

IZBRANI PRIMERI STUDIJE BIOTSKE RAZNOVRSTNOSTI GOZDNIH EKOSISTEMOV NA GENSKI, VRSTNI IN HABITATNI RAVNI

Case studies of forest ecosystem biodiversity assessment at gene, species and habitat level

Povzetek: Slovenija je ena najbolj gozdnatih držav v Evropi, v ta namen smo prikazali in izpostavili nekaj primerov ocene raznovrstnosti oziroma pridobivanja izvirnih podatkov za ocene pestrosti. Ocene biotske raznovrstnosti izbranih sestojev ali habitatov kažejo na visoko biotsko raznovrstnost na vseh opazovanih ravneh. Ločevanje osebkov in ocene pestrosti na habitatnem in vrstnem nivoju je splošno razširjeno in tesno vezano na morfološki koncept vrste. Pristop s pomočjo analize pestrosti enega ali več molekularnih markerjev omogoča pridobivanje velike količine podatkov, neodvisno od taksonomske skupine, kijo analiziramo. Kritično ovrednotenje posameznega pristopa glede na raven pridobivanja informacije (habitat, vrsta ali gen) kaže, da so vsi pristopi primerni za uporabo v študijah biotske raznovrstnosti in nam omogočajo aplikacije v gozdarstvu.

Ključne besede: biotska raznovrstnost gozda, habitatni tip, mikoriza, načrtovanje gospodarjenja, velike prostoživeče živali, vegetacija

Summary: Slovenia is among the most forested countries in Europe. For this purpose we aimed present and validate several approaches biodiversity assessment. Preliminary estimations of biodiversity in forest ecosystems indicate high values at all applied levels. At the habitat and at the species level, species identification and species concept applied is crucial. Applying diversity analysis of one or more molecular markers enables us to obtain a large amount of data and can be applied for any taxonomic group. A critical evaluation of each approach (habitat, species, gene level) indicates reliable results at all levels of biodiversity assessment and results in information with applied consequences in forestry.

Keywords: forest biodiversity, habitat type, mycorrhiza, management planning, large game, vegetation

UVOD

Slovenija je s 60,3 % ena najbolj gozdnatih držav v Evropi z visoko stopnjo pestrosti flore in favne kot posledice delovanja različnih klimatskih vplivov, reliefne in geološke pestrosti in ne nazadnje delovanja človeka (MKGP, 2008. Projekt Raba zemljišč). Kot eno od možnosti ocene biotske raznovrstnosti gozda lahko analiziramo pestrost bio-

komponente ekosistema na več ravneh tako, da ločeno analiziramo pestrost habitatov, vrst in genov. V nadaljevanju obravnavamo primere značilnosti prevladujočih EU gozdnih habitatnih tipov v Sloveniji, vrstno pestrost ekto-mikoriznih gliv in primere analiz genske pestrosti divjega petelina, črnega topola ter rodu vrst gliv.

Habitatni tip je rastlinska in živalska združba, ki predstavlja značilni živi del ekosistema in je povezana z neživimi dejavniki (tla, podnebje, prisotnost in kakovost vode, svetlobe, itd.) na prostorsko opredeljenem območju. Kot takega ga vključujemo k pojmu biotske raznovrstnosti, saj opre-

^{*} dr., Gozdarski inštitut Slovenije, Večna pot 2, SI-1000 Ljubljana, Slovenija, e-pošta: tine.grebenc@gozdis.si

^{*} dr., Gozdarski inštitut Slovenije, Večna pot 2, SI-1000 Ljubljana, Slovenija

deljuje raznovrstnost ekosistema kot celote. Habitatne tipe uvrščamo v različne hierarhične sisteme in jih lahko po različnih kriterijih razmeroma jasno ločimo od drugih (Devillers in Devillers-Teschuren, 1996; Habitatna direktiva, 1992; EUNIS 2004, Jogan in sod., 2004). Čeprav za gozdne habitatne tipe (Habitatna direktiva, 1992; Natura 2000) veljajo določene splošne značilnosti (European Commission, 2007), pa zaradi lokalnih in regionalnih posebnosti lahko na njihovem celotnem arealu prihaja do določenih razlik. Eden najbolj razširjenih gozdnih habitatnih tipov v Evropi so Srednjeevropski kisloljubni bukovi gozdovi (habitatni tip 9110), katerih areal se razteza vse od španskih Pirenejev, prek srednje Evrope do Švedske in Baltskih držav na severu (European Commission, 2007; Ellmauer, 2005; Thauront, Stallegger, 2008). Poleg habitatnega tipa 9110, ki pokriva približno 9 % površine gozdov v Sloveniji, sta druga dva pogostejša habitatna tipa 91K0-Ilirski bukovi gozdovi (*Anemonio-Fagion*) (76 % površine gozdov) in 91L0-Ilirski hrastovo-belogabrovi gozdovi (*Erythronio-Carpinion*) (7 %) (Habitatna direktiva, 1992; Kutnar in sod., 2009, 2011).

Poznavanje pestrosti na vrstnem nivoju je tesno povezano s konceptom vrste, ki ga uporabljamo in je nujen za ločevanje vrst, glede na postavljene kriterije (De Queiroz, 2007). Poznavanje vrst je nujno v primeru uporabe organizmov v indikatorske namene, kot na primer pri mikobioidikaciji, pristopu, kjer za potrebe indikacij sprememb v okolju uporabljamo pojavljanje in zabeležene spremembe v združbi (vrstni sestavi in številu posamezne vrste) ekotomikoriznih vrst gliv (Kraigher in sod., 1996). Metodologijo lahko uporabljamo tudi za primerjave različnih rastišč in pomena le-teh za biotsko raznovrstnost gozdnih tal.

Raziskave pestrosti na genskem nivoju sodijo med boljše pristope z visoko informacijsko vrednostjo. Analize genetskih markerjev za namen ugotavljanja pestrosti in primernosti metode smo uporabili na predstavnikih divjadi, vrste gozdnega drevja in izbranih vrst podzemnih gliv. Divji petelin (*Tetrao urogallus* L.), ki živi v zmernem pasu Evrope le še v habitatnih gozdovih v gorskih masivih, prekinjenih z dolinami, je zaradi vse intenzivnejše rabe in spreminjanja gozdnega prostora ter zaradi spreminjanja iglastih gozdov v bolj listnate zaradi klimatskih sprememb, otoplitev in onesnaženja zraka (Čas, 2006) ogrožena živalska vrsta (Ur. L. RS 1993/57). Divji petelin pa je marsikje v Evropi prisoten le še zaradi umetne naselitve. V Sloveniji se pojavljata dve, genetsko še ne opredeljeni populaciji. Alpsko populacijo predstavlja največja podvrsta *T.u. major*, v manjši meri pa populacija s področja Dinaridov. Z analizami nukleotidnih zaporedij variabilnih domen (genov) v mitohondrijski DNK smo želeli ugotoviti morebitne razlike med danes ločenima populacijama ter

prikazati aplikacijo rezultatov kot praktičen primer izdelave smernic za dolgoročno izboljšanje habitatnih razmer in revitalizacijo populacij. Kot primer analize drevesnih vrst na ravni genske pestrosti smo analizirali populacije avtohtonega evropskega črnega topola (*Populus nigra* L.) s področja JZ areala vrste v Sloveniji. Namen naloge je bil analizirati genetsko strukturo črnega topola vzdolž izbranih rek. V analizo smo v izbranem prostoru zajeli šest genomskih markerjev, ki omogočajo zadovoljivo ločevanje na nivoju populacij in posameznih osebkov (Van der Schoot, 2000). Analize skupin osebkov na podvrstnem nivoju nam tako omogočajo razkritja struktur populacij, iskanje refugij in analize vzrokov za današnjo razprostranjenost, kot na primeru izbranih vrst podzemnih gliv (Grebenc in sod., 2010).

Z večnivojskim pristopanjem k analizi biotske raznovrstnosti bomo analizirali večji del dejavnikov, ki vplivajo na biotsko raznovrstnost gozdnih ekosistemov in posledično vplivajo na funkcije gozda in optimalno zagotavljajo izvajanje njegovih ekoloških, gospodarskih in socialnih komponent vključno z ozaveščanjem ljudi o njihovem pomenu.

METODOLOGIJA

Vsak od pristopov in vsaka skupina analiziranih organizmov ali združb ima specifične pristope k reprezentativnemu vzorčenju kvalitetnih vzorcev, ki omogočajo nadaljnje analize.

Za analize habitatnih tipov v Sloveniji (Habitatna direktiva, 1992; Kutnar in sod., 2009, 2011) smo iz vseh EU gozdnih tipov izbrali površinsko prevladujoče habitatne tipe: 91K0-Ilirski bukovi gozdovi, 9110-Srednjeevropski kisloljubni bukovi gozdovi in 91L0-Ilirski hrastovo-belogabrovi gozdovi. Razlike in podobnosti med njimi smo opredelili na osnovi 34 pripadajočih gozdnih združb in 38 izbranih parametrov (fitogeografsko območje (6 parametrov), višinski pas (3), geološka matična podlaga (3) in značilne drevesne vrste (26)). Za karakterizacijo in opis gozdnih združb smo uporabili različno fitocenološko literaturo. Za analizo habitatnih tipov smo uporabili programski paket PC-ORD 5.32 (McCune, Mefford, 2006), s katerim smo ugotavljali indikatorsko vrednost posameznega parametra (Dufrene, Legendre, 1997).

Vzorčenje za analize združb mikoriznih gliv poteka po postopkih, opisanih v Kraigher (1996) in Grebenc in sod. (2009). Podrobne sheme vzorčenja za genetske analize, metodologija in statistične analize rezultatov so opisane v Čas (2006) in Bajc in sod. (2011) za divjega petelina, v Božič in sod. (2003) za analize populacij drevesnih vrst, ter v Grebenc in sod. (2009) za glive.

Za študije genske pestrosti pri divjem petelinu smo vzorčili rastišča na področju celotne Slovenije (Čas, 2006). Vzorčenje beljakovinskih tkiv (iztrebki, odpadla peresa) smo izvedli v spomladanskem času paritve (rastitve) divjega petelina prek lovskih družin (Lovska zveza Slovenije) in lovišč s posebnim namenom (Zavod za gozdove Slovenije). V analizah znotraj vrstne genske pestrosti gliv smo uporabili materiale s celotnega areala izbranih vrst (Grebenc in sod., 2010). V analize genske pestrosti evropskega črnega topola (*Populus nigra* L.) smo zajeli vzorec 18 odraslih dreves ozkega geografskega področja JZ Slovenije, in sicer 4 drevesa v povodju reke Reke na lokaciji Movraž, 3 ob Osapski reki v Ospu, 5 v dolini reke Glinščice na lokaciji Prešnica-Škofljek ter 6 dreves ob obrežnem pasu reke Dragonje. Raziskavo genetskih značilnosti črnega topola smo izvedli z metodo analize 6 mikrosatelitov WPMS16, WPMS20, WPMS14, PMGC14, WPMS09, WPMS18 po postopkih Van der Schoot in sod. (2000) ter Smulders in sod. (2001). Genetsko variabilnost znotraj populacije smo ocenili s parametri: delež polimorfnihi lokusov (P %), povprečnim številom alelov na polimorfen lokus (na), povprečnim številom učinkovitih alelov na polimorfen lokus (ne), parametrom heterozigotnosti (izražena kot stopnja dejanske heterozigotnosti (H_o) in stopnjo pričakovane heterozigotnosti (H_e)) ter oceno koeficienta inbreedinga (F), ki nakazuje, v kakšnem obsegu se dejanski heterozigotni deleži populacije razlikujejo od pričakovanih heterozigotnih deležev, ki nastanejo pri panmiktiki oplodnji. Za preverjanje, kako se v populaciji ugotovljene frekvence genotipov pri posameznih lokusih ujemajo s frekvencami genotipov, pričakovanimi po Hardy-Weinbergovem ravnotežju, smo uporabili $hi2$ test po posameznih genskih lokusih. Za izračun parametrov variabilnosti znotraj populacije smo uporabili program GenAlEx 6.1 (Peakall in Smouse, 2006).

REZULTATI IN DISKUSIJA

Biotsko raznovrstnost lahko analiziramo na več nivojih in sledeč več konceptom. V nadaljevanju prikazujemo rezultate ter bistvene prednosti in slabosti izbranih študijskih primerov analize biotske raznovrstnosti na ravni habitatov, vrst ter genov.

Z analizo indikatorske vrednosti fitogeografskih območij in relativnih indikatorskih vrednosti za posamezen parameter na primeru analiziranih habitatnih tipov bukovja (preglednica 1), smo za izbrane habitatne tipe ugotovili, da je za tip 9110 (Srednjeevropski kisloljubni bukovji gozdovi) statistično značilno alpsko območje. Razmeroma visoko indikacijsko vrednost, vendar statistično neznačilno, ima za ta habitatni tip tudi predalpsko in preddinarsko območje. Podobno je dinarski element nekoliko bolj značilen za habitatni tip 91K0 (Ilirski bukovji gozdovi), medtem ko se habitatni tip 91L0 (Ilirski hrastovo-belogabrovi gozdovi) pogo-

steje pojavlja v subpanonskem in preddinarskem območju. Geološka podlaga ima pomembno indikacijsko vrednost, saj so vse skupine geološke matične podlage statistično značilne. Karbonatne kamnine so značilne predvsem za habitatni tip 91K0 in deloma tudi za 91L0, na nekarbonatnih kamninah pa dobimo predvsem habitatni tip 9110. Habitatni tip 91L0 pa se pogostejše pojavi tudi na mešanih kamninah. Drevesne vrste, ki dobro ločujejo habitatni tip (Ilirski hrastovo-belogabrovi gozdovi) od drugih dveh habitatnih tipov, so: maklen (*Acer campestre* L.), navadni ali beli gaber (*Carpinus betulus* L.), češnja (*Prunus avium* L.) in graden (*Quercus petraea* (Matt.) Liebl.). Vrste, ki jim lahko pripišemo večjo indikacijsko in diferencialno vrednost za habitatni tip 9110, so: pravi kostanj (*Castanea sativa* Mill.), navadna smreka (*Picea abies* (L.) Karsten), rdeči bor (*Pinus sylvestris* L.) in jerebika (*Sorbus aucuparia* L.). Vrsta, ki dobro ločuje habitatna tipa bukovij (91K0 in 9110) od Ilirskih hrastovo-belogabrovih gozdov, je le bukev (*Fagus sylvatica* L.). Habitatni tip 91K0 je zelo heterogen, kar se kaže tudi v velikem številu različnih pripadajočih združb. Značilno je, da habitatni tip 91K0 na robu svoje ekološke niše prehaja v druga dva habitatna tipa, zato se lahko v prehodnih združbah pojavljajo skupne vrste obeh mejnih habitatnih tipov. Ocene habitatnih tipov so pomembne z vidika spremljanja in vzdrževanja ugodnega ohranitvenega stanja in trajnostnega obstoja gozdov. Bistvena pri postopku ocenjevanja relativne indikatorske vrednosti in končne ocene habitatne pestrosti pa je tudi zanesljiva identifikacija.

Biotsko raznovrstnost na medvrstnem nivoju in izpeljane indekse pestrosti smo na več lokacijah analizirali na primeru pestrosti ektomikorize na bukvi (Grebenc in Kraigher, 2007; Grebenc in sod., 2009; Mašek in Grebenc, 2011). Ektomikorizo smo identificirali na vrstnem nivoju po anatomski metodi in z uporabo molekularnih markerjev. Uporaba molekularnih metod z ustrezno ločevalno močjo na nivoju vrst pri glivah tako bistveno dopolnjuje identifikacije tipov ektomikorize na vrstnem in omogoča tudi umeščanje v višje taksonomske enote. S tovrstnim pristopom lahko razširimo nabor znanih taksonov na vrste, katerih ektomikoriza še ni bila opisana (Kraigher, 1996) in posledično omogočimo ustreznejšo interpretacijo dobljenih rezultatov (glej tudi Grebenc in sod., 2009). Molekularni pristopi v tem primeru bistveno doprinesejo k natančnejši oceni biotske raznovrstnosti ektomikorize na izbranem gostitelju. Hkrati, z identifikacijo rastlinskega partnerja v ektomikorizi, molekularni pristopi olajšujejo izločanje taksonov gliv, ki se pojavljajo na koreninah drevesnih vrst, ki niso vključene v študije. Težava uporabe molekularnih metod pri ločevanju na nivoju vrst pa je konflikt konceptov vrste, saj identifikacije (gliv, rastlin, živali) temeljijo v veliki meri na morfološkem konceptu, medtem ko sama metoda molekularnih analiz izhaja iz filogenetskega koncepta vrste. Rezultati

Preglednica 1. Indikatorska vrednost parametrov (v %) po treh habitatnih tipih (91K0-Ilirski bukovi gozdovi, 9110-Srednjeevropski kisloljubni bukovi gozdovi in 91L0-Ilirski hrastovo-belogabrovi gozdovi)

*** = $p < 0,001$, ** = $0,001 < p < 0,010$, * = $0,010 < p < 0,050$, / = ni značilnih razlik

Habitatni tip / Habitat type			91K0	9110	91L0	
Število združb / No. of communities			23	6	5	
		Povprečje	%	%	%	p*
1	Alpsko območje / Alpine area	19	5	50	0	*
2	Dinarsko območje / Dinaric area	9	18	0	8	/
3	Submediteransko ob. / Submediterranean a.	6	3	6	8	/
4	Subpanonsko območje / Subpannonian a.	6	3	0	14	/
5	Preddinarsko območje / Predinaric a.	14	8	21	13	/
6	Predalpsko območje / Prealpine a.	13	12	24	4	/
7	Višinski pas / Height belt 1 (0-500 m n.v.)	28	1	2	80	***
8	Višinski pas / Height belt 2 (501-1000 m n.v.)	24	20	51	0	*
9	Višinski pas 3 / Height belt (1001-1500 m n.v.)	13	39	0	0	/
10	Karbonatne kamnine / Carbonate rock base	30	52	0	36	***
11	Nekarbonatne kamnine / Non-carbonate r. b.	26	1	67	11	***
12	Mešane kamnine / Mixed rock base	26	3	24	53	*
13	<i>Abies alba</i>	14	28	14	0	/
14	<i>Acer campestre</i>	24	1	0	72	**
15	<i>Acer obtusatum</i>	1	4	0	0	/
16	<i>Acer platanoides</i>	3	9	0	0	/
17	<i>Acer pseudolatanus</i>	16	20	27	0	/
18	<i>Carpinus betulus</i>	30	2	0	88	***
19	<i>Castanea sativa</i>	14	0	36	6	*
20	<i>Fagus sylvatica</i>	33	50	50	0	***
21	<i>Fraxinus excelsior</i>	1	4	0	0	/
22	<i>Fraxinus ornus</i>	7	22	0	0	/
23	<i>Laburnum alpinum</i>	3	9	0	0	/
24	<i>Larix decidua</i>	7	22	0	0	/
25	<i>Ostrya carpinifolia</i>	9	18	0	8	/
26	<i>Picea abies</i>	29	29	59	0	***
27	<i>Pinus sylvestris</i>	20	1	59	0	**
28	<i>Prunus avium</i>	25	0	0	76	***
29	<i>Quercus cerris</i>	6	3	0	14	/
30	<i>Quercus petraea</i>	27	1	25	56	**
31	<i>Quercus pubescens</i>	7	0	0	20	/
32	<i>Quercus robur</i>	7	0	0	20	/
33	<i>Robinia pseudacaccia</i>	7	0	0	20	/
34	<i>Sorbus aria</i>	6	17	0	0	/
35	<i>Sorbus aucuparia</i>	21	0	63	0	**
36	<i>Sorbus torminalis</i>	1	4	0	0	/
37	<i>Tilia sp.</i>	7	0	0	20	/
38	<i>Ulmus glabra</i>	6	17	0	0	/

obeh konceptov se lahko pri mnogih skupinah razhajajo, kar otežuje interpretacijo tovrstnih rezultatov.

Ugotavljanje pestrosti na genskem nivoju je vključevala tri različne skupine organizmov z bistveno razliko v velikosti analizirane populacije. Primer prostorsko najširše analizirane vrste za Slovenijo z uporabo genetskih markerjev je divji petelin. Izvirne podatke smo prikazali v Čas (2006) ter Bajc in sod. (2011). Raziskava distribucije in aktivnosti rastišč je v alpskem območju pokazala tri pomembne izolirane sub-populacije (Pohorje, Trnovski gozd, Hrušica) in v dinarskem dve (Snežnik in Kočevsko) (Čas, 2006; Čas in sod., v pripravi). Analiza habitatne primernosti gozdov in distribucije iz leta 2000 je potrdila znane in pokazala nove odločilne parametre habitatov (Čas, 2006). Genske analize znotraj vrstne pestrosti izbranih molekularnih markerjev, opravljene na osnovi zbranih recentnih vzorcev beljakovinskih tkiv divjega petelina iz alpske in dinarske populacije v Sloveniji so pokazala, da je genetska viabilnost in pestrost obeh populacij še stabilna. Vsi analizirani vzorci pripadajo podvrsti *Tetrao urogallus major* L. in v širšem pogledu (Bajc in sod., 2011) predstavljajo nadaljevanje populacij sosednjih pokrajin. Ugotavljamo tudi, da 40 letno obdobje prekinitve alpske in dinarske populacije v Sloveniji še ni vplivalo na genetsko diferenciacijo populacije, kljub temu pa lahko na osnovi dobljenih razlik, poleg bazičnega znanja o biotski pestrosti, izpeljemo bistvene usmeritve za gospodarjenje z vrsto. Predlagamo stabilizacijo populacij s prekinitvijo vrzeli med habitatnimi krpami in z izboljšanjem habitatnih razmer tudi izven območij Natura 2000 ter s tem zagotovitev genetske izmenjave in viabilnosti populacij (Čas, 2010a; Bajc in sod., 2011 b). Pomen pristopa bi bil širši, saj Slovenija pokriva evropsko pomembno specifično območje na robu alpske in dinarske distribucije divjega petelina oziroma na prehodu iz optimalnih v robne habitate in ogrožene fragmentirane habitatne krpe starih iglastih in mešanih gozdov. S tem bi

zagotovili vzpostavitev migracijskega koridorja na prekinjenem stiku genetske izmenjave med alpsko in dinarsko populacijo, ki sta glede na rezultate trenutnega stanja v robnem območju še viabilni oziroma v ugodnem stanju genetske pestrosti (Čas, 2006; 2010a; Bajc in sod., 2011). Še zadovoljivo stanje pa ogroža vse večja fragmentacija habitatov zaradi številnih dejavnikov zlasti zaradi klimatskih sprememb ter sečnje in spreminjanja gozdov, zaradi ne načrtne ekspanzije gorskega turizma ter zaradi številčnosti populacij plenilcev (Čas, 2010b). Uporabljena metoda se je na primeru divjega petelina pokazala kot primerna in dovolj informativna za potrebe ocenjevanja genetske pestrosti oziroma podobnosti in viabilnosti populacij.

Primer geografsko ozke analize genske pestrosti na primeru črnega topola je pokazala, da so vsi analizirani lokusi visoko polimorfni. Povprečno število alelov na polimorfen lokus v vzorčeni populaciji je 6,83, povprečno število efektivnih alelov pa 4,08. Povprečni dejanski delež heterozigotov v populaciji glede na vse analizirane lokuse (H_o) je 77,6 %, medtem ko je povprečna pričakovana heterozigotnost (H_e) 73,8 %. Najnižjo stopnjo heterozigotnosti je imel lokus PMGC14 (65,6 %), najvišjo pa lokus WPMS09 (83,4%) (Preglednica 2).

Izračunana povprečna ocena vrednosti (F) za vse lokuse skupaj nakazuje na manjši presežek heterozigotov oziroma na manjši primanjkljaj homozigotov v populaciji črnega topola, kar je lahko posledica dinamičnih rastiščnih razmer z močnejšimi selekcijskimi pritiski na tem območju njegove naravne razširjenosti v Sloveniji v primerjavi z drugimi deli Slovenije (Božič in sod., 2010). V vzorčeni populaciji se opažene frekvence genotipov pri vseh lokusih ujemajo s frekvencami genotipov, pričakovanimi po Hardy-Weinbergovem ravnotežju. Glede na preučevane genske lokuse menimo, da genetska struktura zrelih dreves črnega topola zagotavlja ohranitev genskih virov av-

Preglednica 2. Genetska variabilnost vzorčene populacije evropskega črnega topola s prikazom po lokusih in genskem skladu

Lokus	N	Na	Ne	H_o	H_e	F
WPMS16	18	7	4,291	0,944	0,767	-0,231
WPMS20	18	5	4,291	0,833	0,767	-0,087
WPMS14	18	7	4,127	0,778	0,758	-0,026
PMGC14	18	7	2,906	0,722	0,656	-0,101
WPMS09	17	8	6,021	0,765	0,834	0,083
WPMS18	18	7	2,817	0,611	0,645	0,053
Srednja vrednost	17,833	6,833	4,076	0,776	0,738	-0,052
Standardna napaka (SE)	0,167	0,401	0,477	0,045	0,030	0,047

N- število dreves v analizi

tohtonega črnega topola na njegovih rastiščih v povodju rek Glinščice, Reke, Osapske reke in Dragonje. Morebitna izguba dela genetske raznolikosti na posamezni lokaciji zato še ne bi bila ključna za ogrožanje preživetja črnega topola na tem območju. Pomembno nevarnost za preživetje vrste predstavlja predvsem spreminjanje in uničevanje za črni topol primernih habitatov vzdolž rek, potokov, ter kraških ravnin, ki jih zaznamuje okolje s specifičnimi in dinamičnimi rastiščnimi razmerami. Kljub ozki geografski razširjenosti analiziranih vzorcev smo lahko značilno potrdili ugodno stanje populacij z izbrano metodo analize genske pestrosti.

Pestrost na nivoju genov smo z uporabo ohranjenih molekularnih markerjev (ribosomalno DNK in medgenske regije) predhodno analizirali na primeru vrste ektomikoriznih gliv (gomoljik), specifično vezanih na gostitelje (Grebenc in sod., 2010). S široko zastavljenim vzorčenjem smo potrdili, da se lahko genska pestrost med populacijami pojavlja tudi kot posledica vpliva poledenodobnih migracij simbiotskih (drevesnih) partnerjev. Tovrstno znotraj vrstno pestrost na večjih geografskih razdaljah moramo upoštevati predvsem pri prenašanju biološkega materiala na daljše razdalje, kar je na primeru gomoljik oziroma sajenja inokuliranih sadik v Evropi realnost.

ZAKLJUČEK

Slovenija je ena najbolj gozdnatih držav v Evropi. Namen prispevka je bil prikazati ali izpostaviti nekaj primerov ocene raznovrstnosti oziroma pridobivanja izvirnih podatkov na ocene pestrosti, brez nadaljnjih izračunov indeksov pestrosti. Ocene biotske raznovrstnosti izbranih sestojev kažejo na visoko biotsko raznovrstnost na vseh opazovanih ravneh. Poznavanje značilnosti in pestrosti EU gozdnih habitatnih tipov (Habitatna direktiva, 1992; Natura 2000) je pomembno z vidika spremljanja in vzdrževanja njihovega ugodnega ohranitvenega stanja, ki zagotavlja njihov trajni obstoj na določenem območju. Koncept vrste in uporabljene metode lahko bistveno vplivajo na dobljene rezultate, vključno s finančnimi posledicami dobljenih ocen. Predvsem pri uporabi molekularnih markerjev je pomembna odločitev za uporabo ustreznega koncepta vrste že pri zastavitvi delovnih hipotez, saj uporaba na primer filogenetskega koncepta vrste lahko značilno poveča število odkritih vrst in zmanjša število osebkov v posamezni vrsti (Sites in Crandall, 1997; Myers in sod., 2000; Agapow in sod., 2004). Kritično ovrednotenje posameznega pristopa glede na raven pridobivanja informacije (habitat, vrsta ali gen) kaže, da so pristopi na vseh ravneh primerni za uporabo v študijah biotske raznovr-

stnosti gozdnih ekosistemov, dobljene rezultate pa lahko smiselno in uporabno vključimo tudi v gozdarsko prakso.

VIRI

1. Agapow P.-M., Bininda-Emonds O.R.P., Crandall K.A., Gittleman J.L., Mace G.M., Marshall J.C., Purvis A. (2004) The impact of species concept on biodiversity studies. The quarterly review of biology, 79, 2: 161-179
2. Bajc M., Čas M., Ballian D., Kunovac S., Zubič G., Grubešić M., Zhelev P., Paule L., Grebene T., Kraigher H. (2011) Genetic differentiation of *Tetrao urogallus* L. highlights the importance of South-Eastern Europe for understanding phylogeography of the species. - PLOS (oddano)
3. Bajc M., Čas M., Grebene T., Kraigher H. (2011b) Genetic analyses of forest game in terms of threatened species and populations in Slovenia - case studies. Les 63 (ta številka)
4. Božič G., Konner M., Zupančič M., Kraigher H., Kreft I. (2003) Genetska diferenciacija avtohtonih populacij smreke (*Picea abies* (L.) Karst.) v Sloveniji, ugotovljena z analizo izoencimov. Zbornik gozdarstva in lesarstva, 71: 19-40
5. Božič G., Heinze B., Kajba, D., Krystufek, V., Vandern Broeck A. (2010) Genetic diversity in *Populus nigra* (L.) populations along rivers in Eastern Austria, Slovenia and Croatia as revealed by micro-satellite markers. V: Poplars and willows: from research models to multipurpose trees for a bio-based society: book of abstracts: 20-25 September 2010, Orvieto (Italy), 22
6. Čas M. (2010a) Ukrepi za obnovo habitatov divjega petelina in ohranjanje biodiverzitete gozdov v alpski in dinarski regiji v Sloveniji in ustvarjanje pogojev za ponovno povezavo Alpsko-Balkanske populacije. Ljubljana, 08.7. 2011, Gozdarski inštitut Slovenije. Koncept prijave projekta Life +, interno razposlan tipkopis, 6 s.
7. Čas M. (2010b) Disturbances and predation on *Capercaillie* at leks in Alps and Dinaric mountains. Šumarski list, 134, 9/10: 487-495
8. Čas M. (2006) Fluctuation of *Capercaillie* (*Tetrao urogallus* L.) population in relation to past land use and forest structures in the South-East Alps. Dissertation. University of Ljubljana, Ljubljana. 263
9. De Queiroz K. (2007) Species concepts and species delimitation. Systematic biology, 56, 6:879-886
10. Devillers P., Devillers-Teschuren J. (1996) A classification of Palearctic habitats. Nature and environment, 78, 194
11. Dufrene M., Legendre P. (1997) Species assemblages and indicator species: the need for a flexible asymmetrical approach. Ecological Monographs, 67:345-366.
12. Ellmayer T. (Ur.) (2005) Entwicklung von Kriterien, Indikatoren und Schwellenwerten zur Beurteilung des Erhaltungszustandes der Natura 2000-Schutzgüter. Band 3: Lebensraumtypen des Anhangs I der Fauna-Flora-Habitat-Richtlinie. Im Auftrag der neun österreichischen Bundesländer, des Bundesministerium f. Land- und Forstwirtschaft, Umwelt und Wasserwirtschaft und der Umweltbundesamt GmbH. 616
13. EUNIS (2004) EUNIS, Annex 1, Index numbers and names of all EUNIS Habitats 2004, 90
14. European Commission (2007) Interpretation Manual of European Union Habitats - EUR27. DG Environment. July 2007.
15. Grebenc T., Christensen M., Vilhar U., Čater M., Martin M.P., Simončič P., Kraigher H. (2009) Response of ectomycorrhizal community structure to gap opening in natural and managed temperate beech-dominated forests. Canadian Journal of Forest Research 39(7): 1375-1386
16. Grebenc T., Bajc, M., Kraigher, H. (2010) Poledenodobne migracije mikoriznih rastlin in glivnih partnerjev v simbiozi : primer rodu *Tuber*. Les, 62, 5: 149-154

17. **Grebene T., Kraigher H. (2007)** Types of ectomycorrhiza of mature beech and spruce at ozone-fumigated and control forest plots. *Environmental monitoring and assessment*, 128, 1/3: 47-59
18. **Grebene T., Martin M.P., Kraigher H. (2009)** Ribosomal ITS diversity among the European species of the genus *Hydnum* (*Hydnaceae*). *Anales del Jardín Botánico de Madrid* 66, 1: 121-132
19. **Habitatna direktiva (1992)** Council Directive 92/43/EEC of 21 May 1992 on the conservation of natural habitats and of wild fauna and flora
20. **Jogan N., Kaligarič M., Leskover I., seliškar A., Dobravec J. (2004)** Habitatni tipi Slovenije HTS 2004: tipologija. Agencija Republike Slovenije za okolje, Ljubljana, 64
21. **Kraigher H., Batič, F., Agerer R. (1996)** Types of ectomycorrhizae and mycobioindication of forest site pollution. *Phyton*, 36, 3: 115-120
22. **Kutnar L., Matijašič D., pisec R. (2009)** Kazalniki ugodnega ohranitvenega stanja gozdnih habitatnih tipov v Sloveniji. V: Trajnostna raba lesa v kontekstu sonaravnega gospodarjenja z gozdovi, (Studia forestalia Slovenica, 135). Humar M (Ur.), Kraigher H (Ur.), Gozdarski inštitut Slovenije, Ljubljana, 11-18
23. **Kutnar L., Matijašič D., pisec R. (2011)** Conservation status and potential threats to Natura 2000 forest habitats in Slovenia. *Šumarski list* (v pripravi)
24. **Mašek A., Grebenc T. (2011)** Ektomikoriza in drobne korenine bukve (*Fagus sylvatica* L.) v odraslih sestojih, mladju in na sadikah. *Les* 63, 5: 192-196
25. **Mccune B., Mefford M. J. (2006)** PC-ORD. Multivariate Analysis of Ecological Data. Version 5.10. MjM Software, Gleneden Beach, Oregon, USA
26. **Myers N., Mittermeier R. A., Mittermeier c. G., da fonseca G. A. B., Kent J. (2000)** Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature*, 403: 853-858
27. **peakall R., smouse p.E. (2006)** GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular ecology notes* 6: 288-295
28. **sites J. W., crandall K.A. (1997)** Testing species boundaries in biodiversity studies. *Conservation biology*, 11: 1289-1297
29. **smulders M.J.M., van der schoot J., Arens p., vosman B. (2001)** Trinucleotide repeat microsatellite markers for black poplar (*Populus nigra* L.). *Molecular ecology notes* 1: 188-190
30. **Thauront M., stallegger M. (2008)** Management of Natura 2000 habitats. 9110 Luzulo-Fagetum beech forests. European Commission, Technical Report 2008, 22/24
31. **van der schoot J., pospiskova M., vosman B., smulders M.J.M. (2000)** Development and characterization of microsatellite markers in black poplar (*Populus nigra* L.). *Theoretical and applied genetics*, 101: 317-322