

ISSN 1512 - 5769

RADOVI
Šumarskog fakulteta Univerziteta u Sarajevu

WORKS
of the Faculty of Forestry of the University of Sarajevo

Volume 40, broj 1

Sarajevo, 2010. godina

Works of the Faculty of Forestry
University of Sarajevo
No. 1, 2010 (25 - 36)

UDK 582.475:577(497.6 Očevija)

GENETIČKA STRUKTURA OBIČNE JELE (*ABIES ALBA MILL.*) SA PODRUČJA OČEVije

Genetic Structure of Silver Fir (*Abies alba Mill.*) from the Očevije Region

Ballian Dalibor¹

Abstract

By usage of acknowledged biochemical markers we analyzed the genetic structure of common fir from the Očevije region, in the central Bosnia and Herzegovina.

For the analysis we applied biochemical markers, the 9 enzyme systems, with 16 gene loci, i.e. 7 polymorphous gene loci with 25 allele. The average number of allele per locus was 1,6471. The genetic multi-locus diversity was 28, 42, and gene pool diversity was 1,1682, while the real heterozygosity was 0,1992.

Based on the presented results, if compared with the results from other studies, point at specific genetic structure of the Očevije population typical for pioneer species, but with an autochthonous gene fund, peculiar for Bosnia and Herzegovina.

Key words: Silver fir (*Abies alba Mill.*), population, genetic structure.

Izvod

Priznatim biokemijskim biljezima analizirana je genetička struktura obične jele sa područja Očevije, u centralnom području Bosne i Hercegovine.

Za analizu smo uporabili biokemijske biljege, i to 9 enzimskih sustava sa 16 genskih lokusa, odnosno 7 polimorfnih gen lokusa sa 25 alela. Prosječan broj alela po lokusu je 1,6471. Genetički multilokusni diverzitet je iznosio 28,42, a gen pool diverzitet 1,1682, dok je stvarna heterozigotnost iznosila 0,1992.

Ovi rezultati i njihova usporedba sa rezultatima drugih istraživanja ukazuju da populacija Očevija ima specifičnu genetičku strukturu karakterističnu za pionirske vrste ali sa autohtonim genofondom svojstvenim za Bosnu i Hercegovinu.

Ključne riječi: Obična jela (*Abies alba Mill.*), populacija, genetička struktura.

¹ Šumarski fakultet Univerziteta u Sarajevu – Faculty of Forestry University of Sarajevo

Uvod - Introduction

Obična jela (*Abies alba* Mill.) predstavlja najvažniju vrstu četinjača u Bosni i Hercegovini, kako po rasprostiranju tako i po masi koja se siječe. Prema USČUPIĆU (1992) i MATIĆU i sur. (1971) obična jela pridolazi na 562 237 ha ili u oko 50 % svih visokih šuma. Ovi podaci pokazuju koliki je značaj obične jela za proizvodno šumarstvo u našoj zemlji. I pored rečenog, ovoj vrsti se u šumarstvu ne pridaje potrebna pažnja nego je prepustena sama sebi i djelovanju prirode. Tako je jedan od najvažnijih čimbenika koji pogoršava stanje obične jele nedefinirani i nestručni zahvati na obnovi, prije svega neprilagođeni ekologiji vrste.

Zdravstveno stanje šuma obične jеле neprestano se pogoršava, posebice u središnjoj Europi gdje je jela već desetljećima izložena propadanju i posvemašnjem nestanku. Ipak, propadanje je posljednjih godina nešto usporeno, čak je primijećena i regeneracija stabala. Za razliku od ostalih zemalja u Europi, zdravstveno se stanje u jelovim šumama Bosne i Hercegovine pogoršava zbog neodgovarajućega gospodarenja. Ne uzimaju se u obzir ekološke značajke obične jеле, pa se narušava stabilnost jelovih šuma. To uzrokuje širenje imale *Viscum album* var. *abietis* Beck. kao primarnog parazita o čemu još 1992 godine izvještava USČUPIĆ, te USČUPIĆ i sur (2007), a zatim slijede mnogo opasniji sekundarni patogeni. Osim što imela fiziološki slabi običnu jelu, ona smanjuje sposobnost njezine prirodne obnove, a zatim u šumske sastojine jеле prodire agresivnija bukva koja je mnogo bolje prilagođena svim promjenama kojima su izložene naše šume, te jelu s vremenom potpuno istiskuje.

Protekla stoljeća ostavila su velikog traga na šume jеле, u većini negativnog, te je jela nestala u srednjobosanskom brdskom pojusu (BEUS, 1984), dok je na nekim mjestima zamijenila posjećenu bukvu, kao što je slučaj na području Očevija. Selo Očevija je još od srednjeg vijeka bilo poznato po proizvodnji željeza i željeznih prerađevina, a za proizvodnju je trebala velika količina drvenog ugljena. Ugljen se proizvodio u okolnim šumama, a bukva je bila glavna sirovina. Kroz stoljeća bukva je polagano nestajala, a u ta mezosifilnija staništa se naseljavala obična jela. Na taj način su nastali kompleksi sekundarnih prašuma sa dominantnom običnom jelom. Te aktivnosti su ostavile nesagleđive posljedice na autohtone genetičke izvore kroz velika genetička opterećenja jer su navedene populacije nastale od malog broja stabala.

Cilj ovog istraživanja je da priznatim izoenzimskim biljezima izvrši molekularno genetičku identifikaciju populacije jеле sa područja Očevije. Ovim istraživanjem pokušat će se odrediti struktura i propisati potrebne mjere u gospodarenju ovim šumama obične jеле.

Materijal i metode rada - *Material and methods*

U periodu od veljače do svibnja 2008. godine selekcionirana su stabla obične jele na području Očevija.

Talica 1. Istraživana populacija, osnovni podaci

Table 1. Investigat population, elementar data

Populacija	Nadmorska visina	Zemljopisna dužina	Zemljopisna širina	Broj analiziranih individua
Očevija	970	44°10'14"	18°27'27"	50

Pri prikupljanju uzorka za analizu vodilo se računa da oni budu uzeti sa stabala međusobno udaljenih najmanje 100 m kako bi se isključila mogućnost srodstva. Inače, populaciju je predstavljalo 50 stabala.

S obzirom na to da je analiza izoenzimska, oslobođanje efekta dominacije i fenotipskih interakcija (BOROJEVIĆ, 1985), pri sabiranju uzorka pazilo se da se uzmu samo živi dijelovi biljke.

Za analizu izoenzima korišteni su dormanti pupovi, pa se moralno voditi računa da na grančici bude dovoljno živih pupova. Na stablima s kojih je grančicu bilo teško skinuti sa zemlje moralno se provesti otpucavanje iz gornjeg dijela, jer je to bilo najbrže i najjednostavnije.

Istraživalo se 9 enzimskih sustava s ukupno 16 gen lokusa, odnosno 25 alela. Postupci maceracije, priprave gela, elektroforeze i bojenja gela bili su prilagođeni primijenjenim enzimskim sustavima (VALLEJOS, 1983; CHELIAK i PITEL, 1984; WENDEL i WEEDEN, 1989; KONNERT, 1992,1995,1999; THORMANN i STEPHAN, 1993; HÜSSENDORFER i sur., 1995).

Poslije bojenja provodi se analiza zimograma, identificiraju se aleli za svaki gen lokus (CHELIAK i PITEL, 1984; WENDEL i WEEDEN, 1989; KONNERT, 1992,1995,1999), zatim fotografiranje i eventualno sušenje gela. Za identifikaciju se rabi ustaljena nomenklatura, tako da brojke 11, 22, 33, 44 označavaju homozigote, a brojke 12, 13, 14, 23, 24, 34 označavaju heterozigote.

Podaci se unesu u pripremljeni formular, a kasnije se veličine unesu u računalni program Excel. Zatim se podaci slažu u računalnom programu D-basis, pa prebacue u statistički program SAS (Statistical Analysis Sistem), gdje se obrade.

Statističkim programom obrađeni su sljedeći parametri:

genetička varijabilnost enzimskih sustava

- enzimska varijabilnost

genetička unutarpopulacijska varijabilnost

- stvarna srednja heterozigotnost
- teoretska heterozigotnost
- genetička raznolikost
- diferenciranje unutar populacije

Rezultati istraživanja - Results

Genetička varijabilnost enzimskih sustava

Enzimska varijabilnost

Tablica 2. Alelne frekvencije

Table 2. *Allel frequencies*

Aleleli		Alelne frekvencije	Aleleli		Alelne frekvencije
Fest	A2	1,0000	Mnr	B2	0,0200
Fest	B1	1,0000		B3	0,9800
Lap	A3	0,9800	Idh	B3	0,6400
	A5	0,0200		B4	0,3600
Lap	B1	0,0714	6-Pgdh	A2	0,4500
	B2	0,2449		A3	0,5500
	B3	0,5918	6-Pgdh	B2	0,8600
	B4	0,0918		B3	0,1400
Got	A2	1,0000	Pgi	B2	1,0000
Got	B2	1,0000	Pgi	A2	1,0000
Got	C2	0,9700	Pgm	A2	1,0000
	C3	0,0300	Pgm	B2	1,0000
			Sdh	A1	1,0000

Iz relativnih frekvencija alela analiziranih lokusa (tablica 2) vidljivo je da je od 16 analiziranih gen lokusa čak njih 9 monomorfno, a da su ostali relativno polimorfni. Visok stupanj polimorfnosti nalazimo u četiri lokusa, i to: Idh-B, Lap-B, 6-Pgdh -A, 6-Pgdh-B, te nešto niži kod genskog lokusa Lap-A, Got-C, Mnr-B.

Genetička raznovrsnost u populacijama

Raznolikost alela

Radi ocjene genetičke raznolikosti najprije se u svim populacijama izračunava srednji broj alela po lokusu (A/L), te utvrđuju razlike među populacijama. To je svojstvo istraživao HAMRICK (1989) u različitim biljnih organizama i ustanovio da prosječna veličina za biljni svijet iznosi oko 1,7. Za dvosupnice 1,46 (za 74 vrste), a za četinjače 2,29 (za 20 vrsta)..

U ovom istraživanju dobivena je vrijednost od 1,6471 a razlog trebamo tražiti u stoljetnom djelovanju čovjeka na tu populaciju (tablica 3). Inače, ovo je jako niska vrijednost, jer je BALLIAN (2003) dobio veću vrijednost, a koja se sreće samo u

sjevernoj Europi (BRUS i LONGAUER, 1995; KONNERT, 1995a i b). Za razliku od ovih veličina, za Karpatе PAULE i sur. (2002) navode veličine od 2,0 do 2,2.

Raznolikost genotipova

Uz srednji broj alela po lokusu, za prikazivanje raznolikosti unutar populacija, kao i između njih, služi i srednji broj genotipova po lokusu (G/L). U usporedbi s alelskom raznolikošću, mora se obratiti pažnja na to da je broj i količina mogućih genotipova (G_m) veći, a time i broj mogućih klasa, nego kod alela. To ima smisla ako su posrijedi rijetki genotipovi (aleli). S obzirom na to da je broj realiziranih genotipova u jednoj populaciji stvarno veći od broja alela, to pri ocjeni genotipske raznolikosti u odnosu prema alelnoj raznolikosti ima više pogrešaka (GREGORIUS, 1980, 1983; HATTEMER i sur., 1982).

U ovom istraživanju vrijednosti su iznosile od 2,000 kod populacije Očevije, što je prilično mala vrijednost u odnosu na rezultat koji je za Bosnu i Hercegovinu dobio BALLIAN (2003), a bila je i za očekivati s obzirom na raznolikost alela.

Tablica 3. Mjere genetičke varijabilnosti i heterozigotnosti.

Table 3. Measures of genetic multiplicity and heterozygosity

Populacija	Prosječan broj alela u lokusu A/L	Prosječan broj genotipova u lokusu G _m	Stvarna heterozigotnost H _{st}	Očekivana heterozigotnost H _{te}
Očevija	1,6471	2,0000	0,1992	0,1440

Heterozigotna raznolikost

Heterozigotnost je vrlo važno mjerilo genetičke raznolikosti u populaciji a zapravo označava broj heterozigota u populaciji.

U ovom istraživanju dobivene su srednje vrijednosti za heterozigotnost od 0,1992 što je jako visoka vrijednost i obično je vezana za mali broj alela u lokusu odnosno populaciji. To je veća vrijednost od rezultata koji navodi BALLIAN (2003), a nešto manja od onih koje navodi LONGAUER (1994) u svom istraživanju za južne provenijencije, a koje iznose od 0,1880 u Karpatima do 0,2040 u Bugarskoj. U Njemačkoj M. KONNERT (1993) i HENKEL i sur. (1997) navode vrijednost heterozigotnosti za južne provenijencije 0,259, a za sjeverne 0,2060 što je prilično velika heterozigotnost. GANNIN i i sur. (1994) u svom su istraživanju dobili dosta nisku heterozigotnost, a najveća je bila u adultnih stabala i iznosila je 0,142. BREITENBACH-DORFER i sur. (1997) navode vrijednosti za heterozigotnost zapadnih populacija od 0,474, sjevernih od 0,313, a istočnih 0,403. Više istraživača (HAMRICK, 1989; LEDIG, 1986; BERGMANN i sur., 1990) u svojim je radovima ustanovilo da veličina

heterozigotnosti izravno utječe na propadanje obične jele u Europi. Tako LARSEN (1986. a i b) postavlja hipotezu da mala varijabilnost u obične jeli uzrokuje njezino propadanje. To se temelji na istraživanjima u zapadnoj Europi, gdje obična jela ima prilično nisku varijabilnost u odnosu na južne i istočne provenijencije koje su prilično stabilne i nisu u fazi propadanja. U tim je istočnim populacijama (Ukrajina, Rumunjska) LONGAUER (1994) ustanovio visoku heterozigotnost.

Osim toga, na heterozigotnost populacija uveliko utječe i tip gospodarenja običnom jelom u određenim područjima tijekom vremena, što je upućivalo raznolikost u ovom ili onom smjeru.

Očekivana heterozigotnost nam pokazuje veličinu heterozigotnosti koja bi trebala biti ako je populacija u stanju ravnoteže (ekvilibrija) prema Hardy-Weinbergovu zakonu. Ovim istraživanjem dobili smo veliku razliku između stvarne i očekivane heterozigotnosti u populacije Očevija (tablica 3), odnosno očekivala se niža vrijednost. Kao posljedica velikih razlika javlja se i jače odstupanje od Hardy-Weinbergove ravnoteže.

Raznolikost

Ovo je kompleksno svojstvo s obzirom na to da ga grade alelna i genotipska vrijednost, odnosno najbolji je pokazatelj multilokusna raznolikost (v_{gen}) i gene pool raznolikost (v_p). Tako multilokusna raznolikost (v_{gen}) pokazuje da je populacija Očevija s veličinom 28,42 vrlo nepovoljna, što potvrđuje relativno mali polimorfizam odnosno mala raznolikost u istraživanoj populaciji .

Inače multilokusna raznolikost u mnogim evropskim istraživanjima je varirala u ovisnosti od uporabljenih enzimskih sustava i bila čas manja čas veća (KONNERT, 1993 a, b).

Tablica 4. Mjere genetičke raznolikosti
Table 4. Measures of genetic diversity

Populacija	Raznolikost		Diferencijacija δ_T
	Multilokusna V_{gen}	Gene pool V_p	
Očevija	28,42	1,1682	0,1454

Vrijednosti gene pool raznolikosti dobivene su kao harmonijska sredina, a ponašaju se identično kao i multilokusna raznolikost, te za populaciju Očevija iznose 1,2444.

Unutarpopulacijska diferencijacija

Srednje vrijednosti populacijske diferencijacije δ_T i vrijednosti za gen lokuse pokazuju vrijednost različitosti u populacijama. U ovom istraživanju

unutarpopulacijska diferencijacija (δ_T) iznosi 0,1454 (tablica 4), što je prilično mala vrijednost u odnosu na europska mjerila (KONNERT, 1993. 1996).

Rasprava – *Discussion*

Da bi se potpuno razumio problem koji imamo sa jelom na području Očevije, moramo se nakratko vratiti u povijest, te sa povijesnim zbivanjima pokušati objasniti sadašnje stanje u populaciji obične jеле. Kako je čovjek kroz svoj povijesni put prešao od sakupljača i lovca do ratara i proizvođača, tako je i ostavljao veći ili manji utjecaj na šumu, odnosno na pojedine vrste drveća. Tim djelovanjem došlo je do nezaustavljenih procesa koji će ostaviti neizbrisiv trag na populacijske strukture šumskog drveća, odnosno njihovog genofonda. Te promjene su stoljećima bile u interesu čovjeka, a bile su, prije svega usmjerene za zadovoljenje osnovnih životnih potreba ili proizvodnje. Također često se i same biljke svojom biologijom i ekološkim zahtjevima, vrlo brzo prilagode na ta ljudska djelovanja, te su tako, prema DUCCI (1991) na običnu jelu utjecale i antropomorfne promjene u posljednjih 2000 godina.

Gubici u genofondu koji nastaju na taj način akumuliraju se vremenom, a razlike naspram ostalih populacija iz godine u godinu postaju sve veće, jer je autohtoni genetički materijal visoko adaptabilan na sve promjene. Njegovim gubitkom novonastale populacije kroz proces introgresije postaju jako labilne i osjetljive na sve promjene u okolini. U slučaju naglih i jačih poremećaja, bilo spontanih ili djelovanjem čovjeka (sjećom) mogu nastati katastrofalne posljedice, te izostati prirodna obnova ili smanjenje proizvodnih mogućnosti.

Kada govorimo o populaciji Očevija, ona na molekularnogenetičkoj razini ne pokazuje razliku naspram populacija iz središnjih Dinarida. U populaciji su izolirani svi gen lokusi koji karakteriziraju običnu jelu, iako se primjećuje opterećenje inbridingom, što je vidljivo iz niske alelne vrijednosti, te pojavom genetskog drifta. Ovdje se postavlja pitanje da li očuvati sadašnju genetičku strukturu ili ići u njenu rekonstrukciju. Sa današnjim tehnološkim razvojem ovo je prilično jednostavno uz stalnu provjeru uspješnosti očuvanja ili promjene genetičke raznolikosti mlade populacije uz pomoć izoenzimske analize gen lokusa (BEHM i KONNERT, 1999; HOSIUS i sur., 2000).

U slučaju da želimo očuvati strukturu, prirodno podmlaćivanje se smatra boljim od umjetnog podmlaćivanja. Prema nekim istraživačima, broj biljaka sposobnih za plodonošenje vrlo je važan za obnovu genetičke raznolikosti, kao i gustoća biljaka i njihov raspored. To je bitno jer je populacija već opterećena samooplodnjom i inbridingom, što se može negativno odraziti na sljedeću generaciju (VINCENT i KANTOR, 1971; BERGMANN, 1992 i 1993), te pri bilo kojem sjećivom zahvatu treba biti jako oprezan.

Ako želimo promijeniti strukturu, moramo primijeniti umjetno pomlađivanje. Ono je povezano s mnogim problemima, od komplikirane proizvodnje u rasadnicima zbog posebnih ekoloških zahtjeva vrste do slabo zastupljenog gene poola u proizvedenom materijalu. Istraživanja pokazuju da je sadni materijal obične jеле u

mnogim slučajevima opterećen nedovoljnom genetičkom informacijom, odnosno postojanjem velikog broja jedinki nastalih samooplodnjom ili inbridingom, tj. gubitkom adaptacijske sposobnosti (FINKELDEY, 1993), te sabiranjem sjemena s malog broja sjemenskih stabala, što otežava bilo kakve aktivnosti.

Na temelju dobivenih rezultata ne bi se moglo točno reći koliki je broj individua u populaciji potreban za održanje genetičkog potencijala. Iz ranijih rezultata je vidljivo da za velike populacije treba veći broj jedinki, a za male populacije manji broj jedinki. Kako je ovdje u pitanju jedna velika populacija, potrebno je osigurati širu bazu, vodeći računa i o samome prilagodbenom potencijalu biljaka u populaciji.

Prema FINKELDEYU (1993), broj jedinki potrebnih za održavanje genetičkog potencijala mora se temeljiti na vjerojatnosti gubitka rijetkih gena iz populacije, što znači da populacija mora biti toliko velika da u sebi očuva veći dio gene poola. To je bitno pri konzervaciji gena *ex situ*, bilo čuvanjem sjemena u bankama gena, bilo podizanjem arhiva gena. Za održanje potencijala *in situ* donju granicu broja jedinki treba odrediti na osnovi spoznaje je li moguća naknadna obnova genetičkog potencijala prirodnog pomlađivanja. U tom slučaju presudno je važan broj biljaka, horizontalna i vertikalna struktura, tip gospodarenja (stablimična ili grupimična preborna struktura šume).

Zaključci - Conclusion

1. Analizom 16 izoenzimskih gen lokusa, od čega je 7 polimorfno, utvrdili smo da je istraživana populacija Očevija autohton, ali da je bila stoljećima pod jakim utjecajem čovjeka.
2. Veća vrijednost heterozigotnosti istraživane populacije spram populacija jele iz drugih dijelova Bosne i Hercegovine pokazuje da je istraživana populacija izgubila dio gena, odnosno da je nastala od malog broja stabala nakon nestanka bukve, te da u njoj vladaju drugačiji selekcijski pritisci. Stoga je populacija Očevije sa specifičnom genetičkom strukturom vjerojatno nešto otpornija prema propadanju od populacija iz susjedstva jer posjeduju dovoljno specifične genetičke varijabilnosti kod enzimskog sustava 6-Pgdh.
3. Gospodarenju ovakvim populacijama i njihovoj obnovi, treba pristupiti veoma oprezno, uz stalno praćenje genetičke strukture kako bi se mogle pravodobno poduzeti mjere za spriječavanje uloženja neželjenih gena u slučaju konzerviranja genetičke strukture, odnosno da kod rekonstrukcije ne bi došlo do pomjeranja genetičke strukture u neželjenom pravcu.
4. Stoga u gospodarenju ovakvim populacijama i njihovoj obnovi, prednost uvijek treba dati prirodnjoj obnovi, uz stalno praćenje genetičke strukture, kako bi se mogle pravodobno poduzeti mjere za održanje genetičke raznolikosti koja karakterizira ovu populaciju.
5. Primijenjene molekularne metode daju dobru sliku genetičke strukture populacija Na temelju njih mogu se preporučiti potrebne mjere za održavanje genetičkih resursa u istraživanoj populaciji.

Zahvala – Acknowledgement

Ovo istraživanje realizirano je uz finansijsku potporu Federalnog ministarstva za poljoprivredu, vodoprivredu i šumarstvo, odnosno Federalne uprave za šumarstvo, Bosne i Hercegovine, u okviru projekta "Istraživane genetičke strukture, genetičkog diverziteta i genetičke diferenciranosti prirodnih populacija obične jеле (*Abies alba* Mill.) u dijelu prirodnog rasprostiranja u Bosni i Hercegovini", pa kolegama iz Ministarstva dugujem veliku zahvalnost, posebno direktoru Omeru Pašaliću, dipl. inž. šum.

Literatura – References

- BALLIAN, D. 2003: Procjena genetičke varijabilnosti obične jеле (*Abies alba* Mill.) analizom izoenzima u dijelu prirodnih populacija Bosne i Hercegovine i Hrvatske, Šumarski list br. 3-4: 135-151, Zagreb.
- BEHM, A., KONNERT, M. 1999: Conservation of Forest Genetic Ressources by Ecologically Oriented Forest Management- a Realistic Chance?. Forst und Holzwirtschaft, 194: 215-235.
- BERGMANN, F. 1992: Die genetische Struktur in Weißtannen-Populationen Mittel-und Südeuropas. 6 IUFRO Tannensymposium, Zagreb, 25-33.
- BERGMANN, F. 1993: : Die genetische Struktur in Weißtannen Populationen Mittel und Südeuropas. In: Wolf, H. (ed.): Weißtannenherküünfe. Ecomed, Landsberg am Lech, 97-105.
- BERGMANN, F., GREGORIUS, H. R., LARSEN, J. B., 1990: Levels of genetic variation in European silver fir (*Abies alba* Mill.) are they related to the species decline. Genetica, 82 (1): 1-10.
- BEUS, V. 1984: Vertikalno raščlanjenje šuma u svjetlu odnosa realne i primarne vegetacije Jugoslavije. Radovi ANUBiH, odjeljenje prirodnih i matematičkih nauka. Sarajevo, 23: 23-32.
- BOROJEVIĆ, K. 1985: Geni i populacija, Novi Sad, str. 545.
- BREITENBACH-DORFER, M., KONNERT, M., PINSKER, W., STARLINGER, F., GEBUREK, T. 1997: The contact zone between two migration routes of silver fir, *Abies alba* (Pinaceae), revealed by allozyme studies. Plant Systematics and Evolution, 206: 259-272.
- BRUS, R., LONGAUER, R. 1995: Nekatere genetske značilnosti jelke (*Abies alba* Mill.) v Sloveniji, Zbornik gozdarstva in lesarstva, 46: 45-74.
- CHELIAK, W. M., PITEL, J. A. 1984: Techniques for starch gel electrophoresis of enzymes from forest tree species. Petawawa National Forestry Institute, Canada, 1-49.

- DUCCI, F. 1991: Morphological variation in silver fir (*Abies alba* Mill.) seedlings from provenances in central and southern Italy. Annali del 'Istituto Sperimentale per la Selvicoltura, publ. 1994, 22: 53-73.
- FINKELDEY, R. 1993: Die Bedeutung allelischer Profile für die Konservierung genetischer Ressourcen bei Waldbäumen, Göttingen, Forstgenet. Ber., 14: str. 176.
- GIANNINI, R., PARDOCCI, L. ROSSI, P., VILLANI, F. 1994: Genetic structure and mating system of silver fir in the Campolino reserve (North Apennins, Italy), Jur. Genet. & Breed. 48: 335-338.
- GREGORIUS, H. R. 1980: The probability of losing an allele when diploid genotypes are sampled, Evolution Theory, 6: 143-162.
- GREGORIUS, H. R. 1983: Klonanzahl in Samenplantagen und genetische Vielfalt. Arbeitstagung Forum Genetik Wald Forstwirtschaft, Göttingen, 58-62.
- HAMRICK, J. L. 1989: Isozymes and the Analysis of Genetic Structure in Plant Population. In: Soltis, D.E., Soltis, P.S. (ed.): Isozymes in Plant Biology, London. 87-105.
- HATTEMER, H. H., GREGORIUS, H. R., ZIEHE, M., MÜLLER – STARCK, G. 1982: Klonanzahl forstlicher Samenplantagen und genetische Vielfalt, Allgemeine Forst und Jagdzeitung, 153 : 183-191.
- HENKEL, W., KONNERT, M., HOSIUS, B. 1997: Genetische Untersuchungen an der Weißtanne (*Abies alba* Mill.) in Thüringen mit waldbaulichen Konsequenzen. 8 IUFRO Tannensymposium, Sofia, 37-52.
- HOSIUS, B., BERGMANN, F., KONNERT, M., HENKEL, W. 2000: A concept for seed orchards based on isozyme gene markers. Forest Ecol. And Management, 131: 143 – 153.
- HUSSENDÖRFER, E., KONNERT, M., BERGMANN, F. 1995: Inheritance and linkage of isozyme variants of silver fir (*Abies alba* Mill.), Forest Genetics, 2 (1): 29-40.
- KONNERT, M. 1992: Genetic studies in damaged silver fir (*Abies alba*) stands in southwest Germany. Freiburg, Germany Mitteilungen der forstlichen Versuch und forschungsanstalt Baden Wurttemberg, 167: str. 119 .
- KONNERT, M. 1993 a: Die genetische Variation der Weißtanne (*Abies alba* Mill.) in Baden – Württemberg. In Wolf, H. (ed): Weißtannenherkünfte. Ecomed Verlagsgesellschaft, Landsberg am Lech, S., 79-95.
- KONNERT, M. 1993 b: Untersuchungen zum Einfluß genetischer Faktoren auf die Schädigung der Weißtanne, Forstw. Cbl., 112: 20-26.
- KONNERT, M. 1995 a: Genetische Variation der Weißtanne (*Abies alba* Mill.) in Bayern und Baden – Württemberg. Genetik und Waldbau der Weißtanne, Kolloquium, Freistaat Sachsen, 36-45.
- KONNERT, M. 1995 b: Ergebnisse isoenzymatischer Untersuchungen bei der Weißtanne als Entscheidungshilfen für forstliche Maßnahmen. 7 IUFRO Tannensymposium, "Ökologie und Waldbau der Weißtanne", Altensteig, 30-43.

- KONNERT, M. 1996: Genetische Variation der Weißtanne (*Abies alba* Mill.) in Bayern. Mittelungen der Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft Gotha, 11:71-81.
- KONNERT, M. 1999: Herkunftsüberprüfung mit biochemisch-genetischen Methoden. Der Weihnachtsbaum, 5: 4-9.
- LARSEN, J. B. 1986 a: Geography variation in silver fir (*Abies alba*) growth rate and frost resistance. Fortwissenschaftliches Centralblatt, Gottingen, 105 (5): 396-406.
- LARSEN, J. B. 1986 b: Das Tannensterben: Eine neue Hypothese zur Klärung des Hintergrundes dieser rätselhaften Komplexkrankheit der Weißtanne (*Abies alba* Mill.), Fortwissenschaftliches Centralblatt, Gottingen, 105 (5): 381-396.
- LEDIG, F. T. 1986: Heterozygosity, heterosis, and Fitness in Outbreeding Plants. In Soulé, M. E. (ed.): Conservation Biology, Sinauer Associates, Sunderland, 77-104.
- LONGAUER, R. 1994: Genetic differentiation and diversity of European silver fir in Eastern part of its natural range. Published 7-IUFRO Tannensymposiums, Baden – Württemberg.
- MATIĆ, V., DRINIĆ, P., STEFANOVIĆ, V., ČIRIĆ, M., i sur. 1971: Stanje šuma u SR Bosni i Hercegovini, prema inventuri na velikim površinama u 1964-1968 godini. Šum. fak. i inst. za šum. posebna izdanja br. 7, Sarajevo, Bosna i Hercegovina. str. 639.
- PAULE, L., GÖMÖRY, D., LONGAUER, R., KRAJMEROVÁ, D. 2002: Patterns of genetic diversity distribution in three main Central European montane tree species: *Picea abies* Karst., *Abies alba* Mill. and *Fagus sylvatica* L., J. FOR. SCI., article in press.
- THORMANN, R., STEPHAN, B. R. 1993: Interpretation of isozyme patterns of malate dehydrogenase in Scots pine using two different standing methods, Silvae genetica, 42: 5-8.
- UŠČUPIĆ, M. 1992: Uticaj sistema gazdovanja na pojavu imele (*Viscum album* L.), Glasnik šumarskog fakulteta u Beogradu. str. 7-18.
- UŠČUPIĆ, M., DAUTBAŠIĆ, M., TREŠTIĆ, T., SELMAN, E., MUJEZINOVĆ, O., NIŠIĆ, T., JOKANOVIĆ, B. 2007: Bolesti i štetnici obične jele (*Abies alba* Mill.) u Bosni i Hercegovini. Društvo za zaštitu bilja u BiH. Sarajevo, str 115.
- VALLEJOS, C. E. 1983: Enzyme Activity Staining. In: Tanskley, S.D., Orton, T.J. (ed.): Isozymes in Plant Genetics and Breeding (part A). Elsevier, Amsterdam, str. 516.
- VINCENT, G., KANTOR, J. 1971: Das frühzeitige Tannensterben. Seine Ursachen und Vorbeugung, Cbl. Ges. Forstw., 88(2): 101-115.
- WENDEL, J.F., WEEDEN, N. F. 1989: Visualization and Interpretation of Plant Isoenzymes. (ed.) Soltis, D.E., Soltis, P.S.: Isozymes in Plant Biology, London, 5- 45.

Summary

By acknowledged biochemical markers we analyzed the genetic structure of silver fir (*Abies alba* Mill.) from the Očevije region in the central Bosnia and Herzegovina.

For the analysis we used biochemical markers, from the 9 enzyme systems, with 16 gene loci, 7 of which were polymorphous, with 25 allele. The average number of the allele per locus was 1,6471. The genetic multilocus diversity was 28,42, and the gene pool diversity was 1,1682, while the real heterozygosity was 0,1992.

By the analysis of 16 isoenzyme gene loci, 7 out of which were polymorphous, we determined that the studied population of Očevije is autochthonous, but was under strong anthropogenic influence for centuries.

Greater heterozygosity value of the studied population, as opposed to populations of silver fir from other parts of Bosnia and Herzegovina, indicates that the studied population had lost one part of its genes, that is, it originated from the small number of trees after disappearance of beech, and that it is governed by different selection strains. Also, the population of Očevije, with its specific genetic structure, is most probably more resistant than the neighboring populations because it possesses sufficient specific genetic variability in the enzyme system 6-Pgdh.

However, we need to exercise caution in management of these populations and in their rejuvenation, with constant monitoring of the genetic structure, which would enable us to engage in measures for prevention of the intrusion of unwanted genes in a timely manner, for the purpose of the gene structure conservation, that is, to prevent shifting of the genetic structure in the desired direction during the reconstruction.

Therefore, within the management of these populations and their rejuvenation, the advantage is given to natural rejuvenation, with permanent monitoring of its genetic structure, in order to engage into timely measures for preservation of the genetic diversity that characterizes this population.