ (2001) Conservation of forest genetic resources of the Republic Srpska (Bosna and Herzegovina) in situ. Proceedings of the 2nd Balkan Botanical Congress »Plants of the Balkan Peninsula: into the next Millennium«. Volume I. Istanbul University, Turkey pp 295–299
- Mataruga M (2003) Genetičko-selekcione osnove unaprđeња proizvodње sadnica crnog bora (*Pinus nigra* Arn.) rzičutih provenijencija. Doktorska disertacija. Šumarski fakultet Beograd
- Mataruga M, Isajev V, Lazarev V, Balotić P, Daničić V (2005) Registar Šumski Sjemenskih Objekata RS – osnova unaprđeња sjemenske proizvodње. Šumarski fakultet Univerziteta u Вањој Луци, str 222
- Mataruga M, Isajev V, Balotić P, Burlica Č, Cvjetković B (2010) Progeny tests of Norway spruce (*Picea abies* Karst.) in Bosnia and Herzegovina - contribution to the European ex situ conservation, First Serbian Congress Future with Forests, Proceedings, pp 378–389
- Mataruga M, Haase M, Isajev V, Orlović S (2012) Growth, survival, and genetic variability of Austrian pine (*Pinus nigra* Arnold) seedlings in response to water deficit. *New Forests* 43:791–804
- Mataruga M, Isajev V, Konstantinov K, Mladenović-Drinić S, Ballian D (2012) Proteins as Gene Markers of Tolerance to Drought in Austrian pine (*Pinus nigra* Arnold). *Phyton-Annales rei Botanicae* 52:263–280
- Матаруга М, Исајев В, Орловић Ц, Ђурић Г, Брујић Ј, Даничић В, Цвјетковић Б, Ђопић М, Балотић П (2013) Програм очувања шумских генетичких ресурса Републике Српске, стр 2013–2025. године. Министарство пољопривреде, шумарства и водопривреде у Влади Републике Српске, Бања Лука
- Mataruga M, Isajev V, Orlović S (2013) Šumski genetički rasursi. Univerzitet u Вањој Луци, Šumarski fakultet
- Mataruga M, Piotti A, Daničić V, Cvjetković B, Fussi B, Konnert M, Vendramin GG, Aleksić J (2019) Dynamic conservation of *Picea omorika* populations in the Republic of Srpska, B&H; 6. Congress of the Serbian Genetic Society; 13–17.10.2019.god. Book of abstract, p 150
- Mataruga M, Piotti A, Daničić V, Cvjetković B, Fussi B, Konnert M, Vendramin GG, Aleksić J (2020) Towards the dynamic conservation of Serbian spruce (*Picea omorika*) western populations. *Annals of Forest Science* 77:1
- Malcolm JR, Markham A, Neilson RP, Garaci M (2002) Estimated migration rates under scenarios of global climate change. *Journal of Biogeography*, 29:835–849
- Mayol M, Riba M, Cavers S, Grivet D, Vincenot L, Cattonaro F, Vendramin GG, González-Martínez SC (2019) A multiscale approach to detect selection in nonmodel tree species: Widespread adaptation despite population decline in *Taxus baccata* L. *Evolutionary Applications* 00:1–18

- Mayol M, Riba M, González-Martínez SC, Bagnoli F, de Beaulieu JL, Berganzo E, Burgarella C, Dubreuil M, Krajmerova D, Paule L, Romsakova I, Vettori C, Vincenot L, Vendramin GG (2015) Adapting through glacial cycles: insights from a long-lived tree (*Taxus baccata*). *New Phytologist* doi.10.1111/nph.13496
- Memišević-Hodžić M, Murlin I, Ballian D (2016) Variability of eight years old plants of pedunculate oak in provenance test Žepče, Bosnia and Herzegovina. *Natural Resources, Green Technology and Sustainable Development-Green Proceedings*, pp 106–111
- Министарство пољопривреде, шумарства и водопривреде РС (2012). Стратегија развоја шумарства Републике Српске за период 2011–2021. Бања Лука, БиХ
- Министарство пољопривреде, шумарства и водопривреде РС (2013) Програм очувања шумских генетичких ресурса за период 2013–2025. Бања Лука, БиХ
- Министарство спољне трговине и економских односа Босне и Херцеговине (2016) Стратегије и акционог плана за заштиту биолошке разноликости Босне и Херцеговине за период 2015–2020
- Mitchell TD, Carter TR, Jones PD, Hulme M, New M (2004) *A comprehensive set of highresolution grids of monthly climate for Europe and the globe: the observed record (1901–2000) and 16 scenarios (2001–2100)*. Tyndall Centre for Climate Change Research, University of East Anglia, UK
- Monografija zaštićena područja Republike Srpske (2013) JU Nacionalni park “Kozara” i JU Nacionalni park “Sutjeska”, Вањалука
- Morgante M, Vendramin GG (1991) Genetic variation in Italian populations of *Picea abies* L. Karst. and *Pinus leucodermis* Ant. In: Müller-Starck G, Ziehe M (eds) *Genetic Variation in European Populations of Forest Trees*, pp 205–227. JD Sauerlander's Verlag, Frankfurt a. M, Germany
- Национални парк Дрина (2021) <https://npdrina.com/>. 16 март 2021
- Namkoong G, Eriksson G, James R (1997) Dynamic gene conservation for uncertain futures. *Forest Ecology and Management* 62(1–4):15–37
- Namkoong G (2001) Forest genetics: Pattern and complexity. *Canadian Journal of Forest Research* 1(4):623–632
- Nikolić Đ (1982) Izozimski polimorfizam crnog bora (*P. nigra* Arn.) u Jugoslaviji i nekim drugim delovima његове prirodne rasprostranjenosti. Doktorska disertacija. Beograd
- Norse EA, McManus RE (1980) Ecology and living resources biological diversity. In: *Environmental quality 1980: The eleventh annual report of the Council on Environmental Quality*, 31–80. Council of Environmental Quality, Washington, DC
- Norse EA, Rosenbaum KL, Wilcove DC, Wilcox BA, Romme WH, Johnston DW, Stout ML (1986) *Conserving biological diversity in our National forests*. The Wilderness Society, Washington, DC
- Одлука о заштити Споменика природе "Жута буква", Службени гласник РС 30/12
- Oldfield S, Lusty C, McKinven A (1998) *The World List of Threatened Trees*. World Conservation Press, Cambridge, UK

- Pećanac N, Mataruga M, Daničić V, Ivanković M, Lanščak M, Cvjetković B (2019) Variability of seed and seedlings of common oak (*Quercus robur* L.) from Bosnia and Herzegovina and Croatia. VI Congress of the Serbian Genetic Society, 13–17.10.2019. Book of abstract, p 178
- Pimm S, Greth J, Russell GJ, Gittleman JL, Brooks TM (1995) The Future of Biodiversity, *Science*, New Series, 269(5222):347–350
- Petit I, Jacques-Louis de Beaulieu A, Bittkau C, Brewer S, Cheddadi R (2003) Glacial Refugia: Hotspots but Not Melting Pots of Genetic Diversity. *Science* 300(5625):1563–1565
- Pintarić K (1991) Proučavanje priraščivanja IUFRO-duglazije različitih provenijencija na nekoliko oglednih ploha u Bosni. *Šumarski list* 1–2(CXV):5–22
- Postolache D, Flaviu P, Paule L, Ballian D, Zhelev P, Farcas S, Paule J, Badea O (2017) Unique postglacial evolution of the hornbeam (*Carpinus betulus* L.) in the Carpathians and the Balkan Peninsula revealed by chloroplast DNA. *Science of The Total Environment*, May 2017
- Radović I (2001) Razvoj ideje o značaju i potrebi zaštite biodiverziteta. Naučni skup SANU, Књига CXI, Biodiverzitet na početku novog milenijuma. Beograd, str 17–53
- Ratknić M, Ракоњас Љ, Nikolić B, Braunović S, Bilibajkić S (2007) Стање и unapredjeње semenskih objekata. State and improvement of seed stands. In: Ratknić et al. (eds) Posumljavanje goleti i antropogeno ostecenih zemlјista (monografija). (Afforestation of barren and anthropogenic degraded lands [monograph]), pp 23-27 Institut za šumarstvo, Beograd, 224
- Rogers SO, Bendich AJ (1985) Extraction of DNA from milligram amounts of fresh, herbarium and mummified plant tissues. *Plant Molecular Biology* 5:69–76
- Rossi P, Vendramin GG, Giannini R (1996) Estimation of mating system parameters in two Italian natural populations of *Fagus sylvatica*. *Canadian Journal of Forest Research* 26(7):1187–1192
- Службени гласник Републике Српске, број: 111/09
- Службени гласник Републике Српске, број 60/09
- Sirén G (1998) Results and conclusions of pine advance in subarctic Finland in the 20<sup>th</sup> century. *Finnish Forest Research Institute Research Papers* 677:7–16
- Skender A (2010) Genetska i pomološka varijabilnost populacije pitomog kestena u Bosni i Hercegovini, Doktorska disertacija, Пољопривредно-prehrambeni fakultet Sarajevo, Uneviritet u Sarajevu, str 92
- Skender A, Kurtović M, Pojskić N, Kalamujić Stroi B, Adžabiulić S, Gaši F (2017) Genetic structure and diversity of European chestnut (*Castanea sativa* Mill.) populations in western balkans: on a crossroad between east and west. *Genetika* 49(2):613–626
- Skender A, Kurtović M, Hadžabiulić S, Gaši F (2013) Analyses of genetic structure within population of chestnut (*Castanea sativa* Mill.) in Bosnia and Herzegovina using SSR markers. *J Ege Univers* 01–I:159–162

- 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* 57(4–5):227–234
- Stefanović V, Beus V, Burlica Č, Dizdarević H, Vukorep I (1983) Ekološko-vegetacijska rejonizacija Bosne i Hercegovine. Posebna izdanja br. 18. Šumarski fakultet u Sarajevu, str 49
- Stevanović V (1996) Biodiverzitet i zaštita životne sredine. V kongres ekologija Jugoslavije. Zbornik plenarnih referata, Beograd, str 21–34
- Stevanović V, Radović I (2001) Pajam, koncept i značaj biodiverzitet. Prirodni potencijali kopna, kontinentalnih voda i mora Crne Gore i njihova zaštita Žabljak, Beograd, str 31–49
- Stevanović V, Vasić V (1995) Biodiverzitet Jugoslavije sa pregledom vrsta od međunarodnog značaja. Biološki fakultet i Ecolibri, Beograd
- Stevanović-Janežić T, Isajev V, Lange W (1993) Needle oil terpenes of Serbian spruce from three localities. *Holz als Roh- und Werkstoff* 51. Springer – Verlag, pp 283–286
- Stevanović-Janežić T, Isajev V, Lange W (1994) Relations of needle oil terpene compositions for selected species from genus *Picea*. *J Serb Chem Soc* 59(6): 359–365
- Stefanović V (1980) Ekotipska diferencijacija bijelog bora (*Pinus sylvestris* L.) u Bosni i Hercegovini. Posebna izdanja br. 13. Sarajevo
- Tucović A, Isajev V (1995) Evolutionary potential of polyploid complexes in the process of tree and shrub breeding. *Genetika* 27(2):131–139
- Tröber U, Ballian D (2011) Genetic characterization of English yew (*Taxus baccata* L.) populations in Bosnia and Herzegovina. *European Journal of Forest Research* 130(4):479–489
- FAO (2020) Global Forest Resources Assessment 2020. Rome. P.184. ISBN: 978-92-5-132974-0
- FAO (2001) International action in the management of forest genetic resources: status and challenges. Prepared by Christel Palmberg-Lerche. Working Paper FGR/1. Forest Resources Division, Forestry Department, FAO, Rome, Italy
- Fischlin A, Midgley GF (2007) Ecosystems, their properties, goods, and services. In: Parry ML, Canziani OF, Palutikof JP, van der Linden PJ, Hanson CE (eds) *Climate Change 2007: Impacts, Adaptation and Vulnerability. Contribution of Working Group II to the Fourth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change*. Publisher: Cambridge University Press, Cambridge Editors, pp 212–272
- Fussi B, Petropoulos S, Daničić V, Aravanopoulos F, Konnert M (2016) Genetic diversity of Sweet chestnut (*Castanea sativa* Mill.) populations of Central and Southeastern European origin. *IUFRO Genomics & Forest Tree Genetics*, Arcachon France, Abstract Book, pp 49–50, May 2016,

- Hajrudinović A, Frajman B, Schonswetter P, Silajdžić E, Šiljak-Yakovlev S, Bogunić F (2015b) Towards a better understanding of polyploid *Sorbus* (Rosaceae) from Bosnia and Herzegovina (Balkan peninsula), including description of a novel, tetraploid apomictic species. *Botanical Journal of the Linnean Society* 178:670–685
- Hajrudinović A, Šiljak-Yakovlev S, Brown SC, Pustahija F, Bourge M, Ballian D, Bogunić F (2015) When sexual meets apomict: genome size, ploidy level and reproductive mode variation of *Sorbus aria* s and *S. austriaca* (Rosaceae) in Bosnia and Herzegovina. *Annals of Botany* 1–12 doi:10.1093/aob/mcv093, available online at [www.aob.oxfordjournals.org](http://www.aob.oxfordjournals.org)
- Hajrudinović A, Bogunić F (2018) Morfološka, citometrijska i genetička karakterizacija određenih poliploidnih i hibridnih grupa roda *Sorbus* L. u Bosni i Hercegovini. Doktorska disertacija. Univerzitet u Sarajevu
- Hanover JW (1992) Applications of terpene analysis in forest genetics. *New Forests* 6:159–178
- Hatterer HH (1995) Concepts and requirements in the conservation of forest genetic resources. *For Genet* 2:125–134
- Hamrick JL, Godt MJ (1990) Allozyme diversity in plant species. In: Brown AHD, Clegg MT, Kahler AL, Weir BS (eds). *Sinauer Associates, MA, USA*, pp 43–63
- Heuertz M, Fineschi S, Anzidei M, Pastorelli R, Salvini D, Paule L, Frascaria-Lacoste N, Hardy OJ, Vekemans X, Vendramin GG (2004) Chloroplast DNA variation and postglacial recolonization of common ash (*Fraxinus excelsior* L.) in Europe. *Molecular Ecology* 13:3437–3452
- Hewitt (1999) Post-glacial re-colonization of European biota. *Biological Journal of the Linnean Society* 68(1-2):87–112
- Ciais P, Reichstein M, Viovy N, Granier A, Ogee J, Allard V (2005) Europe-wide reduction in primary productivity caused by the heat and drought in 2003. *Nature* 437(7058):529–533
- Comps BB, Thiébaud I, Šugar I, Trinajstić M, Plazibat (1991) Genetic variation of the Croatia beech stands (*Fagus sylvatica* L.): spatial differentiation in connection with the environment. *Ann Sci For*, 48:15–28
- Cvjetković B, Mataruga M, Dukić V, Daničić V, Lučić A (2014) The variability of Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) in the provenance test in Bosnia and Herzegovina. *Proceedings of the Biennial International Symposium “Forest and sustainable development”*, Transylvania University press, pp 79–88
- Cvjetković B, Mataruga M, Šijačić-Nikolić M, Daničić V, Lučić A (2015a) Bud burst and height increment of Norway spruce (*Picea abies* Karst.) in progeny tests in Bosnia and Herzegovina, *International Conference “Reforestation Challenges”*, *Proceedings*, pp 251–259

- Cvjetković B, Mataruga M, Šijačić-Nikolić M, Daničić V, Stojnić S (2015b) Survival of Norway spruce seedlings (*Picea abies* (L.) Karst.) in progeny test "Srebrenica" in purpose of transfer of forest reproductive material of this species. The Third Republic of Srpska Biologist and Ecologist Symposium, Book of abstracts, pp 136–137
- Cvjetković B, Mataruga M, Šijačić-Nikolić M, Ivetić V, Daničić V, Stojnić S, Stojanović M (2015c) Norway spruce (*Picea abies* (L.) Karst.) Seedlings survival in progeny test "Drinić" Bulletin of Faculty of Forestry Вања Лука 22:5–14
- Cvjetković B, Mataruga M, Šijačić-Nikolić Dukić V, Popović V (2016) Variability of Norway spruce morphometric characteristics in progeny tests in Bosnia and Herzegovina, Bulletin of Faculty of Forestry Belgrade 113:11–35
- Cvjetković B, Konnerth M, Fussi B, Mataruga M, Šijačić-Nikolić M, Daničić V, Lučić A (2017) Norway spruce (*Picea abies* Karst.) variability in progeny tests in Bosnia and Herzegovina. Genetika 49(1):259–272
- Cvjetković B (2018) Genetičko-fiziološka varijabilnost smrče (*Picea abies* Karst) u testovima potomstva u Bosni i Hercegovini. Doktorska disertacija. Šumarski fakultet Univerzitet u Beogradu.
- Cvjetković B, Mataruga M, Ballian D, Terzić R, Daničić V (2019) *In Situ* Conservation: Case Study Bosnia and Herzegovina. In: Šijačić-Nikolić M, Milovanović J, Nonić M (eds) Forests of Southeast Europe Under a Changing Climate - Conservation of Genetic Resources", Springer, Cham, Switzerland, pp 187–194
- Wilson EO (1985) The biological diversity crisis. BioScience 35:700–706
- Wilson EO (1992) The diversity of life. Harvard University Press, pp 424
- Yanchuk A (2001) A quantitative framework for breeding and conservation of forest tree genetic resources in British Columbia. Can J For Res 31:566–576
- UNECE/FAO(2000)-<https://unece.org/forests/temperate-and-boreal-forests-resource-assesement-tbfra-2000>



## **Biodiversity and genetic resources in forests of the Republic of Srpska (Bosnia and Herzegovina) – their manifold significance**

Vasilije Isajev, Vanja Daničić

### **Summary**

The flora, fauna and fungi of Bosnia and Herzegovina are the most diverse in Europe, whereas being abundant in endemic and relic species sets this region high at the level of global biological diversity. As much as 30% of the total endemic flora of the Balkans can be found in Bosnia and Herzegovina. Negative activities in the past decreased the number and led to extinction of certain plant species, causing disruption of entire ecosystems. It is not easy to preserve and improve the use of biodiversity, particularly if forest genetic resources in the Republic of Srpska (B&H) are included. Nevertheless, if a long-term plan is made and therefore implemented, the results will be evident. Each stage of protection and breeding activities has its specific purposes and in most cases it poses only a part of the overall activities. *In situ* and *ex situ* conservation methods are applied in order to preserve the essential parts of forest communities, along with environment, populations of tree species, individual species or genes.

During the last two decades, starting from quantitative and population genetics, significant progress has been made in identifying indicators of genetic diversity of species. Understanding the genetic variability of forest communities is of great importance. Without this capacity it would be impossible to achieve permanent success in preserving and conserving the gene pool of a large number of species, since understanding the genetic variability itself represents an objective parameter of intra- and interpopulation adaptive and productive potential. Previous research activities in the Republic of Srpska (B&H) at morphological level focused on comparative analyses of a larger number of quantitative and qualitative properties, moreover, at molecular level it was confirmed that tree species are abundant in genetic material, which makes the starting point for both current and future breeding processes of forest tree species.

Understanding the genetic potential of forests in the Republic of Srpska (B&H), and the possibilities of its targeted use, along with the economic importance, is also crucial for the processes of forest species adaptation. It is important to keep in mind that *in situ* conservation objects do not represent complexes made up from forest communities which are exempted from the regime of regular management and in which cultivation and protection measures are carried out

as they are usually carried in forests of special purposes, in fact, they are pilot objects which need comprehensive analyses of production, adaptive and reproductive potential of tree species population. According to multiyear analyses, it is observed that life manifestations which form the basis of population stability, in both time and space, have regime and dynamics, as well. They are essential for for complex breeding methods, such as selection and hybridization.

Conservation of forest genetic resources includes extremely complex and extensive activities involving previous experience, information base and financial resources. Only a systematic approach can guarantee that all important genetic resources can be kept in reasonable number of required facilities and at acceptable costs. It should be borne in mind that there are no standard solutions for in situ and ex situ conservation. Solutions should be linked and adapted to bioecological properties of species, demographic and ecogeographic environment that prevails in conservation regions, conservation objects and within national, social and political contexts. Previous activities on forest genetic resources conservation are insufficient.

Moreover, unplanned and unconscious human actions (forest exploitation, forest fires, tourism development, loss of forest land, etc.) and climate change continuously endanger genetic resources. Consequently, there is an urgent need for a comprehensive national strategy for preservation, conservation and targeted use of forest genetic resources in Bosnia and Herzegovina, which will serve as a basis for planning activities within this area.

*Keywords:* Genetic conservation, biodiversity, *in situ*, *ex situ*