

SELVICOLTURA E VARIABILITÀ GENETICA: FUNZIONALITÀ E CONSERVAZIONE DEGLI ECOSISTEMI FORESTALI

(*) Dipartimento di Scienze e Tecnologie Ambientali Forestali, Università degli Studi di Firenze

È noto che alla base gestionale della selvicoltura vi è la conoscenza eco-biologica dell'ecosistema bosco, nonché le interpretazioni delle relazioni intercorrenti tra funzionalità, potenzialità, produttività e stabilità. In questo triangolo di processo, ruolo determinante viene svolto dalla diversità genetica che assume significato di riferimento e fattore di coesistenza a livello inter e intraspecifico.

La diversità morfo-funzionale è controllata dalla variabilità genetica che contribuisce in modo prioritario a realizzare la strutturazione spazio/tempo delle specie come risultato dell'interazione tra sistema genetico ed ambiente. Le caratteristiche dei sistemi riproduttivi che definiscono la trasmissione dell'informazione genetica, congiuntamente all'azione dei fattori evolutivi, creano una grande variabilità genetica individuale all'interno delle popolazioni che è la chiave essenziale della sopravvivenza, resistenza e resilienza di un eccezionale insieme che, tra l'altro, è costituito dai più grandi organismi viventi, ma obbligati a vivere per lungo tempo immobili nello spazio.

Riconoscendo a tutte le forme di vita un valore intrinseco che può essere ecologico ed economico, realizzato o potenziale, la gestione della diversità genetica, questo le coinvolge tutte nella conservazione. Per gli alberi, componente dominante, la perdita di diversità può essere determinante per la funzionalità del sistema: la conservazione di questa ai massimi livelli, diventa obiettivo di importanza assoluta, e base fondamentale per assicurare il più efficace adattamento evolutivo e nello stesso tempo il più prezioso serbatoio da utilizzare anche in futuro attraverso programmi di miglioramento genetico.

Parole chiave: variabilità genetica, selvicoltura, conservazione, genomica di popolazione.

Key words: genetic variability, silviculture, conservation, genomic population.

1. In un articolo del 1998 dal titolo "Biodiversity: A diversity in definition" l'ecologo Michele Kaennel, riconosce che, sebbene il termine biodiversità sia diffusamente usato, una definizione intellegibile di questo non esiste.

Ciò può essere dovuto in parte al fatto che del termine, poiché d'uso sempre più frequente, se ne sia fatto un certo abuso facendolo apparire d'impiego quasi banale e semplicistico se non addirittura improprio.

Invece è riconosciuto come la più straordinaria caratteristica del nostro Pianeta sia la presenza della vita e come la più straordinaria caratteristica della vita sia la diversità. Da ciò possiamo allora indicare che la biodiversità rappresenta la varietà e la variabilità degli organismi viventi in un contesto molteplice e variabile da un punto di vista ecologico-stazionale (Giannini e Susmel, 2006). Siamo di fronte ad un concetto complesso essendo coinvolto il pensiero d'insieme che si colloca in un sistema ecologico integrato in cui, tra l'altro, le componenti mantengono la propria individualità e la loro unione crea nuove proprietà emergenti non presenti in loro.

Questo sistema ecologico integrato è caratterizzato da diversi livelli di organizzazione biologica di cui quelli di più vasta portata riguardano la diversità ecologica, la diversità specifica, la diversità genetica.

Più in generale, la funzionalità dell'ecosistema dipende dalle caratteristiche e dalle proprietà delle componenti che lo realizzano congiuntamente alle proprietà collettive che derivano dall'organizzazione di queste, nonché dal risultato degli effetti delle interrelazioni che si vengono a creare a livello di biocenosi.

La componente ereditaria trasmessa a livello molecolare

è la variabilità genetica, la quale rappresenta la somma complessiva delle informazioni contenute nei geni degli organismi quali piante, animali, e microrganismi che popolano la Terra. Lo studio ed il confronto a livello di geni, introduce l'idea di diversità genetica che consiste nell'apprezzamento delle variazioni e/o delle somiglianze riscontrabili nella sequenza primaria degli acidi nucleici (DNA e RNA) posseduta da individui della stessa specie. I singoli individui si possono caratterizzare per un diverso assortimento allelico per locus, che insieme alla distribuzione allelica a livello di gruppo determinano i gradi di diversità genetica tra ed entro le popolazioni.

L'approccio scientifico ci indica come la componente genetica ecologica assuma importanza fondamentale nelle varie fasi che contribuiscono alla funzionalità degli ecosistemi. Questi ultimi faranno riferimento a modelli di diversità differenti nei quali però il "motore" è la componente genetica che negli organismi conferisce perpetuità al sistema da una generazione all'altra.

Questo processo si sviluppa seguendo un doppio percorso dinamico nello spazio e nel tempo, il che sta ad indicare che l'interesse riversato e riservato alla variabilità genetica, sta nel fatto che la perdita parziale (erosione) e/o totale (estinzione) di questa, rappresenta danno incalcolabile con riflessi diretti sulla sopravvivenza dell'uomo.

Questo è messo bene in luce dai numerosi ed autorevoli studi condotti negli ultimi 50 anni che, documentano con dati puntuali il passato ed il presente, ma che prospettano anche scenari futuri. Un'analisi approfondita dei risultati scaturiti da tali studi potrebbe essere d'aiuto per rispondere ad una domanda assillante che riguarda cosa è accaduto,

cosa accade, cosa potrà accadere qualora non vi fosse stata, non vi sia o non vi sarà diversità genetica.

2. Appare di interesse considerare alcuni aspetti delle relazioni intercorrenti tra variabilità genetica, funzionalità dell'ecosistema foresta e selvicoltura.

È oggi accettato come una più ampia diversità controlli, non solo una maggiore produttività nelle comunità vegetali, ma anche un maggior numero di nutrienti ed una maggiore stabilità. Studi di campo condotti in ambienti differenziati, sono concordi nel dimostrare come un dimezzamento del numero delle specie, nell'ambito dell'ecosistema, sia responsabile di una perdita di produttività del 10-20% e questo si ripete per ogni successiva paritetica riduzione.

Nel caso in cui i processi e le interrelazioni che si instaurano a livello di ecosistema risultino variabili, ovvero meno stabili, i livelli di diversità risultano più bassi. La maggiore stabilità dei più diversi ecosistemi risulterebbe controllata da tre fattori legati direttamente alla diversità. Il primo fa riferimento all'autoecologia delle singole specie: queste, differendo l'una dall'altra, tendono a rispondere in modo indipendente alla variabilità ambientale. Il secondo riguarda l'abbondanza delle singole specie: nell'ambito di uno stesso livello trofico, ciascuna specie compete con le altre, creando, in relazione alla diversa presenza, una covarianza negativa che conduce ad una riduzione della variabilità della comunità nel suo insieme. Il terzo coinvolge la stabilità temporale la cui misura esprime variabilità, dando significato all'abbondanza. In questo caso il valore è espresso dal rapporto tra abbondanza specie-specifica della comunità e la sua deviazione standard temporale. Un aumento dell'abbondanza specie-specifica della comunità comporta un aumento della diversità la quale, in tal modo, fornisce una misura della stabilità.

La diversità assume quindi importanza fondamentale per la funzionalità degli ecosistemi, così come altri fattori quali ad esempio le caratteristiche stazionali, la strutturazione delle specie in entità sottospecifiche, i regimi di disturbo che intervengono ed interagiscono congiuntamente. In vero allo stato attuale il mondo scientifico conosce ancora troppo poco su come gli "ecosistemi forestali lavorano" per cui ai quesiti e alle domande a cui si dovrebbe dare una risposta, che sono veramente numerosi, è possibile rispondere solo in modo parziale (Naeem *et al.*, 1994; Walker *et al.*, 1999; Pfisterer e Schmid, 2002).

I processi che consentono a specie interagenti di coesistere in un ecosistema simultaneamente influenzano la produttività, i cicli biogeochimici e quindi la stabilità. Poiché la perdita di diversità incide in senso negativo sulla funzionalità degli ecosistemi, la necessità del mantenimento di questa ai massimi livelli potrebbe spiegare il perché la struttura degli ecosistemi a livello mondiale è necessariamente così diversa nella ricchezza delle proprie componenti.

Questo aspetto potrebbe essere motivo di profonda riflessione in quanto coinvolge la ricerca delle conoscenze sulle forze e sui processi che portano all'evoluzione, all'adattamento e alla persistenza delle specie. Come già indicato siamo di fronte a sistemi complessi, non riproducibili in laboratorio, nei quali la conoscenza della componente genetica, per essere nota, non può che essere affrontata attraverso step successivi di indagine relativi a gerarchie tra le specie e nelle specie.

Gli alberi rappresentano la componente più vistosa e dominante dell'ecosistema foresta: controllano i processi a livello epigeo ed ipogeo, sono caratterizzati da lunghi cicli vitali, possiedono una variabilità intrinseca elevata dovuta all'alto tasso di eterozigotà. La loro forza sta nella capacità "di fare squadra" il che conferisce valore aggiunto alla regolazione dell'ecosistema stesso.

Si comprende il ruolo centrale svolto dal fattore coesistenza a livello inter ed intrapopolazione e come questa richieda la presenza di continue compensazioni capaci di confrontarsi con i fattori che intervengono nel determinare la *fitness* riproduttiva e l'abbondanza delle specie stesse.

Lo studio dei meccanismi compensativi inter ed intraspecifici, può portare ad un arricchimento delle conoscenze sulle relazioni intercorrenti tra abilità competitiva e capacità dispersiva, tra suscettibilità e resistenza-resilienza a stress biotici ed abiotici, ma anche tra utilizzazione e competizione per le risorse disponibili di un determinato territorio.

È noto che il rapporto uomo/foresta, sviluppatosi nel tempo, ha avuto effetti molto diversificati essendo stato causa di distruzione, frammentazione, erosione, sostituzione della copertura arborea. Anche nei casi di basso impatto, è rimasta dominante la visione del bosco soggetto/oggetto fornitore di beni e servizi tra cui in primo luogo, fonte di materia prima legnosa. Questa, perché così espresa, di fatto riceve configurazione di bene indispensabile per la vita dell'uomo.

La ricerca nel tempo del migliore compromesso accettabile, che consentisse il prelievo di questa biomassa (e non solo) e la conservazione dell'ecosistema foresta ai più alti livelli possibili di funzionalità, può essere interpretato come il percorso storico della selvicoltura che comunque si identifica nella coltura, ma anche nella cultura, del bosco mezzo e strumento di uso.

Da un punto di vista generale l'effetto più vistoso di questo compromesso ha riguardato e riguarda la semplificazione dei cicli di successione naturali, che ha, come prima conseguenza l'interruzione di catene trofiche, la perdita di complessità e di diversità.

Da un punto di vista genetico, la riduzione del numero degli individui all'interno di popolazioni e/o di intere popolazioni, può rappresentare momento dirompente sulla variabilità ovvero sulle capacità selettive e di adattamento.

La diversità fenotipica presente tra i taxa nei diversi ambienti riflette l'evoluzione adattativa ed è osservabile perché ereditabile. Gli alberi forestali hanno aggiustato ed aggiustano la loro autoecologia e fisiologia attraverso un processo adattativo che nel caso specifico è molto raffinato in relazione anche alla lunghezza del loro ciclo biologico.

Da ciò si comprende bene il ruolo fondamentale dell'informazione genetica in quanto depositaria delle potenzialità di fondo nel controllo dell'espressione e della regolazione di caratteri e processi. La strutturazione genetica nello spazio e nel tempo ovvero la distribuzione dei fenotipi e degli alleli, assume ruolo di guida e di responsabilità nella dinamica della presenza/assenza dei *pool genici* in relazione ai livelli di adattamento ai cambiamenti ambientali, ai sistemi di accoppiamento, ai rapporti di concorrenza, nonché di densità, e quindi alla capacità di sopravvivenza delle discendenze.

Ecco che il miglior compromesso nell'uso dell'ecosistema foresta, deve considerare prioritario l'aspetto conservativo

della strutturazione genetica perché il complesso genico a livello di individuo, di popolazione e di specie, rappresenta la base fondamentale per il più soddisfacente adattamento evolutivo e nello stesso tempo, serbatoio prezioso di diversità il cui ruolo è impossibile prevedere quale potrebbe essere nel futuro.

3. L'avvento della genomica e dei nuovi settori scientifici degli "omics", stanno recando un contributo determinante sulla comprensione dei collegamenti esistenti fra meccanismi molecolari, funzione genica, ecologia, fisiologia ed evoluzione.

Sebbene l'attività scientifica recente ed "*in progress*" riguardante studi molecolari di base sull'evoluzione adattativa, sia concentrata su *Arabidopsis thaliana* (Stenoien *et al.*, 2002; McKay *et al.*, 2003), gli alberi rappresentano un buon modello a causa della loro storia di genetica all'adattamento (González-Martínez *et al.*, 2006). Alcuni vantaggi sono offerti dalla naturalità delle loro popolazioni (Neale e Savolainen, 2004), dalla loro abbondante diversità nucleotidica (eterozigosità) e dal veloce decremento del tasso di associazione fisica tra loci sullo stesso cromosoma (Linkage Disequilibrium: LD)¹.

L'adattamento locale a livello di popolazione può essere espressione di condizioni ambientali diversificate ovvero riferibile a stress biotici e/o abiotici che possono contribuire, attraverso il susseguirsi di generazioni, alla speciazione (Schluter, 2001; Kawecki e Ebert, 2004). Questa possibilità intrinseca ha un valore conservativo molto alto in quanto, tra l'altro, rappresenta il serbatoio da utilizzare per i programmi di miglioramento genetico (Aitken, 2000).

La migliore misura per giudicare l'efficacia relativa di un carattere adattativo è la conoscenza dell'effetto di questo sulla fitness stessa o sui "componenti della fitness" come produzione di seme, capacità germinativa, sopravvivenza e crescita delle piante durante il ciclo vitale. Nell'ambito di questo si possono identificare step successivi di riferimento per i quali è possibile ipotizzare e studiare le relazioni interconnesse tra caratteri morfologici, processi biochimici-fisiologici, adattamento ed il loro controllo genetico. Sarebbe di grande utilità poter rispondere alla domanda: quali caratteri contribuiscono alla sopravvivenza o alla produzione di biomassa e quali sono i geni responsabili della variazione genetica di questi caratteri?

Le modificazioni su larga scala nell'espressione genica avvengono rapidamente in risposta alle più consistenti variazioni ambientali. Questo fatto può essere d'aiuto per lo studio della plasticità fenotipica e nello stesso tempo offrire la possibilità di individuare i geni responsabili della variazione naturale nei caratteri di natura adattativa.

Diversi tentativi di ricerca sono stati portati avanti nel tempo con impegno al fine di comprendere l'interconnessione dei fattori evolutivi, che intervengono nel definire la demografia e la struttura genetica, ed il modo in cui definiscono la variazione genica e l'adattamento (Namkoong, 2001). Inizialmente le prove di provenienza, strumento di selezione razziale, nonché l'impiego di marcatori molecolari, hanno permesso di studiare e misurare la diversità genetica adattativa.

Alla base delle prime si collocava il pensiero dominante

che le popolazioni degli alberi forestali (entità sottospecifiche), venivano ritenute "well adapted" alle condizioni ambientabili anche se era nota la presenza di alcune di esse in stazioni sub-ottimali. Basti pensare a quelle soggette a forti cambiamenti climatici, ma anche a quelle marginali (Rehfeldt *et al.*, 2001). Invero le prove di provenienze, che erano state sviluppate per individuare quelle "migliori" per la realizzazione ed il successo dei nuovi impianti, anche in aree non di indigenato, fornivano informazioni sulla variabilità fenotipica dei caratteri di interesse, ma non quelle sull'azione dei singoli geni.

I marcatori molecolari hanno arrecato un notevolissimo contributo alla descrizione delle strutturazioni nello spazio e nel tempo delle frequenze alleliche e genotipiche (filogeografia). Molto scarso è stato invece il contributo alle conoscenze sul ruolo della potenzialità adattativa.

Più recente è stato l'interesse per la mappatura di QTL (*Quantitative Trait Loci*) ovvero per metodiche che consentono di individuare regioni del genoma responsabili della variazione di insiemi di caratteri e che in questo senso possono essere impiegati per studiare, qualora presenti, quelli di natura adattativa. Le procedure prevedono l'impiego di ampie popolazioni segreganti² i cui individui sono genotipizzati attraverso marcatori molecolari e fenotipizzati per caratteri d'interesse.

Il ricorso a metodi statistici (regressioni multiple, maximum likelihood) consente di trovare i marcatori associati con il carattere quantitativo. Nondimeno anche questa strategia non consente di rivelare geni specifici che controllano caratteri adattativi.

Sono forse i settori di ricerca oggi coinvolti negli "omics" che possono fornire informazioni sulla genomica funzionale e sui marcatori ad essi associati.

In un lavoro di sintesi, specifico per gli alberi forestali, Gonzalez-Martinez e collaboratori (2006) indicano che i marcatori ideali per studiare la variazione adattativa dovrebbero avere unite alcune specificità quali i) essere coinvolti in modo diretto nel controllo genetico dei caratteri adattativi, ii) fare riferimento a sequenze note del DNA per funzioni conosciute, iii) avere una variazione allelica nota e facilmente identificabile. Il grosso sforzo scientifico portato avanti in questo settore, ha consentito di raggiungere interessanti successi che riguardano la descrizione (EST: *Expressed Sequence Tag*) di numerose sequenze nucleotidiche in molte specie tra cui quelle dei generi *Picea*, *Pinus*, *Populus* (Andersen e Lubberstedt, 2003).

Gli alberi forestali sono caratterizzati da alti tassi di ricombinazione e presentano regioni genomiche non codificanti in cui marcatori microsatelliti in ESTs possono non essere in Linkage Disequilibrium (LD) con le regioni codificanti a causa del decadimento delle sequenze in LD stesso. L'analisi di sequenza del "complesso EST-nSSRs" consente di riconoscere gli effetti della selezione in quanto, attraverso queste procedure molecolari è possibile studiare i pattern di polimorfismi nucleotidici in regioni funzionali per separare gli effetti dovuti all'azione della selezione da quelli imputabili ad altri fattori, come ad esempio, nei processi demografici.

² È necessario disporre di mappe ad alta saturazione ottenute attraverso il ricorso a popolazioni segreganti di oltre 500 individui (Gonzalez-Martinez *et al.*, 2006).

¹ Questo rappresenta un fenomeno di coadattamento genetico.

I polimorfismi di singoli nucleotidi (SNPs: *Single Nucleotide Polymorphisms*) in quanto sostituzioni mutazionali non sinonime, rappresentano potenzialmente i più efficaci marcatori genomici anche per la loro abbondanza e per il fatto che risentono dell'efficacia della pressione selettiva nei confronti di caratteri associati a stress biotici ed abiotici (caratteri adattativi).

La genotipizzazione di tutti i marcatori SNPs o di una parte di essi (30-60%) nei possibili geni coinvolti in stress abiotici, può essere sufficiente nel rappresentare la maggior parte della variazione allelica.

L'approccio alla base della genomica di popolazione coinvolge molti geni e caratteri e ne prevede lo studio globale in quanto tutti i geni che vengono espressi sono "considerati" per uno o numerosi caratteri. Questa è una situazione ideale difficilmente perseguibile nella sua interezza nel settore forestale a causa dei tempi e dei costi. Sarà necessario quindi operare nella scelta e nella selezione di "loci-geni putativi candidati". In questo caso un notevole aiuto può essere fornito dal trasferimento delle conoscenze reperite in piante modello.

Test di neutralità applicati a sequenze nucleotidiche di singoli geni possono essere usati per individuare geni candidati o SNPs ritenuti sotto pressione di selezione e quindi per disporre di mappe associative o per affrontare studi di genomica di popolazione. Molti geni identificati attraverso questo approccio sono risultati associati alla tolleranza a stress e/o a vie metaboliche funzionali tra cui quelle coinvolte nella formazione della lignina (Peter e Neale, 2004) (Pot *et al.*, 2005; Gonzalez-Martinez *et al.*, 2006).

L'associazione di mappa impiega il Linkage Disequilibrium a livello di popolazioni, per pervenire ad associazioni statistiche tra marcatori molecolari e caratteri fenotipici. Impiegando i geni candidati come marcatori è possibile individuare alleli che sono direttamente coinvolti nel controllo genetico di caratteri in fenotipi derivanti da numerose generazioni di selezione naturale (Hirschhorn e Daly, 2005).

Di estremo interesse appaiono i progressi raggiunti dalla genomica funzionale nello studio dell'espressione e della funzione dei geni. L'obiettivo è diretto verso la comprensione di come il genotipo influenzi il complesso fenotipico. In questi casi alla realizzazione di dettagliati profili trascrizionali segue la descrizione dell'espressione e lo studio della regolazione dei geni.

La presenza di associazione tra un fenotipo e un particolare allele o aplotipo, può consentire attraverso la genomica funzionale, lo studio degli effetti della variazione di SNPs, alleli o aplotipi sull'espressione genica.

La scoperta di loci con livelli molto alti o molto bassi di variazione e di differenziazione che vengono indicati come "outlier loci" ha consentito di individuare quelli soggetti a pressione di selezione e così distinguere gli effetti (di più ampia azione sui genomi) attribuibili ai processi demografici da quelli inerenti specifici locus adattativi (Luikart *et al.*, 2003). Ciò è stato evidenziato in casi di selezione bilanciata (superdominanza) dove gli individui eterozigoti vengono ad essere favoriti o in quelli di selezione dipendente per cui singoli alleli possono conferire una più alta fitness nel caso siano presenti ad alta frequenza.

Mediante la descrizione degli *outlier loci* è possibile pervenire alla stima della differenziazione genetica a li-

vello di popolazione, che si attua attraverso il confronto della stima di divergenza (*es.* usando l'indice F_{ST}) tra marcatori neutrali putativi (nSSRs) e geni candidati (SNPs e EST). I geni candidati che mostrano la più alta (o più bassa) differenziazione rispetto ai putativi neutrali possono essere considerati sotto selezione divergente (o stabilizzante).

Ancora più avanzato appare comunque l'approccio che, escludendo lo *screening* di marcatori neutrali, prevede l'uso della teoria di coalescenza nel costruire, attraverso programmi di simulazione, una stima neutrale della divergenza genetica tra popolazioni (Gonzalez-Martinez *et al.*, 2006).

4. Più in generale è possibile affermare che la comprensione delle basi molecolari, dell'adattamento e dei processi evolutivi nella configurazione della diversità genetica degli alberi forestali richiede oggi un approccio scientifico integrato tra discipline innovative che ricadono negli "omics" e quelle ad esse relative nell'ambito della biologia e della biotecnologia. E' inoltre indispensabile avere e mantenere costante il rapporto scientifico con le teorie evuzionistiche che fanno riferimento ai modelli di coalescenza ed alle deduzioni Bayesane (Rosemberg e Nord Borg, 2002; Beaumont e Rannala, 2004). Questi approcci hanno successo applicativo se vengono rispettate alcune regole tra le quali la prima riguarda la necessità di effettuare la scelta dei loci (geni) così detti candidati per caratteri adattativi ed averne il controllo nelle regioni coinvolte. Questo si può raggiungere attraverso la genomica funzionale evuzionistica ed ecologica che può fornire profili trascrizionali di un insieme di loci candidati ad effetti sui fenotipi. Così devono essere stimate le frequenze degli alleli a livello di popolazione naturale per identificare i caratteri della variazione adattativa nei confronti delle diverse condizioni ambientali.

La distribuzione delle frequenze alleliche di geni candidati per caratteri adattativi può essere correlata con le caratteristiche edafiche o con variazioni altitudinali né più né meno seguendo quanto è stato operato nel caso nella descrizione delle variazioni fenotipiche nell'organizzazione climale ed ecotipica effettuata degli studi genecologici. La differenziazione genetica tra popolazioni può rivelare particolari e diversi effetti che possono significare divergenze adattative o indicare dove, nell'ambito della distribuzione naturale di una specie, mutazioni di "riferimento puntuale", siano state favorite e fissate perché in accordo con la direzione della selezione operante in quella località.

Per le loro caratteristiche biologiche gli alberi forestali rivestono carattere particolare anche per la storia evolutiva degli organismi del nostro pianeta - alcune specie risalgono a periodi molto antichi; altre, soprattutto alcune presenti in foreste pluviali tropicali, hanno origine più recente - rivestono un ruolo rilevante per la conservazione della biodiversità globale. In questo senso la gestione selvicolturale deve essere condotta affinché l'uso del bosco, consenta la preservazione dei polimorfismi adattativi e dei pool genici delle popolazioni geneticamente divergenti.

Gli studi di genetica e genomica di popolazione, possono svolgere un ruolo importante perché sono capaci di contribuire ad indicare in che modo sia possibile ricorrere a pratiche d'uso del bosco e nello stesso tempo mantenere la piena integrità della potenzialità adattativa.

SUMMARY

SILVICULTURE AND GENETIC VARIABILITY: FUNCTIONALITY AND CONSERVATION OF THE FOREST ECOSYSTEMS

It is well known that the primary ground of silviculture is the eco-biological knowledge of forest ecosystems, as well as, the understanding of relationships among functionality, productivity and stability. In this triangle, high genetic diversity has been shown to enhance ecological efficiency on spatial scale and over various intervals of time.

As forest trees are normally the keystone of forest ecosystems, their continued existence, is essential for the presence of organisms associations and for their environment.

Genetic diversity is the key component for long term survival of the forest tree populations and, at the same time, the foundation of sustainability because it provides leading material for continued adaptation and evolution. Genetic variability is also the basis for tree improvement through selective breeding.

Morfo-functional diversity is controlled by the genetic variability that contributes to realize the structuring pace/time of the species as well as resulting of the interaction between genetic systems and environment. The characteristics of the reproductive system that control the transmission of the genetic information, jointly to the action of evolutionary factors, determine a great individual genetic variability inside the populations that is the essential key of survival and adaptation.

As all forms of life have an intrinsic value that can be ecological and economical, potential or realized, the management of the genetic diversity involves all in the maintenance: a reduction of it can predispose forests to environment-related decline in health and productivity.

Population genomics, through allelic effects on phenotypes and identifying patterns of adaptive variations at the environment level, will constitute, in the future, a useful tool to foreseen conservation strategies for forest trees.

BIBLIOGRAFIA

Aitken S.N., 2000 – *Plenary address: Conserving adaptive variation in forest ecosystems*. Journal of Sustainable Forestry 10: 1-12.

Andersen J.R., Lubberstedt T., 2003 – *Functional markers in plants*. Trends in Plant Science 8: 554-560.

Beaumont M.A., Rannala B., 2004 – *The Bayesian revolution in genetics*. Nature Reviews Genetics 5: 251-261.

Giannini R., Susmel L., 2006 – *Foreste, boschi, arboricoltura da legno*. Forest@ 3 (4): 464-487.

González-Martínez S.C., Krutovsky K.V., Neale D.B., 2006 – *Forest-tree population genomics and adaptive evolution*. New Phytologist 170: 227-238.

Hirschhorn J.N., Daly M.J., 2005 – *Genome-wide association studies for common diseases and complex traits*. Nature Reviews Genetics 6: 95-108.

Kaennel M., 1998 – *Biodiversity: A strategy in definition*. In: Bachmann P., Köhl M., Päivinen R. (eds.), Assessment of Biodiversity for Improved Forest Planning. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, pp. 71-81.

Kawecki T.J., Ebert D., 2004 – *Conceptual issues in local adaptation*. Ecology Letters 7: 1225-1241.

Luikart G., England P., Tallmon D., Jordan S., Taberlet P., 2003 – *The power and promise of population genomics: from genotyping to genome typing*. Nature Reviews Genetics 4: 981-994.

McKay J.K., Richards J.H., Mitchell-Olds T., 2003 – *Genetics of drought adaptation in Arabidopsis thaliana. I. Pleiotropy contributes to genetic correlations among ecological traits*. Molecular. Ecology 12: 1137-1151.

Namkoong G., 2001 – *Forest genetics: pattern and complexity*. Canadian Journal of Forest Research 31: 623-632.

Naeem S., Thompson L.J., Lawler S.P., Woodfin R.M., 1994 – *Declining biodiversity can alter the performance of ecosystems*. Nature 368: 734-737.

Neale D.B., Savolainen O., 2004 – *Association genetics of complex traits in conifers*. Trends in Plant Science 9: 325-330.

Peter G., Neale D., 2004 – *Molecular basis for the evolution of xylem lignification*. Current opinion in Plant Biology 7: 737-742.

Pfisterer A.B., Schmid B., 2002 – *Diversity-dependent production can decrease the stability of ecosystem functioning*. Nature 416 (6876): 84-86.

Pot D., McMillan L., Craig E., Le Provost G., Garnier-Géré P., Cato S., Plomion C., 2005 – *Nucleotide variation in two pine species*. New Phytologist 167: 101-112.

Rehfeldt G.E., Wykoff W., Ying C.C., 2001 – *Physiological plasticity, evolution, and impacts of a changing climate on Pinus contorta*. Climatic Change 50: 355-376.

Rosenberg N.A., Nordborg M., 2002 – *Genealogical trees, coalescent theory and analysis of genetic polymorphisms*. Nature Reviews Genetics 3: 380-390.

Schluter D., 2001 – *Ecology and the origin of species*. Trends in Ecology and Evolution, 16: 372-380.

Stenøien H.K., Fenster C.B., Kuittinen H., Savolainen O., 2002 – *Quantifying latitudinal clines to light responses in natural populations of Arabidopsis thaliana (Brassicaceae)*. American Journal of Botany 89: 1604-1608.

Walker B., Kinzig A., Langridge J., 1999 – *Plant attribute diversity, resilience, and ecosystem function: the nature and significance of dominant and minor species*. Ecosystems 2: 95-113.