

Zaključna konferenca
projekta LIFE GEN MON


GOZDARSKA ZNANOST ZA PRIHODNJE GOZDOVE:


Gozdni genetski
monitoring in
biotska
raznoverstnost v
spreminjajočem
se okolju

Od 21. do 25. septembra 2020
Ljubljana, Slovenija

www.lifegenmon.si

www.znanjezagozd.si

 facebook.com/lifegenmon

 twitter.com/lifegenmon



Zbirka *Studia Forestalia Slovenica*, 178
ISSN zbirke 0353-6025

Zložnik: založba Silva Slovenica, Gozdarski inštitut Slovenije, Ljubljana 2020

Naslov: Gozdarska znanost za prihodnje gozdove: gozdni genetski monitoring in biotska raznovrstnost v spreminjajočem se okolju (Knjiga povzetkov - LIFEGENMON zaključna konferenca)

Odgovorni urednik: Hojka Kraigher

Uredniški odbor: Paraskevi Alizoti, Phil Aravanopoulos, Tjaša Baloh, Marko Bajc, Gregor Božič, Andrej Breznikar, Barbara Fussi, Alwin Janssen, Darius Kavaliauskas, Fotis Kiourtsis, Monika Konnert, Boris Rantaša, Katja Sonnenschein, Veronika Vodlan, Marjana Westergren

Tehnični urednik: Peter Železnik

Oblikovanje: Lenka Trdina, Dvokotnik

Cena: brezplačno

Izdaja: elektronska izdaja (pdf)

Elektronski izvod: <http://dx.doi.org/10.20315/SFS.178>

Financiranje: projekt LIFEGENMON (LIFE13 ENV/SI/000148), sofinanciran s strani MOP, MKGP.



Project is financially supported by the European Union's LIFE financial mechanism.



REPUBLIC OF SLOVENIA
MINISTRY OF AGRICULTURE,
FORESTRY AND FOOD



REPUBLIC OF SLOVENIA
MINISTRY OF THE ENVIRONMENT
AND SPATIAL PLANNING

Povzetki v tej publikaciji so avtorsko delo, zato uredniki publikacije niso odgovorni za vsebino. Povzetki po oddelkih so razvrščeni po abecedi.

Kataložni zapis o publikaciji (CIP) pripravili v Narodni in univerzitetni knjižnici v Ljubljani
COBISS.SI-ID 57381635
ISBN 978-961-6993-67-8 (PDF)

Kazalo

Monitoring fenologije gozdnega drevja : enostaven zgodnji sistem opozarjanja na vplive klimatskih sprememb na gozdne ekosisteme _____	22
Paraskevi Alizoti	
Uporabnost gensko vezanih SNP-jev kot označevalcev izbora za genetski monitoring gozdnega drevja _____	23
F.A. Aravanopoulos et al.	
“Kakšna je škoda?” Ocena stroškov genetskega monitoringa gozdnega drevja na osnovi projektnih aktivnosti Lifegenmon projekta _____	24
Marko Bajc et al.¹	
Letna dinamika mikrobnih združb in njihova aktivnost na prehodu korenina-tla v tleh gozda iglavcev _____	25
Petr Baldrian	
Genetski vidiki v proizvodnji in uporaba gozdnega reprodukcijskega materiala - usklajevanje in dialog _____	26
Michele Bozzano	
Uporaba genomskih podatkov za izboljšanje predvidevanja adaptivnih lastnosti na velikih geografski področjih _____	27
Juliette Archambeau et al.	
Taksonomska in funkcionalna pestrost ektomikorize v Evropskih gozdovih – velikost je pomembna _____	28
Douglas Godbold et al.	
Pripovedovanje zgodb kot način komuniciranja v znanosti ter vključevanje znanstvenih izsledkov v medijske objave _____	29
Ewa Hermanowicz	
Smernice za izvajanje genetskega monitoringa gozdnega drevja sedmih drevesnih vrst – kompleks <i>Abies alba/Abies borisii-regis complex</i> , <i>Fagus sylvatica</i> , <i>Fraxinus excelsior</i> , <i>Pinus nigra</i> , <i>Populus nigra</i> , <i>Prunus avium</i> , <i>Quercus petraea/robur complex</i> _____	30
Darius Kavaliauskas et al.	
Uporaba indikatorja » pretok genov/ sistem križanja« za monitoring genetske pestrosti jelke in bukve v času _____	31
Darius Kavaliauskas et al.	
Dejavniki uspeha pri obnovi gozdnih ekosistemov in vloga živali pri razširjanju semen- rezultati analiz DNK metabarkodiranja _____	32
Magda Bou Dagher Kharrat et al.	
Gozdni genetski monitoring – od kod in kam? _____	33
Hojka Kraigher et al.	

Gozdovi – včeraj, danes, jutri _____	34
Robert MAVSAR	
Uporaba adaptivnega potenciala gozdnega drevja za usmerjen pretok genov v t.i. »klimatsko pametnem gozdarstvu« _____	35
Silvio Schueler	
Ohranjanje gozdnih genetikih virov, njihovo prilagajanje in odpornost: kaj vemo in se kaj moramo še naučiti? _____	36
Ivan Scotti	
»LIFE for European Forest Genetic Monitoring System (LIFEGENMON)« – diseminacija in komunikacija _____	37
Katja Kavčič Sonnenschein et al.	
Genetske in genomske pokrajine za adaptivno gozdarstvo v aktualnih klimatskih spremembah _____	38
Cristina Vettori et al.	
Kaj predstavlja biološko pomembno razliko med časovnimi ocenami pridobljenimi z gozdnim genetskim monitoringom? _____	40
F.A. Aravanopoulos et al.	
Epigenetika in genetika: razkritje skrivnosti onstran imperija genov; celovit način spopadanja s podnebnimi spremembami _____	41
Evangelia V. Avramidou	
Merjenje nedavnega pretoka genov med velikimi populacijami dreves: primer populacij rdečega bora <i>Pinus sylvestris</i> v različnih talnih razmerah _____	42
Jiménez-Ramírez Azucena, et al.	
Priročnik Lifegenmon za gozdni genetski monitoring _____	43
Marko Bajc et al.	
Spletna platforma za analizo populacijske genetike za uporabo v projektu LIFEGENMON in izven njega _____	44
Philip Brailey-Jones, et al.	
Časovna spremenljivost učinkovitega reproduktivnega uspeha in nenaključna disperzija pri gozdnem drevju _____	45
Rok Damjanić et al.	
Genetska analiza populacij navadne breze (<i>Betula pendula</i> Roth) na njihovem južnem območju razširjenosti v Evropi _____	46
Giovanbattista de Dato et al.	
Prispevek projekta H2020 GenTree k izbiri učinkovitih pristopov za ohranjanje genov in genetski monitoring _____	47
Bruno Fady	
Genetski učinki uporabe sproščene tehnike gojenja gozdov tujerodnih populacij iglavcev v Združenem kraljestvu _____	48
Laura Guillardin, Prof. John MacKay	
Identifikacija genetske pestrosti z molekularnimi označevalci v naravnih populacijah in v klonskem nasadu mastike (<i>Pistacia lentiscus</i>) _____	49
Gaye Kandemir et al.	
Vključitev gozdnega genetskega monitoringa v gozdnogospodarske načrte _____	50
Fotios Kiourtsis et al.	

Diferenciacija populacij ostrolistnega javorja (<i>Acer platanoides</i>) na regionalni ravni – postavljanje osnov za ohranjanje genskih virov te vrste v Avstriji _____	51
Desanka Lazic et al.	
Politika in praksa pri ohranjanju FGM v izbranih državah transekta Lifegenmon _____	52
Hojka Kraigher et al.	
Primerjava radialnih prirastkov in gostote lesa pri šestih različnih proveniencah bukve _____	53
Luka Krajnc et al.	
Genetski monitoring populacij bukve z genetskimi in epigenetskimi markerji _____	54
Malliarou E. et al.	
Tvorba lesa pri bukvi pod pogoji podnebnih sprememb _____	55
P. Prislan, et al.	
Od znanosti k praksi: vpeljava gozdnega genetskega monitoringa v politiko, predpise in gozdarsko prakso _____	56
Boris Rantaša et al.	
Nega gozdnih semenskih sestojev z virtualnim orodjem I+ Trainer _____	57
Kristina Sever et al.	
Genetski monitoring hibridogene jelke (<i>Abies borisii-regis</i>): interpretacija prvih časovnih in medgeneracijskih primerjav z uporabo genetskih označevalcev SSR _____	58
Tourvas N. et al.	
Diseminacija projekta Lifegenmon za splošno javnost: zgodba o uspehu _____	59
Urša Vilhar et al.	
Evolucijski potencial v naravni populaciji bukve _____	60
Marjana Westergren et al.	
Tehnične smernice za genetski monitoring črnega bora <i>Pinus nigra</i> Arnold _____	62
Paraskevi Alizoti et al.	
Spremljanje fenologije z namenom ocenjevanja prilagoditvenega potenciala grške populacije borisove jelke <i>Abies borisii-regis</i> medletni spremenljivosti podnebnih razmer _____	63
Paraskevi Alizoti et al.	
Ocena odgovora grške populacije bukve <i>Fagus sylvatica</i> medletni spremenljivosti podnebnih razmer s spremljanjem fenologije različnih bioloških lastnosti _____	64
Paraskevi Alizoti et al.	
Razmejitev regij za gozdni genetski monitoring na transektu med Bavarsko in Grčijo _____	65
Filippos A. Aravanopoulos et al.	
Monitoring načrtov za prilagoditev podnebnim spremembam s pomočjo kazalnikov: projekt LIFEGRIN, primer iz Grčije _____	66
Evangelia V. Avramidou et al.	
Medlaboratorijska primerjava mikrosatelitskih podatkov. Pristop uporabljen v projektu Lifegenmon _____	67
Marko Bajc et al.	
Genetska pestrost, sorodnost in reproduktivno prostorsko vedenje pri dveh pogostih vrstah koptarjev _____	68
Aja Bončina et al.	

Smernice za izvedbo genetskega monitoringa črnega topola (<i>Populus nigra</i> L.) _____	69
Gregor BOŽIČ et al.	
Prvi vpogled v variabilnost MHC genov (razreda II) pri srni v Sloveniji _____	70
Elena Bužan et al.	
Metode fenološkega monitoringa listov kot podpora gospodarjenju v odpornih bukovih gozdovih: dejavnost mreženja med Life AForClimate in LIFE GENMON projektom _____	71
Monteverdi M.C.¹, et al.	
Uporaba baz podatkov za gozdni genetski monitoring (FGM) v okviru projekta LIFE GENMON _____	72
Rok Damjanič et al.	
Razvoj sistema vzorčenja v okviru projekta LIFE GENMON _____	73
Natalija DOVČ et al.	
Fenološka opazovanja v okviru projekta LIFE GENMON v Sloveniji _____	74
Natalija Dovč et al.	
Izolacija eksogene glivične DNA iz neinvazivnih vzorcev _____	75
Luka Duniš et al.	
Genetski monitoring izdelkov smreke Britanske sitke (<i>Picea sitchensis</i> (Bong.) Carr) v programu vzgoje _____	76
Domen Finžgar¹, et al.	
Pretvorba znanih klimatskih arhivov v biološke: pristop s pomočjo okoljskega metabarkodiranja _____	77
Ilaria Fracasso et al.	
Ohranjanje in razmnoževanje genetskih virov odpornih različic navadne smreke v Češkem Rudogorju za ublažitev učinkov suše in stalnih sprememb okoljska ter za podporo stabilnosti gozdnim ekosistemom _____	78
Josef Frýdl et al.	
Skupni raziskovalni projekt GENMON: Izvajanje dolgoročnega genetskega monitoringa v bukovih in smrekovih sestojih v Nemčiji _____	79
Barbara Fussi et al.	
Biokemijski in transkriptomski pristop: izbirna orodja za pogozdovanje na slanih tleh _____	80
Vladislava Galović et al.	
Ali genetska komponenta vpliva na kondicijske parametre (telesna masa in sposobnost razmnoževanja) pri srni _____	81
Urška Gerič et al.	
Gonilniki pestrosti ektomikoriznih gliv in njihov prispevek k globalni biodiverziteti tal in ekosistemskim funkcijam _____	82
Tine Grebenc et al.	
Protokol za ravnanje s sadikami gozdnega drevja in Protokol za pridobivanje semenskega materiala, delov rastlin in sadik _____	83
Andreja Gregorič et al.	
Smernice za izvajanje genetskega monitoringa na terenu: <i>Abies alba/Abies borisii-regis</i> _____	84
Darius Kavaliauskas et al.	
Smernice za izvajanje genetskega monitoringa na terenu: divja češnja (<i>Prunus avium</i> L.) _____	85
Darius Kavaliauskas et al.	

Razvoj sistema sledljivosti gozdnega reprodukcijskega materiala na osnovi DNK markerjev v Litvi	86
Darius Kavaliauskas et al.	
Kako na mikroklimo v dinarsko jelovo-bukovih gozdovih učinkuje interakcija med načinom gospodarjenja in topografijo	87
Janez Kermavnar et al.	
Spremenljivost anatomskih lastnosti listov v genotipu doba (<i>Quercus robur</i> L.) v naravni populaciji	88
Lazar Kesić et al.	
Spremembe gozdne podrastne vegetacije so posledica motenj: Spremljanje stanja slovenskih gozdov z izvajanjem intenzivnega monitoringa	89
Lado Kutnar et al.	
Opis sukcesije gliv razkrojevalcev na velikih lesnih ostankih v pragozdu Rajhenavski Rog v Sloveniji	90
Domen Finžgar et al.	
Odziv bakterijskih združb na krčenje gozdov	91
Tijana Martinović et al.	
Poškodbe navadne bukve zaradi zmrzali v mednarodnem provenienčnem poskusu v Bosni in Hercegovini v primerjavi s spomladansko fenologijo leta 2019	92
Mirzeta Memišević Hodžić et al.	
Vpliv suše in požarov na ektomikorizne glive <i>Quercus pubescens</i>	93
Tanja Mrak et al.	
Komunikacija projekta LIFE GENMON, 360° pristop: posredovanje informacij o gozdnih genskih virih različnim ciljnim skupinam	94
Rantaša Boris et al.	
Projekt LIFE GENMON – diseminacijski pristop Grkov	95
Chryse Sarvani et al.	
Prilagojeni reliktni hrasti (<i>Quercus</i> spp.) za odpornost gozdov na podnebne spremembe	96
Devrim Semizer-Cuming et al.	
Smernice za izvajanje genetskega monitoringa na terenu – <i>Quercus robur</i> L. and <i>Quercus petraea</i> (Matt.) Liebl.	97
Kristina Sever et al.	
Predlagane smernice o ohranjanju gozdov za vključevanje v načrte gospodarjenja z gozdovi v Sloveniji	98
Kristina Sever et al.	
Uporaba zelene infrastrukture za odpornejša mesta v Grčiji	99
Alexandra D. Solomou et al.	
Genetska struktura populacije rdeče lisice v Sloveniji	100
Manja Tišler et al.	
Minimalne zahteve za genetski monitoring: Predlagan potek dela	101
Tourvas, N. et al.	

Ocenjevanje negativnih učinkov hude okužbe s pepelasto plesnijo na fluorescenco klorofila in značilnosti listnih rež <i>Quercus robur</i> L.	102
<u>Erna Vaštag et al.</u>	
Drevesni obrazi: gozdna genetika na dosegu roke - Izbor diseminacijskih dejavnosti v Nemčiji	103
<u>Mark Walter et al.</u>	
Aplikacija Seedhunter	104
<u>Mark Walter et al.</u>	
Smernice za izvajanje genetskega monitoringa na terenu: <i>Fagus sylvatica</i> L.	105
<u>Marjana Westergren et al.</u>	
Smernice za izvajanje genetskega monitoringa na terenu: <i>Fraxinus excelsior</i>	106
<u>Marjana Westergren et al.</u>	

PROGRAM KONFERENCE

PONEDELJEK, 21.09.2020

Otvoritev konference projekta LIFE GENMON

Session 1: Genetska raznolikost in podnebne spremembe

14:30	15:00	<i>Vabljeni predavanja</i>	Santiago C. Gonzalez-Martinez	Uporaba genomskih podatkov za izboljšanje predvidevanja adaptivnih lastnosti na velikih geografski področjih
15:00	15:30	<i>Vabljeni predavanja</i>	Silvio Schueler	Uporaba adaptivnega potenciala gozdnega drevja za usmerjen pretok genov v t.i. »klimatsko pametnem gozdarstvu«
15:30	15:45	<i>Kratko predavanja</i>	Evangelia Avramidou	Epigenetika in genetika: razkritje skrivnosti onstran imperija genov; celovit način spopadanja s podnebnimi spremembami
15:45	16:00	<i>Kratko predavanja</i>	Rok Damjanić	Časovna spremenljivost učinkovitega reproduktivnega uspeha in nenaključna disperzija pri gozdnem drevju
<i>Premor s kavo</i>				
16:30	16:50	<i>Kratko predavanja</i>	Azucena Jiménez	Merjenje nedavnega pretoka genov med velikimi populacijami dreves: primer populacij rdečega bora <i>Pinus sylvestris</i> v različnih talnih razmerah
16:50	17:10	<i>Kratko predavanja</i>	Marjana Westergren	Evolucijski potencial v naravni populaciji bukve
17:10	17:30	<i>Kratko predavanja</i>	Gaye Kandemir	Identifikacija genetske pestrosti z molekularnimi označevalci v naravnih populacijah in v klonskem nasadu mastike <i>Pistacia lentiscus</i>
17:30	17:50	<i>Kratko predavanja</i>	Heino Konrad	Diferenciacija populacij ostrolistnega javorja (<i>Acer platanoides</i>) na regionalni ravni – postavljanje osnov za ohranjanje genskih virov te vrste v Avstriji
17:50	18:10	<i>Kratko predavanja</i>	Giovanbattista de Dato	Genetska analiza populacij navadne breze (<i>Betula pendula</i> Roth) na njihovem južnem območju razširjenosti v Evropi
18:10	18:15	<i>Predstavitev plakata</i>	Devrim Semizer - Cuming	Adapted relict oaks (<i>Quercus</i> spp.) for climate resilient forests
18:15	18:20	<i>Predstavitev plakata</i>	Lazar Kesić	Variability of leaf anatomical properties in pedunculate oak genotype (<i>Quercus robur</i> L.) in natural population
18:20	18:25	<i>Predstavitev plakata</i>	Josef Frýdl	Ohranjanje in razmnoževanje genetskih virov odpornih različic navadne smreke v Češkem Rudogorju za ublažitev učinkov suše in stalnih sprememb okoljska ter za podporo stabilnosti gorskim gozdnim ekosistemom
18:25	18:30	<i>Predstavitev plakata</i>	Mirzeta Memišević Hodžić	Poškodbe navadne bukve zaradi zmrzali v mednarodnem provenienčnem poskusu v Bosni in Hercegovini v primerjavi s spomladansko fenologijo leta 2019
<i>Spoznavno druženje v predverju konferenčnega prostora</i>				

TOREK, 22.09.2020

Session 2: Gozdni genetski monitoring – LIFEGENMON

9:00	9:30	Vabljeno predavanje	Hojka Kraigher	Gozdni genetski monitoring – od kod in kam?
9:30	10:00	Vabljeno predavanje	FA (Phil) Aravanopoulos	Uporabnost gensko vezanih SNP-jev kot označevalcev izbora za genetski monitoring gozdnega drevja
10:00	10:15	<i>Kratko predavanje</i>	Philip Brailey-Jones	Spletna platforma za analizo populacijske genetike za uporabo v projektu LIFEGENMON in izven njega
10:15	10:30	<i>Kratko predavanje</i>	FA (Phil) Aravanopoulos	Kaj predstavlja biološko pomembno razliko med časovnimi ocenami pridobljenimi z gozdnim genetskim monitoringom?
<i>Premor s kavo</i>				
11:00	11:30	Vabljeno predavanje	Paraskevi Alizoti	Monitoring fenologije gozdnega drevja : enostaven zgodnji sistem opozarjanja na vplive klimatskih sprememb na gozdne ekosisteme
11:30	12:00	Vabljeno predavanje	Barbara Fussi & Darius Kavaliauskas	Uporaba indikatorja » pretok genov/ sistem križanja« za monitoring genetske pestrosti jelke in bukve v času
12:00	12:15	<i>Kratko predavanje</i>	Ermioni Malliarou	Genetski monitoring populacij bukve z genetskimi in epigenetskimi markerji
12:15	12:30	<i>Kratko predavanje</i>	Nikolaos Tourvas	Genetski monitoring hibridogene jelke (<i>Abies borisii-regis</i>): interpretacija prvih časovnih in medgeneracijskih primerjav z uporabo genetskih označevalcev SSR
<i>Kosilo v predverju konferenčnega prostora</i>				
14:00	14:15	<i>Kratko predavanje</i>	Marko Bajc	Priročnik Lifegenmon za gozdni genetski monitoring
14:15	14:45	Vabljeno predavanje	Darius Kavaliauskas & Gregor Božič	Smernice za izvajanje genetskega monitoringa gozdnega drevja sedmih drevesnih vrst – kompleks <i>Abies alba/Abies borisii-regis</i>, <i>Fagus sylvatica</i>, <i>Fraxinus excelsior</i>, <i>Pinus nigra</i>, <i>Populus nigra</i>, <i>Prunus avium</i> in kompleks <i>Quercus petraea/robur</i>
14:45	14:50	<i>Predstavitev plakata</i>	Marjana Westergren	Smernice za izvajanje genetskega monitoringa na terenu: <i>Fagus sylvatica</i> L.
14:50	14:55	<i>Predstavitev plakata</i>	Darius Kavaliauskas	Smernice za izvajanje genetskega monitoringa na terenu: <i>Abies alba/Abies borisii-regis</i>
14:55	15:00	<i>Predstavitev plakata</i>	Gregor Božič	Smernice za izvajanje genetskega monitoringa na terenu: <i>Populus nigra</i> L.
15:00	15:05	<i>Predstavitev plakata</i>	Marjana Westergren	Smernice za izvajanje genetskega monitoringa na terenu: <i>Fraxinus excelsior</i> L.
15:05	15:10	<i>Predstavitev plakata</i>	Paraskevi Alizoti	Tehnične smernice za izvajanje genetskega monitoringa <i>Pinus nigra</i> Arn.
15:10	15:15	<i>Predstavitev plakata</i>	Darius Kavaliauskas	Smernice za izvajanje genetskega monitoringa na terenu: Wild cherry (<i>Prunus avium</i> L.)
15:15	15:20	<i>Predstavitev plakata</i>	Kristina Sever	Smernice za izvajanje genetskega monitoringa na terenu – <i>Quercus robur</i> L. and <i>Quercus petraea</i> (Matt.) Liebl.
15:20	15:50	Vabljeno predavanje	Marko Bajc	“Kakšna je škoda?” Ocena stroškov genetskega monitoringa gozdnega drevja na osnovi projektnih aktivnosti Lifegenmon projekta.
<i>Premor s kavo</i>				

16:20	16:25	<i>Predstavitev plakata</i>	FA (Phil) Aravanopoulos	Razmejitev regij za gozdni genetski monitoring na transektu med Bavarsko in Grčijo
16:25	16:30	<i>Predstavitev plakata</i>	Natalija Dovč	Razvoj sistema vzorčenja v okviru projekta LIFE GENMON
16:30	16:35	<i>Predstavitev plakata</i>	Rok Damjanič	Uporaba baz podatkov za gozdni genetski monitoring (FGM) v okviru projekta LIFE GENMON
16:35	16:40	<i>Predstavitev plakata</i>	Natalija Dovč	Phenological observations within the LIFE GENMON project in Slovenija
16:40	16:15	<i>Predstavitev plakata</i>	Paraskevi Alizoti	Spremljanje fenologije z namenom ocenjevanja prilagoditvenega potenciala grške populacije borisove jelke <i>Abies borisii-regis</i> medletni spremenljivosti podnebnih razmer
16:45	16:50	<i>Predstavitev plakata</i>	Paraskevi Alizoti	Ocena odgovora grške populacije bukve <i>Fagus sylvatica</i> medletni spremenljivosti podnebnih razmer s spremljanjem fenologije različnih bioloških lastnosti
16:50	16:55	<i>Predstavitev plakata</i>	Maria Cristina Monteverdi	Traditional monitoring of foliar phenology concerns in situ observations on single trees
16:55	17:00	<i>Predstavitev plakata</i>	Marko Bajc	Medlaboratorijska primerjava mikrosatelitskih podatkov. Pristop uporabljen v projektu Lifegenmon
17:00	17:05	<i>Predstavitev plakata</i>	Nikolaos Tourvas	Minimalne zahteve za genetski monitoring; Predlagan potek dela
17:05	17:10	<i>Predstavitev plakata</i>	Domen Finžgar	Genetski monitoring izdelkov smreke Britanske sitke (<i>Picea sitchensis</i> (Bong.) Carr) v programu vzgoje
17:10	17:15	<i>Predstavitev plakata</i>	Barbara Fussi - German project Genmon	The joint research project GENMON: Implementation of long-term genetic monitoring in beech and spruce stands in Germany
<i>Premor s kavo</i>				

Session 3: Odpornost gozdov, ohranjanje in upravljanje gozdnih genskih virov

17:45	18:15	<i>Vabljeni predavanja</i>	Ivan Scotti	Ohranjanje gozdnih genetskih virov, njihovo prilagajanje in odpornost: kaj vemo in se kaj moramo še naučiti?
18:15	18:45	<i>Vabljeni predavanja</i>	Cristina Vettori	Genetske in genomske pokrajine za adaptivno gozdarstvo v aktualnih klimatskih spremembah
18:45	19:00	<i>Kratko predavanje</i>	Kristina Sever	Nega gozdnih semenskih sestojev z virtualnim orodjem I+ Trainer
19:00	19:15	<i>Kratko predavanje</i>	Laura Guillardin	Genetski učinki uporabe sproščene tehnike gojenja gozdov tujerodnih populacij iglavcev v Združenem kraljestvu

ČETRTEK, 24.09.2020

Session 3: Odpornost gozdov, ohranjanje in upravljanje gozdnih genskih virov

9:00	9:15	<i>Kratko predavanje</i>	Bruno Fady	Prispevek projekta H2020 GenTree k izbiri učinkovitih pristopov za ohranjanje genov in genetski monitoring
9:15	9:30	<i>Kratko predavanje</i>	Fotios Kiourtsis	Vključitev gozdnega genetskega monitoringa v gozdnogospodarske načrte
9:30	9:45	<i>Kratko predavanje</i>	Boris Rantaša	Od znanosti k praksi: vpeljava gozdnega genetskega monitoringa v politiko, predpise in gozdarsko prakso
9:45	10:00	<i>Kratko predavanje</i>	Hojka Kraigher	Politika in praksa pri ohranjanju FGM v izbranih državah transekta Lifegenmon
10:00	10:05	<i>Predstavitev plakata</i>	Janez Kermavnar	Kako na mikroklimo v dinarsko jelovo-bukovih gozdovih učinkuje interakcija med načinom gospodarjenja in topografijo
10:05	10:10	<i>Predstavitev plakata</i>	Andreja Gregorič	Protokol za ravnanje s sadikami gozdnega drevja in Protokol za pridobivanje semenskega materiala, delov rastlin in sadik
10:10	10:15	<i>Predstavitev plakata</i>	Kristina Sever	Predlagane smernice o ohranjanju gozdov za vključevanje v načrte gospodarjenja z gozdovi v Sloveniji
10:15	10:20	<i>Predstavitev plakata</i>	Lado Kutnar	Spremembe gozdne podrastne vegetacije so posledica motenj: Spremljanje stanja slovenskih gozdov z izvajanjem intenzivnega monitoringa
10:20	10:35	<i>Kratko predavanje</i>	Luka Krajnc	Primerjava radialnih prirastkov in gostote lesa pri šestih različnih proveniencah bukve
10:35	10:50	<i>Kratko predavanje</i>	Peter Prislan	Tvorba lesa pri bukvi pod pogoji podnebnih spreme
10:50	10:55	<i>Predstavitev plakata</i>	Darius Kavaliauskas	Razvoj sistema sledljivosti gozdnega reprodukcijskega materiala na osnovi DNK markerjev v Litvi
10:55	11:00	<i>Predstavitev plakata</i>	Vladislava Galović	Biokemijski in transkriptomski pristop: izbirna orodja za pogozdovanje na slanih tleh
<i>Premor s kavo</i>				

Session 4: Dinamika gozdov, interakcije in biotska raznovrstnost na različnih nivojih

11:30	12:00	<i>Vabljeno predavanje</i>	Douglas Godbold	Taksonomska in funkcionalna pestrost ektomikorize v Evropskih gozdovih – velikost je pomembna
12:00	12:30	<i>Vabljeno predavanje</i>	Magda Bou Dagher Kharrat	Dejavniki uspeha pri obnovi gozdnih ekosistemov in vloga živali pri razširjanju semen- rezultati analiz DNK metabarkodiranja
12:30	12:35	<i>Predstavitev plakata</i>	Felicita Urzi	Genetska struktura populacije rdeče lisice v Sloveniji
12:35	12:40	<i>Predstavitev plakata</i>	Urška Gerič	Ali genetska komponenta vpliva na kondicijske parametre (telesna masa in sposobnost razmnoževanja) pri sr
12:40	12:45	<i>Predstavitev plakata</i>	Aja Bončina	Genetska pestrost, sorodnost in reproduktivno prostorsko vedenje pri dveh pogostih vrstah kopitarjev
12:45	12:50	<i>Predstavitev plakata</i>	Sandra Potušek	First insight into MHC genes (class II) variation in European roe deer in Slovenija
<i>Kosilo v predverju koferenčnega prostora</i>				
14:30	15:00	<i>Vabljeno predavanje</i>	Petr Baldrian	Letna dinamika mikrobnih združb in njihova aktivnost na prehodu korenina-tla v tleh gozda iglavcev
15:00	15:05	<i>Predstavitev plakata</i>	Tine Grebenc	Gonilniki pestrosti ektomikoriznih gliv in njihov prispevek k globalni biodiverziteti tal in ekosistemskim fun
15:05	15:10	<i>Predstavitev plakata</i>	Tanja Mrak	Vpliv suše in požarov na ektomikorizne glive Quercus pubesce

15:10	15:15	<i>Predstavitev plakata</i>	Tijana Martinović	Opis sukcesije gliv razkrojevalcev na velikih lesnih ostankih v pragozdu Rajhenavski Rog v Sloveniji
15:15	15:20	<i>Predstavitev plakata</i>	Tijana Martinović	Odziv bakterijskih združb na krčenje gozdov
15:20	15:25	<i>Predstavitev plakata</i>	Erna Vaštag	Ocenjevanje negativnih učinkov hude okužbe s pepelasto plesnijo na fluorescenco klorofila in značilnosti listnih rež <i>Quercus robur</i> L.
15:25	15:30	<i>Predstavitev plakata</i>	Ilaria Fracasso	Pretvorba znanih klimatskih arhivov v biološke: pristop s pomočjo okoljskega metabarkodiranja
15:30	15:35	<i>Predstavitev plakata</i>	Luka Duniš	Izolacija eksogene glivične DNA iz neinvazivnih vzorcev

Premor s kavo

Session 5: Med znanostjo in politiko

16:05	16:35	Vabljen predavanje	Michele Bozzano	Genetski vidiki v proizvodnji in uporaba gozdnega reprodukcijskega materiala -usklajevanje in dialog
16:35	17:05	Vabljen predavanje	Ewa Hermanowicz	Pripovedovanje zgodb kot način komuniciranja v znanosti ter vključevanje znanstvenih izsledkov v medijske objave
17:05	17:35	Vabljen predavanje	Katja Sonnenschein	LIFE GENMON communication and dissemination activities »LIFE for European Forest Genetic Monitoring System (LIFE GENMON)« – diseminacija in komunikacija
17:35	17:50	<i>Kratko predavanje</i>	Urša Vilhar	Diseminacija projekta Lifegenmon za splošno javnost: zgodba o uspehu
17:50	17:55	<i>Predstavitev plakata</i>	Chryse Sarvanl	Projekt LIFE GENMON – diseminacijski pristop Grkov
17:55	18:00	<i>Predstavitev plakata</i>	Mark Walter	Drevesni obrazi: gozdna genetika na dosegu roke - Izbor diseminacijskih dejavnosti v Nemčiji
18:00	18:05	<i>Predstavitev plakata</i>	Mark Walter	Aplikacija Seedhunter
18:05	18:10	<i>Predstavitev plakata</i>	Boris Rantaša	Komunikacija projekta LIFE GENMON, 360° pristop: posredovanje informacij o gozdnih genskih virih različnim ciljnim skupinam
18:10	18:15	<i>Predstavitev plakata</i>	Evangelia Avramidou	Monitoring načrtov za prilagoditev podnebnim spremembam s pomočjo kazalnikov: projekt LIFE GRIN, primer iz Grčije
18:15	18:20	<i>Predstavitev plakata</i>	Alexandra Solomou	Uporaba zelene infrastrukture za odpornejša mesta v Grčiji

PETEK, 25.09.2020

Session 3: Odpornost gozdov, ohranjanje in upravljanje gozdnih genskih virov

9:00	10:00	Zaključno predavanje	Robert Mavsar	The past, the present, the future
10:00	11:00	Okrogla miza		
11:00	12:00	Tiskovna konferenca in uraden zaključek konference projekta LIFE GENMON		
12:00	12:30	Predstavitev COST akcij in filma o projektu LIFE GENMON		
<i>Kosilo v predverju konferenčnega prostora</i>				
14:00	18:00	sestaneček AB projekta LIFE GENMON		

Delovna večerja (samo za člane AB)

VABLJENA PREDAVANJA





EVİ ALIZOTI

Evi Alizoti je diplomirala v gozdarstvu mag. iz genetike rastlin in vzreje in doktorirala. iz kvantitativne genetike in vzreje dreves na Univerzi Aristotel v Solunu v Grčiji. Med študijem je bila večkrat nagrajena s štipendijami za izjemne rezultate in magistrski študij. raziskave. Bila je tudi enoletna postdoktorska sodelavka na Gozdarski fakulteti Severne Karolinske državne univerze v ZDA.

Njeno poklicno pot je začela kot raziskovalka kvantitativne genetike in drevesništva na Univerzi Aristotel v Solunu. Nato je postala predavateljica, docentka in od leta 2019 izredna profesorica na Šoli za gozdarstvo in naravno okolje - Univerza Aristotel v Solunu. Vodi šestnajst dodiplomskih in podiplomskih tečajev s področja genetike gozdov, izboljšanja dreves, ohranjanja genskih virov, kvantitativne genetike, molekularne vzreje in klonske gozdarske proizvodnje / proizvodnje biomase. Je vodja oddelka za gozdarstvo, varstvo gozdov in naravno okolje, članica upravnega sveta in koordinatorka ERASMUS + na Šoli za gozdarstvo in naravno okolje Univerze Aristotel v Solunu. Koordinira delovno enoto IUFRO 2.02.13 „Vzreja in genetski viri sredozemskih iglavcev“ in vodi projektno skupino IUFRO „Krepitev sredozemskih sistemov drevesnic za nabavo gozdnega reprodukcijskega materiala za prilagajanje učinkom podnebnih sprememb“. Je nacionalna kontaktna točka Grčije v programih EUFORGEN in EUFGIS. Sodelovala je v številnih konkurenčnih nacionalnih in evropskih raziskovalnih projektih ter pri ukrepih EU COST z aktivnim sodelovanjem in vodenjem ali vodenjem delovnih skupin. Deluje kot recenzentka v številnih strokovnih revijah in je urednica opraviil za znanstveno revijo "Forests". Je članica številnih znanstvenih društev in je bila več mandatov članica njihovih upravnih odborov. Je avtor in soavtor številnih publikacij, poglavij knjig in vabljenih člankov.



FILIPPOS A. ARAVANOPOULOS

Dr. Filippos (Phil) A. Aravanopoulos, je profesor genetike gozdov in gojenja dreves na Univerzi Aristotel v Solunu in redni član Helenske kmetijske akademije, ki vodi katedro za gozdno znanost. Njegovi pari so gozd in okoljska znanost (univ.) In genetika dreves (doktorat, podoktorske raziskave) in študiral v Grčiji, Kanadi in na Švedskem. Njegove raziskave so financirale mednarodne organizacije (Evropska komisija, Mednarodna agencija za energijo) in nacionalne organizacije Kanade, Grčije in Švedske. Bil je predsednik znanstvenega sveta Nacionalne kmetijske fundacije Grčije, ki nadzira znanstvene raziskave, zaposlovanje in napredovanje raziskovalnega osebja za 30 raziskovalnih inštitutov, ki se osredotočajo na kmetijstvo, gozdarstvo, ribištvo in veterinarstvo. Profesor Aravanopoulos je bil tudi vodja delovne skupine za gensko spremljanje EUFORGEN, član strokovne skupine FAO o stanju svetovnih gozdnih virov in predsednik helenskega znanstvenega društva za genetiko rastlin in vzrejo. Je namestnik koordinatorka enote za populacijo, ekološko in ohranitveno genetiko IUFRO. Je recenzent več kot 40 mednarodnih revij in kot član uredništva v štirih (med njimi izredni urednik v PLoS One). Izvedel je več kot 30 vabljenih predstav na univerzah in konferencah v Evropi, Kanadi, na Kitajskem, na Cipru, v Nemčiji, Grčiji, Srbiji, Sloveniji, Španiji, na Švedskem in v Turčiji. Objavil je približno 200 raziskovalnih člankov, od tega 95 v mednarodnih strokovnih revijah in 38 v revidiranih knjigah in mednarodnih zbornikih.



PETR BALDRİAN

- Diplomiral iz mikrobiologije na Karlovi univerzi v Pragi na Češkem
- Od leta 2006 vodja laboratorija za mikrobiologijo okolja na Inštitutu za mikrobiologijo v Pragi
- Osredotočite se na mikrobne procese v naravnih ekosistemih in na vlogo gliv in bakterij
- Gozdna tla, njihove lastnosti in dinamika so glavni predmet proučevanja
- Učitelj na Karlovi univerzi v Pragi (mikrobiološka ekologija, bioinformatika)



MICHELE BOZZANO

Michele Bozzano je koordinatorka evropskega programa gozdnih genskih virov (EUFORGEN), mednarodnega programa sodelovanja, ki spodbuja ohranjanje in trajnostno uporabo gozdnih genskih virov v Evropi kot sestavni del trajnostnega gospodarjenja z gozdovi. EUFORGEN je razvil vrsto strategij in smernic o vlogi in potencialu gozdnih genskih virov pri prilagajanju gozdov podnebnim spremembam.



DARIUS KAVALIAUSKAS

Univ. Dipl. Ekologija in okoljske vede; Magisterij iz ekologije in znanosti o okolju (specializacija - gozdna ekologija); Doktorat iz gozdarstva (smer - gozdarska genetika).

Leta 2015 sem zagovarjal doktorsko disertacijo na področju genetike gozdne populacije (Tema: »Genetska struktura in genetska raznovrstnost populacij belega bora (Litva synvestris L.) v Litvi«). V tej nalogi sem obravnaval problem odkrivanja genske strukture in geografskih sprememb genetske raznovrstnosti med naravnimi populacijami belega bora v Litvi. Zato sem se osredotočil na nevtralni del genoma, kjer na genetsko strukturo močno vplivajo poledenitvene migracije, demografija, mutacije, genski premik in pretok genov. Te učinke in gensko strukturo populacije smo preučevali na podlagi označevalcev mpDNA cpDNA in nDNA. Od leta 2015 delam kot raziskovalec v projektu LIFE GEN MON na Bavarskem uradu za gozdno genetiko (Nemčija). Cilj projekta je razviti in izvajati koncept genskega monitoringa gozdov ter opredeliti optimalne kazalnike in preveritelje za spremljanje sprememb genske raznolikosti v času za dve izbrani vzorčni vrsti gozdnih dreves - srebrno jelko in evropsko bukev.

Moja raziskovalna zanimanja so gozdarstvo, gozdna genetika, populacijska genetika, ekologija, ohranjanje gozdnih genskih virov, uporabljene gozdne genetske raziskave npr. sledljivost gozdnega reprodukcijskega materiala, provenienčne raziskave itd.



EWA HERMANOWICZ

Ewa Hermanowicz je znanstvena komunikatorka s posebnim zanimanjem za digitalno pripovedovanje zgodb. Preden se je pridružila evropskemu programu za gozdne genske vire na Evropskem gozdarskem inštitutu, kjer vodi komunikacijske dejavnosti, povezane z genetiko gozdov, je bila del ekipe za krepitev zmogljivosti in znanstvene komunikacije pri Bioversity International, ki se je osredotočala na teme agrobiotske raznovrstnosti, varnosti preskrbe s hrano in spola. Njeno delo vključuje spletna mesta, bloge, kampanje in kratke filme, kot je na primer "Pošaščevanje Islandije", ki ga je objavil National Geographic.



BARBARA FUSSI

Dr. Barbara Fussi, dr. Botanika, je znanstvena raziskovalka in vodja enote za uporabne raziskave gozdne genetike na Bavarskem uradu za gozdno genetiko (AWG) v Teisendorfu v Nemčiji. Njeni glavni interesi so populacijska genetika in uporabne gozdne genske raziskave, vključno z ohranjanjem gozdnih genskih virov in preučevanjem prilagoditvenih markerjev. V okviru projekta LIFE GEN MON je vodja programa AWG.



DOUGLAS L. GODBOLD

Douglas L. Godbold je profesor gozdne ekologije na Universität für Bodenkultur (BOKU) na Dunaju, od leta 2015 pa je tudi višji znanstvenik Češke akademije znanosti. Do leta 2011 je bil profesor gozdarskih znanosti na univerzi Bangor v Veliki Britaniji. Leta 1983 je doktoriral na Univerzi v Liverpoolu in se leta 1984 preselil na univerzo v Göttingenu in po habilitaciji leta 1991 postal apl. Profesor leta 1995. V letih 1995-1996 je bil štipendist Charlesa Bullarda na univerzi Harvard v ZDA. Njegova raziskovalna zanimanja so bila predvsem podzemni procesi v gozdnih ekosistemih, vključno s finimi koreninami in mikorizami. Njegovo novejšo delo se osredotoča na razmerja med delovanjem ekosistemov biotske raznovrstnosti v gozdnih drevesih in mikorizah.



HOJKA KRAIGHER

Prof. dr. Hojka Kraigher je vodja oddelka za gozdno fiziologijo in genetiko ter raziskovalnega programa Gozdna biologija, ekologija in tehnologija pri Gozdarskem inštitutu Slovenije in pridružena članica Slovenske akademije znanosti in umetnosti. Njeno strokovno znanje je na področju fiziologije in ekologije gozdnih dreves in njihovih simbiotov ter ohranjanja gozdnih genskih virov. Je pooblaščen oseba za odobritev osnovnega materiala in poročanje FOREMATIS-u ter za certificiranje gozdnega reprodukcijskega materiala. Od leta 1995 je nacionalna koordinatorka EUFORGEN. Trenutno koordinira projekt LIFE + za razvoj sistema za gozdni genetski monitoring „LIFE GENMON“ in sodeluje kot vodja delovne skupine in partnerja v LIFE SySTEMiC in projektu GenRes Bridge H2020.



MAGDA BOU DAGHER KHARRAT

Prof. Magda BOU DAGHER KHARRAT, vodja laboratorija za biotsko raznovrstnost in funkcionalno genomiko na Prirodoslovno-matematični fakulteti Univerze Saint-Joseph (USJ) v Bejrutu.

Prof. Kharrat je rastlinski genetik, ki se posebej zanima za ohranjanje endemičnih vrst in genetiko iglavcev. Uporablja genomska orodja za raziskovanje rastlinskih in živalskih populacij, da bi razumela njihovo filogenijo, filogeografijo in njihove zgodovinske evolucijske procese.

Rezultati njenih raziskav so ji omogočili, da opredeli politike ohranjanja in strategije obnove gozdnih ekosistemov, ki optimizirajo preživetje drevesnih populacij ob podnebnih spremembah. Je soustanoviteljica in predsednica nevladne organizacije „Jouzour Loubnan“, ki se od leta 2008 ukvarja z pogozdovanjem v Libanonu.

Njeno delo na področju obnove in sanacije degradiranih gorskih ekosistemov ter genetske preiskave ter ohranjanje libanonske flore in situ in ex-situ je priznано na nacionalni in mednarodni ravni.

Leta 2008 jo je UNESCO-L'Oréal prejel za nagrado „Ženske v znanosti“ za njeno delo na področju valorizacije in ohranjanja avtohtone libanonske flore in za začetek njene prve spletne baze podatkov. Leta 2012 je bila za program ameriških veleposlaništev in konzulatov na Bližnjem vzhodu in v Severni Afriki nominirana za „Izjemno žensko znanstvenico“.

Leta 2020 je bila nominirana za eno od 80 mednarodnih izmenjav obrazov ameriškega mednarodnega programa vodenja obiskovalcev.



ROBERT MAVSAR

Robert Mavsar (doktorat) je namestnik direktorja Evropskega gozdarskega inštituta (EFI), odgovoren za splošno operativno upravljanje in razvoj raziskovalnih dejavnosti inštituta. Je doktor ekonomije in doktorat iz gozdarstva. Njegova glavna strokovna področja so na področju gozdne biogospodarstva. Na tem področju je tudi koordiniral evropske raziskovalne projekte in deloval kot član različnih svetovalnih skupin za Evropsko komisijo (npr. Član strokovne skupine Evropske komisije za pregled strategije EU za biogospodarstvo).

Preden se je pridružil EFI, je dr. Mavsar delal v Gozdarskem znanstveno-tehnološkem centru Katalonije (Španija), Gozdarskem inštitutu Slovenije in Ministrstvu za kmetijstvo, prehrano in gozdarstvo Republike Slovenije.

Evropski gozdarski inštitut (EFI) je mednarodna organizacija, ki so jo ustanovile evropske države. EFI izvaja raziskave in zagotavlja politično podporo pri vprašanjih, povezanih z gozdovi.



SANTIAGO C. GONZÁLEZ-MARTÍNEZ

Dr. Santiago C. González-Martínez je doktor znanosti o gozdovih (UPM, Madrid, 2001) in je trenutno direktor raziskav pri INRA (UMR1202 BIOGECO: Biodiversity, Genes & Communities) v Bordeauxu (Francija) in pridružen raziskovalec pri CREAM (Barcelona, Španija). Pred tem je bil podoktorski raziskovalec na Inštitutu za evlucijske znanosti v Montpellierju (ISEM-UM2, Francija), Fulbrightov štipendist na Kalifornijski univerzi (UCDavis, ZDA) in višji sodelavec Marie Curie na Oddelku za ekologijo in evolucijo Univerze v Lausanne (DEE-UNIL, Švica) in je nekaj let delal v Raziskovalnem centru za gozdove (CIFOR-INIA) v Madridu, najprej kot sodelavec 'Ramón y Cajal' in nato kot imenovani znanstvenik. Raziskuje v več temah v splošno področje evlucijske biologije s poudarkom na evlucijskih procesih, ki pojasnjujejo porazdelitev genske raznolikosti v gozdnih drevesih, od pretoka genov in natančnih študij prostorske genetske strukture do raziskav genov kandidatov za prilagodljive odzive, zlasti v zvezi s prilagajanjem podnebju, po klasičnem in populacijskem genetskem in genomskem pristopu nove generacije. Trenutno razvija široko raziskovalno smer na področju ekološke genetike in genomike lokalnega prilagajanja, ki temelji na genotipizaciji / sekvenciranju in evlucijski kvantitativni genetiki. Objavil je več kot 130 raziskovalnih člankov z več kot 7000 nabranimi citati, trenutno pa je pridružen urednik za GENETIKO in urednik recenzij za TREE GENETICS AND GENOMES, pa tudi koordinator oddelka 2 IUFRO (Physiology & Genetics) in Evropske raziskovalne skupine EVOLTREE (www.evoltree.eu).



SILVIO SCHUELER

Silvio Schueler je vodja oddelka za rast gozdov in gojenje gozdov v Avstrijskem raziskovalnem centru za gozdove (BFW) na Dunaju od leta 2017. S svojo ekipo je odgovoren za razvoj strategij za trajnostno gospodarjenje z gozdovi v Avstriji glede podnebnih sprememb in gojenja lesa. povpraševanje ter upoštevanje naravnih virov in biotske raznovrstnosti gozdov. Dr. Schüler je diplomiral iz biologije na Univerzi v Jeni, nato pa je delal na Inštitutu Thünen v Hamburgu. Leta 2005 se je pridružil BFW kot vodja enote za provenienčne raziskave in rejo. Njegovi projekti so močno namenjeni razvoju strategij za prilagojeno gospodarjenje z gozdovi v podnebnih spremembah ter prenosu in uporabi znanstvenih spoznanj v gozdni praksi. Primeri njegovih projektov so spletna platforma za priporočila www.herkunftsberatung.at, orodje za iskanje najboljših semen

poreklo gozdnih sestojev v Avstriji. Poleg tega je v Avstriji ustanovil veliko poskusno serijo hrastovega porekla in ponovno ocenil nabore poskusnih podatkov o veliki provenienci, da bi ocenil potrebe po podprti migraciji in pretoku genov za avtohtona in tujerodna drevesa. Nadaljnji projekti vključujejo modeliranje razvoja gozdov in povezanih ekosistemskih storitev v okviru različnih strategij prilagajanja.



IVAN SCOTTI

Sem populacijski biolog, ki me zanimajo mehanizmi, na katerih temelji lokalna prilagoditev, in zlasti mikrogeografska prilagoditev, to je prilagoditev na okoljske spremembe, ki se pojavljajo znotraj populacij. Takšni procesi so teoretično povezani z ohranjanjem raznolikosti znotraj populacij in z ravnotežjem izbire in razpršitve ter se lahko pojavijo, kadar je okolje neenakomerno ali se na kratkih razdaljah nenadoma spremeni. Trdim, da se takšne razmere pogosto srečujejo s populacijami rastlin, npr. g. v sestavi tal in rodovitnosti, razpoložljivosti svetlobe in vode, konkurenci, pojavljanju plenilcev.

Rad sodelujem z ljudmi z drugih področij in se resnično multidisciplinarno lotevam vprašanja mikrogeografske prilagoditve. Sodelujem (večinoma) z ekologi, ekofiziologi in statistiki, lokalno in v drugih raziskovalnih središčih, da bi ustvaril celovit pogled na prilagajanje, ki zajema vse njegove vidike (darwinistični izbor, demografija, plastičnost...).

Moji biološki modeli so gozdna drevesa. Drevesa se mi zdijo odličen študijski sistem za raziskovanje mikrogeografske prilagoditve, zahvaljujoč njihovi veliki, večletni populaciji, visoki plodnosti in genetski raznovrstnosti. Ljubim drevesa in gozdove, zato se mi zdi zelo pomembno, da prispevam k preučevanju prilagoditev na podnebne spremembe, saj lahko to pomaga pri zaščiti gozdov po vsem svetu pred nevarnostmi, povezanimi z globalnim segrevanjem.

Ukvarjam se tudi s popularizacijo znanosti. Vključen sem v predstavitev evolucijske teorije in idej širši javnosti vseh starosti in ne oklevam, da zagovarjam dokazana znanstvena dejstva o evoluciji, ko jih napadejo protisunistične skupine. Zavzemam se za neodvisne javne raziskave in za publikacijski sistem, ki kakovost znanosti vrednoti nad založniške industrijske cilje.



CRISTINA VETTORI

Dr.

Od junija 1998 do 26. decembra 2001 postdoc sodelavec pri IMGPF-CNR.

Od 27. decembra 2001 je raziskovalec Nacionalnega raziskovalnega sveta Italije (CNR), dejansko na Inštitutu za bioznanosti in bioresure (IBBR), in od januarja 2019 odgovoren v Firenškem oddelku IBBR.

Cristina Vettori ima več kot 20 let izkušenj na področju genetike gozdov in molekularne genetike, zlasti pa se ukvarja s filogeografijo in filogenezo Fagaceae, analizo genomov, raziskavami biološke varnosti na transgenih drevesih, starodavno analizo DNK in nedavno v prilagodljivem gojiteljstvu.

Sodelovala je pri več projektih EU iz 6. in 7. OP.

Bila je koordinatorica LIFE08 NAT / IT / 000342 (Razvoj indeksa hitrega spremljanja kot orodje za oceno vplivov transgenih poljščin na okolje) in predsednica COST Action FP0905 (Biološka varnost gozdnih transgenih dreves: izboljšanje znanstvene osnove za varno drevo razvoj in izvajanje političnih direktiv EU) in je dejansko vodja projekta LIFE SySTEMiC (prakse naravnega trajnostnega gospodarjenja z gozdovi blizu podnebnih sprememb).

Seznam publikacij vsebuje več kot 40 pregledanih publikacij v znanstvenih mednarodnih in nacionalnih revijah, izjemni članki pa so objavljeni v Nature Biotechnology, Heredity, BMC Evolutionary Biology in Nature Plants.



GREGOR BOŽIČ

Dr Gregor Božič je višji raziskovalec v Gozdarskem inštitutu Slovenije. Ima več kot 25 let izkušenj na področju genetike gozdov, povezanih z ohranjanjem gozdnih genskih virov (in-situ, ex-situ) in karakterizacijo vrst gozdnih dreves z biokemijskimi označevalci, provenienčnimi raziskavami in klonskimi testi v povezavi z aplikacijami iz praktičnega gozdarstva. Izkušnje ima pri raziskovanju potenciala topolov in vrb za ohranjanje biotske raznovrstnosti v obvodnih gozdovih ter identifikaciji rastlinskega materiala s prilagodljivimi lastnostmi za les, biomaso in ekosistemske storitve. Bil je slovenski predstavnik v vseevropskih prizadevanjih za ohranjanje gozdnih drevesnih vrst *Populus nigra* (L.) in iglavcev (EUFORGEN Networks), sodeloval je v EUFORGEN WG za spremljanje genskih gozdov. Trenutno je predstavnik Nacionalne komisije za topol v organu upravljanja FAO - Mednarodne komisije za topol in član znanstvenega odbora Gozdarskega inštituta Slovenije.



KATJA KAVČIČ SONNENSCHN

Katja Kavčič Sonnenschein, magistrica ekonomije in magistrica okoljskega ravnanja in politike, ima dolgoletne izkušnje s projekti EU, kot vodilna partnerica (Alpine Space, Life) ali kot okrožna strokovnjakinja (študije za DGENV, Green Budget Europe). Delala je na projektih, ki se ukvarjajo z okoljskim obdavčenjem in proračunsko reformo, najboljšimi praksami pri zmanjšanju CO₂, energetskega sistemi in porazdeljenimi gospodarstvi. Trenutno je zaposlena v Gozdarskem inštitutu Slovenije na Oddelku za fiziologijo in genetiko gozdov kot vodja komunikacije in razširjanja za projekt LIFE GEN MON. Dela tudi pri drugih projektih EU, ki poudarjajo pomen genske raznolikosti gozdov v času podnebnih sprememb.

Monitoring fenologije gozdnega drevja : enostaven zgodnji sistem opozarjanja na vplive klimatskih sprememb na gozdne ekosisteme

[Paraskevi Alizoti](#)

Aristotle University of Thessaloniki (AUTH), Greece

Fenologija - letno ponavljajoče se zaporedje dogodkov v ciklu rastlin oz. gozdnega drevja je pomembno za delovanje posamezne rastline in celotnega ekosistema in ekosistemskih storitev. Fenologija je tudi zgodnji pokazatelj vpliva klimatskih sprememb na gozdne ekosisteme. Na fenološke spremembe pri gozdnem drevju (npr. brstenje, listna senescenca, cvetenje, plodenje) vpliva lokalna klima oziroma spremembe le-te med leti, v obsegu, ki ga omogoča genetska plastičnostjo dreves. Gene, odgovorne za časovni redosled fenofaz smo do sedaj identificirali tako pri kritosemenkah, kot pri golosemenkah. Fenologija določa razvoj in staranje listov ter fiziološko aktivnost celotne krošnje, kar vključuje zajemanje CO₂, evapotranspiracijo ter pretoke pretoki energije in emisije hlapnih organski substanc (HOS), ki vplivajo na sestavo atmosferskih plinov in s tem na vremenske in podnebne razmere. Posledično tako tudi fenologija vpliva na podnebje. Fenologija določa tudi začetek, trajanje in prekinitev cvetenja ter posledično sinhronizacijo cvetenja moških in ženskih cvetov, kar je osnovna zahteva panmiksije. Stalno neskladje sinhronizacije cvetenja zaradi podnebnih sprememb lahko privede do manjšanja genetske variabilnosti semena, kar ogroža naravno obnovo in trajnost gozdnih ekosistemov. Zaradi navedenih razlogov je spremljanje fenologije ključnega pomena, saj lahko služi kot sistem zgodnjega opozarjanja na vplive podnebja na spremembe v populacijah in vrstah gozdnih dreves ter predstavlja potrebno in pomembno orodje za implementacijo podnebnim spremembam prilagojenega gospodarjenja z gozdovi.

Ključne besede: genetska kontrola fenologije gozdnega drevja, asinhronost cvetenja, genetska variacija semena, prilagajanje gospodarjenje z gozdovi..



Uporabnost gensko vezanih SNP-jev kot označevalcev izbora za genetski monitoring gozdnega drevja

F.A. Aravanopoulos¹, N. Tourvas¹, M. Westergren², B. Fussi³, M. Bajc⁴, D. Kavaliauskas³, E. Malliarou¹, F. Kiourtsis⁴, H. Kraigher⁴

- 1 Aristotle University of Thessaloniki (AUTH), Greece
- 2 Decentralized Administration of Macedonia & Thrace, General Directorate of Forests & Rural Affairs, Greece
- 3 Bavarian Office for Forest Genetics (AWG), Germany
- 4 Gozdarski inštitut Slovenije (GIS), Slovenija

Kvantifikacija časovnih sprememb ($z \geq 10$ letnimi intervali za genetske označevalce) genetske pestrosti in genetske strukture populacij (genetski monitoring gozdnega drevja – FGM) omogoča napovedovanje dogodkov, preden pride do katastrofičnega dogodka. S popularizacijo genetski monitoring gozdnega drevja se zastavlja vprašanje, v kateri sistem genetskega monitoringa je smiselno vlagati in ga razvijati. Do nedavnega je bila metoda izbora, zaradi cenovne ugodnosti in visoke informativnosti, analiza mikrosatelitov. V zadnjem času pa je na voljo vedno več na SNP temelječih genotipizacijskih platfor, ki obljublajo boljšo pokritost genoma in s tem reprezentativnejši pregled pestrosti genoma in so cenovno konkurenčne analizi mikrosatelitov. V raziskavo smo vključili tri sestoje bele jelke (*Abies alba*) in navadne bukve (*Fagus sylvatica*) v Nemčiji, Grčiji in Sloveniji (op.: v Grčiji gre za vrsto *A. borisii-regis*). Analizirali smo 270 SNP markerjev za jelko in 170 SNP markerjev na bukev, ki smo jih pridobili z KASP uniplex sistema za genotipizacijo. Z vsakega sestoja smo vzorčili dve časovno ločeni kohorti (odrasla drevesa in naravno mladje). Rezultate smo primerjali s podatki SSR markerjev pri istih drevesih-posameznikih, da smo lahko ocenili morebitno pristranskost posameznega markerja. Raziskali smo tudi pomen izstopajoče SNPje, povezane z FST gensko regijo, ter s tem pojasnili prilagoditveno raznolikost populacij. Predlagano metodo genetskega monitoringa gozdnega drevja smo v luči uporabljenih markerjev testirali tudi na začasno ločenih kohortah.

Ključne besede: FGM (genetski monitoring gozdnega drevja), SNP (single nucleotide polymorphism), izstopajoči FST, *Abies alba*, *Abies borisii-regis*, *Fagus sylvatica*

“Kakšna je škoda?” Ocena stroškov genetskega monitoringa gozdnega drevja na osnovi projektnih aktivnosti Lifegenmon projekta

Marko Bajc¹, Paulos Bekiaroglou⁴, Pavlos Chasilidis⁴, Rok Damjanič¹, Natalija Dovč¹, Domen Finžgar^{1,5}, Barbara Fussi², Darius Kavaliauskas², Fotios Kiourtis⁴, Monika Konnert², Ermioni Malliarou³, Marjana Westergren¹, Filippos A. Aravanopoulos³, Hojka Kraigher¹

- 1 Gozdarski inštitut Slovenije (GIS), Slovenija
- 2 Bavarian Office for Forest Genetics (AWG), Germany
- 3 Aristotle University of Thessaloniki (AUTH), Greece
- 4 Decentralized Administration of Macedonia & Thrace, General Directorate of Forests & Rural Affairs, Greece
- 5 Institute of Evolutionary Biology, University of Edinburgh, UK

Vzpostavitev sistema monitoringa genetske pestrosti gozdnega drevja bo, med drugimi vplivi, uspešna tudi od dolgoročnega financiranja programa. Pridobivanje sredstev za izvajanje sistema monitoringa genetske pestrosti gozdnega drevja zato potrebuje podporo zakonodajalcev in potencialnih financerjev in v naprej izdelano finančno konstrukcijo sistema.

V času trajanja Lifegenmon projekta smo beležili stroške vseh korakov postopka vzpostavitve sistema monitoringa genetske pestrosti gozdnega drevja. Trenutna ocena tako temelji na analizi dejanskih stroškov, ki si tudi osnova za projekcijo stroškov 10 letnega delovanja sistema. Stroške smo ocenili na drevesno vrsto, državo in raven izvajanja monitoringa.

V skupne stroške izvajanja sistema monitoringa genetske pestrosti gozdnega drevja smo ocenjevali dejanske stroške začetnih in rednih aktivnosti (izbor in vzpostavitev ploskev, meritve in vzorčenja na terenu, redna vzorčenja in laboratorijske analize) ter stroške nadalje delili po tipu (materialni stroški o osebja, stroški poti)

Med aktivnostmi sistema monitoringa genetske pestrosti gozdnega drevja predstavljajo največje stroške »terenska opazovanja in meritve« z 59%-91% vseh skupnih stroškov (odvisno od ravni monitoringa, vrste in države). V celotnih stroških sistema monitoringa (po tipu) predstavljajo največji strošek stroški o osebja z 38%-76%. Nezanemarljiv strošek lahko predstavljajo tudi stroški poti, na primeru 100km oddaljene ploskve le-ti predstavljajo od 15% do 53% vseh skupnih stroškov.

Ključne besede: Monitoring genetske pestrosti gozdnega drevja, ocena stroškov



Letna dinamika mikrobnih združb in njihova aktivnost na prehodu korenina-tla v tleh gozda iglavcev

Petr Baldrian

Laboratory of Environmental Microbiology, Institute of Microbiology of the Czech Academy of Sciences, Videnska 1083, 14220 Praha 4, Czech Republic

Gozdna tla imajo globalen vpliv na okolje, saj predstavljajo pomembne ponor ogljika (C). V gozdnih tleh so, s svojim prispevkom k razgradnji in prenosu hranil od in k primarnim producentom (drevju), bakterije in glive ključno gonilo talnih procesov. Znano je, da se mikrobnost v različnih delih leta (med sezonami) spreminja. V ta namen smo v iglastih gozdovih zmernih klimatov, s kombinacijo pristopov metabolomike, metagenomike, metatranskriptomike in metaproteomike ter analize mikrobnih združb mikrobne skupnosti, analizirali sezonsko dinamiko razpoložljivosti hranil na prehodu korenina-tla in spremljali učinke sprememb v združbah na kroženje ogljika in dušika. Analize smo izvedli v štirih sezonah, in sicer ob začetku in koncu vegetacijskega obdobja in ob začetku in koncu zime (obdobja mirovanja). Največje razlike smo ugotovili na metabolnih profilih v času vegetacije, predvsem poleti. Združbe gliv in bakterij se med sezonami niso bistveno razlikovale, opazili pa smo značilne razlike v hitrostih rasti in bioloških aktivnostih. Rizosfera in korenine predstavljajo dinamične kompartmente gozdnih tal, s prevladujočo aktivnostjo ektomikoriznih gliv v poletnem času. H kroženju ogljika so najbolj prispevale bakterije v tleh in rizoferi, ter glive v opadu in koreninah. Opazili smo tudi značilno sezonskost izražanja genov, ki sodelujejo v procesu kroženja dušika, pri čemer je celokupna zaloga proteinov med sezonami spreminja manj, kot celokupna celokupna mikrobna transkripcija v proteine. Naši rezultati kažejo, da je razumevanje delovanja talnega mikrobioma ni mogoče brez vključevanja informacij o delovanju procesov gozdnega drevja, kar smo potrdili z ugotovljeno sezonskostjo talnega metaboloma in sezonskimi spremembami v talnih mikrohabitatih (npr. rizosfera,...). Gozdna tla predstavljajo zapleten sistem procesov, kjer bakterije in glive delujejo lokalno a hkrati bistveno prispevajo in vplivajo na celokupno dinamiko kroženja ogljika in dušika v gozdnih ekosistemih.

Ključne besede: gozdna tla, mikrobnost, ekologija interakcije rastlin in mikrobov, sezonskost, kroženje hranil

Genetski vidiki v proizvodnji in uporaba gozdnega reprodukcijskega materiala - usklajevanje in dialog

Michele Bozzano

European Forest Institute (EFI) / EUFORGEN

Na genetsko sestavo gozdnega reprodukcijskega materiala neposredno vplivajo odločitve različnih udeleženci v njeni proizvodni verigi. Te odločitve, ki pogosto ignorirajo pomen genetske sestave gozdnega reprodukcijskega materiala, pa imajo velik in dolgoročen vpliv na preživetje gozdov v prihodnosti.

Usklajevanje in dialog sta ključnega pomena za dolgoročni uspeh akterjev v celotni produkcijski verigi: od upravljalcev gozdov, drevesnic, do oblikovalcev politik na lokalni, regionalni, nacionalni in Evropski ravni. Predstavitev temelji na nedavnem poročilu programa EUFORGEN, ki izpostavlja najpomembnejša priporočila, argumente in primere za potrebo po usklajevanju ukrepov med akterji in celokupno učinkovito komunicirajo. Delo je rezultat mednarodnega sodelovanja, ki ga EUFORGEN vodi že več kot dve desetletji. Aktivnosti izhajajo iz podstati, da je genetski vidik odločilnega pomena za ustvarjanje dolgoročno vzdržnega gozda, ki je in bo sposoben preživeti prihajajočih nevarnosti in groženj gozdnim ekosistemom in prilagajanja gozdov spremembam. Le na ta način bo zagotovljen dolgoročen vzdržen razvoj ekosistemov in ohranitev zelene produkcijske sposobnosti gozdne in kulturne pokrajina.



Uporaba genomskih podatkov za izboljšanje predvidevanja adaptivnih lastnosti na velikih geografski področjih

Juliette Archambeau¹, Frédéric Barraquand², Marina de Miguel¹, Christophe Plomion¹, Ricardo Alia³, Marta Benito-Garzón¹, Santiago C. González-Martínez¹

1 INRAE, Univ. Bordeaux, BIOGECO, France

2 CNRS, Institute of Mathematics of Bordeaux, France

3 3INIA, Forest Research Centre, Department of Forest Ecology and Genetics, Spain

Razvoj modelov za napovedovanje variabilnosti adaptivnih lastnosti je bistvenega pomena pri ocenah možnosti preživetja populacij v prihodnjih okoljskih razmerah. Veliko površinske gozdne inventure in provenienčni poskusi so že dolgo v uporabi v gozdarstvu za namen predvidevanja odziva populacij na razmere v okolju in klimatske spremembe. V zadnjem desetletju so se tem metodam pridružili še molekularni pristopi, med njimi tudi sekvenciranja novih generacij in genotipizacija gozdnega drevja, ki nudijo veliko količino podatkov za analize populacij. V prispevku predstavljamo trenutno stanje uporabe genomskih podatkov in uporabo napovednih modelov odzivov na okolje na primeru naravnih populacijah vrste *Pinus pinaster*. Za to vrsto imamo na voljo klonske nasade 34 provenienc, sajenih na petih lokacijah z nasprotujočimi oz. zelo različnimi okoljskimi pogoji. Iz nasadov smo skupaj pridobili 33121 podatkov/informacij, ki smo jih uporabili v 12 hierarhičnih modelih za namen: (i) ločevanja vpliva genetike in plastičnosti na višinsko rast, ki je ključna prilagoditvena lastnost gozdnega drevja, (ii) ugotavljanja relativnega pomena dejavnikov, na katerih temeljijo razlike v višinah posameznih dreves in celotnih populacije (tj. prilagajanje podnebnju, demografski zgodovini in genomskemu ozadju ocenjenemu s številom pozitivnih efektorskih alelov - PEA) in (iii) izboljšanja napoved rasti višine posameznikov in populacij neznanega porekla (enota opazovanja v tem primeru je izmerjena višina posameznika v enem letu). V splošnem modeli, ki združujejo genomске in okoljske (klimatske) podatke razložijo primerljivo količino variacije kot modeli, ki temeljijo na višinah in višinskih prirastkih znanih provenienc v provenienčnih nasadih. Pojasnijo pa ti modeli bistveno večjo varianco pri napovedih za provenience neznanega izvora, zlasti v izrazito odstopajočih (težkih) okoljih. Iz tega sklepamo, da so trenutni pristopi modeliranja koristni in korak naprej v poznavanju odzivov izbrane drevesne vrste, saj uspešno združujejo razpoložljive ekološke in genomске informacije.

Ključne besede: climate change, local adaptation, SNPs, polygenic scores, predictive models

Taksonomska in funkcionalna pestrost ektomikorize v Evropskih gozdovih – velikost je pomembna

Douglas Godbold¹, Christoph Rosinger², Burenjargal Otgonsuren³

- 1 Universität für Bodenkultur (BOKU), Vienna, Austria
- 2 University of Cologne, Cologne, Germany
- 3 Mongolian University of Life Sciences, Ulaanbaatar, Mongolia

Prostorsko merilo oziroma velikost analiziranega področja je bistven dejavnik pri ocenjevanju biotske raznolikosti, saj pogojuje koncepte alfa, beta in gama raznolikosti. V gozdovih nadzemne in talne ekološke funkcije delujejo na različnih merilih. Tako je na primer sekvestracija ogljika smiselno meriti le na velikih sestojnih površinah ali na ravni celotnih zaokroženih ekoloških področij, medtem ko je mobilizacija hranil v tleh proces, ki teče na milimetrskih dimenzijah na površinah korenin. Ektomikorizne glive so ključno gonilno ekosistemov zmernih in borealnih gozdov. Ektomikoriza zagotavlja prevladujočo pot rastlinskega ogljika v tla in olajšujejo privzem dušika in fosforja. Raznolikost in številčnost ekotomikoriznih gliv določamo neposredno z analizo drobnih korenin ali posredno z uporabo metagenomskih pristopov. Namen prispevka je predstaviti vpliv uporabe različnih meril/dimenzij taksonomske in funkcionalne pestrosti ektomikoriznih gliv ter kako lahko različni metode ocenjevanja vrst in pestrosti rezultirajo v nasprotujočih se ocenah. Večina predstavljenih rezultatov temeljni na metaanalizi podatkov 98 gozdnih raziskovalnih ploskev, na katerih smo spremljali strukturne in funkcionalne parametre združbe ektomikoriznih gliv. Študijo smo izvedli na treh značilnih in ekonomsko pomembnih drevesnih vrstah evropskih gozdov - *Fagus sylvatica*, *Picea abies* in *Pinus sylvestris*. Analiza je praktično na vseh raziskovalnih ploskvah pokazala značilen vzorec pestrosti, s pojavljanjem majhnega števila dominantnih in velikega števila ektomikoriznih vrst, ki se pojavljajo z nizko pojavnostjo. Identifikacija vrst, ne glede na to ali gre za dominantne ektomikorizne glive ali za vrste z nizko pojavnostjo, je bistveno odvisna od tega, katero strukturo/del ektomikoriznih gliv ocenjujemo in katero metodo uporabljamo za identifikacijo.



Pripovedovanje zgodb kot način komuniciranja v znanosti ter vključevanje znanstvenih izsledkov v medijske objave

Ewa Hermanowicz

European Forest Institute

Pripovedovanje zgodb je en najučinkovitejših in naravnih mehanizmov za posredovanje znanj. Z uporabo pristopa pripovedovanja zgodb v komunikaciji znanstvenih odkritij s področja gozdarstva, potrjeno lažje dosežemo družbeno in strokovno različne ciljne publike. Zgodbe tudi lažje dosežejo splošne medije in posledično povečajo prepoznavnost znanstvenega dela. V predstavitvi se bomo osredotočili na pripovedovanje zgodb v digitalnih medijih ter na snemanje filmov, ter pristopov k večanju vidnosti rezultatov raziskovalnih projektov in spodbujanju sprememb v razmišljanju. Predstavili bomo osnovne gradnike dobre in učinkovite zgodbe ter predstavili kako zgodbo preliti v filmsko obliko. Bistven element zgodbe ali filma je lik, s katerim se publika lahko poveže, se z njim poistoveti in zaupa posredovanemu sporočilu kot verodostojni informaciji. Kot primer bomo prikazali film "Preteklost in prihodnost edinstvene populacije borovcev", s katerim bomo ponazorili in analizirali bistvene korake za uspešno pripovedovanje zgodb.

Ključne besede: storytelling, communication, filmmaking

Smernice za izvajanje genetskega monitoringa gozdnega drevja sedmih drevesnih vrst – kompleks *Abies alba/Abies borisii-regis* complex, *Fagus sylvatica*, *Fraxinus excelsior*, *Pinus nigra*, *Populus nigra*, *Prunus avium*, *Quercus petraea/robur* complex

Darius Kavaliauskas¹, Barbara Fussi¹, Marjana Westergren², Paraskevi Alizoti³, Gregor Božič², Andrej Breznikar⁴, Marko Bajc², Dalibor Ballian⁵, Evangelos Barbas³, Rok Damjanič², Natalija Dovč², Domen Finžgar², Ermioni Malliarou³, Katja Kavčič Sonnenschein², Nikos Tourvas³, Filippos Aravanopoulos³, Hojka Kraigher²

1 Bavarian Office for Forest Genetics, Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf, Germany

2 Gozdarski inštitut Slovenije, Vecna pot 2, 1000 Ljubljana, Slovenija

3 Aristotle University of Thessaloniki, University Campus, 541 24 Thessaloniki, Greece

4 Zavod za gozdove Slovenije (ZGS), Slovenija

5 University of Sarajevo, Forestry Faculty, Bosnia and Herzegovina

Correspondence: Darius.Kavaliauskas@awg.bayern.de

Smernice za izvajanje genetskega monitoringa gozdnega drevja sedmih drevesnih vrst, kompleksa *Abies alba/Abies borisii-regis* complex, *Fagus sylvatica*, *Fraxinus excelsior*, *Pinus nigra*, *Populus nigra*, *Prunus avium* in kompleksa *Quercus petraea/robur*, smo razvili kot del projekta LIFE GENMON z namenom spodbujanja in implementacije gozdnega genetskega monitoringa na Evropski ravni. Smernice podajo metodologijo za izbor in postavitve raziskovalnih ploskev za genetski monitoring in predpisujejo dodatne informacije ter spremenljivke modelnih vrst, ki jih potrebujemo za implementacijo glede vrstno specifičnega sistema križanja, distribucije posameznih dreves, ekologije vrste, ipd. Smernice vključujejo vse bistvene lastnosti posameznih drevesnih vrst, tako za vsako vrsto posebej vključujejo biologijo vrste (sistem opraševanja), distribucijo vrste (razpršena ali sklenjena) ter ekonomsko in ekološko vrednost vrste. Smernice za bukev in jelko temeljijo na rezultatih dejanskih testov genetske pestrosti, izvedenih v okviru LIFE GENMON projekta, na transektu od Nemčije do Grčije. Testne lokacije transekta ostajajo na voljo in bodo uporabljene tudi v nadaljnjih študijah in preverjanjih dobljenih rezultatov (ponovitev monitoringa). Smernice za izvajanje genetskega monitoringa gozdnega drevja sedmih drevesnih vrst predstavljajo ključen del mreže točk za monitoring na ravni celotne Evrope, in služijo predvsem pri ugotavljanju in spremljanju vpliva klimatskih sprememb na genetsko pestrost gozdnih drevesnih vrst ter za namen z znanjem podprtega učinkovitega prilagajanja gospodarjenja z gozdom na prihajajoče razmere v okolju.

Ključne besede: LIFE GENMON, ploskve za genetski monitoring, spremenljivke, indikatorji, mreža ploskev za monitoring



Uporaba indikatorja » pretok genov/ sistem križanja« za monitoring genetske pestrosti jelke in bukve v času

Darius Kavaliauskas¹, Barbara Fussi¹, Marjana Westergren², Marko Bajc², Ermioni Malliarou³, Nickos Tourvas³, Paraskevi Alizoti³, Filippos Aravanopoulos³, Hojka Kraigher²

1 Bavarian Office for Forest Genetics, Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf, Germany

2 Gozdarski inštitut Slovenije, Vecna pot 2, 1000 Ljubljana, Slovenija

3 Aristotle University of Thessaloniki, University Campus, 541 24 Thessaloniki, Greece

Correspondence: Darius.Kavaliauskas@awg.bayern.de

Pretok genov (angl. Gene flow; N_m) je med ključnimi dejavniki oblikovanja genske raznolikosti in strukture populacij gozdnega drevja. Pretok genov določamo s sistemom parjenja, ki vpliva na rekombinacijo in posledično genetsko raznolikost med generacijami ter določa stopnjo izmenjave genov med posamezniki in populacijami znotraj vrste. Spremembe oziroma razlike v uspešnosti križanja pri moških in ženskih osebkih lahko motijo predpostavko naključnega križanja v populaciji. Sistemi križanj v populaciji so pri rastlinah običajno opredeljeni z modelom mešanega križanja, pri katerem en del semena / rastline izvira iz samooploditve (samooploditev), ostali pa iz naključnega križanja z osebki izven populacije (angl. outcrossing). Predvsem outcrossing križanje bistveno spodbuja pretok genov, vpliva na homogenizacijo populacij, povečuje heterozigotnost posameznikov in favorizira ravnovesje nenaključne gametske povezave.

Podnebne spremembe lahko vplivajo na pretok genov in vzorce sistema križanja, ki se kažejo kot neredni razmnoževalni cikli, neuskkljenost časa svetjenja ipd. Posledica tovrstnih sprememb so lahko spremembe v semenenju in kasnejšem zmanjšanju velikosti populacij. Poznavanje pretoka genov in vzorcev križanja je tako predpogoj poznavanja vplivov sprememb na gensko raznolikost in gozdni genetski monitoring, ki le skupaj lahko dajo ustrezen sistem zgodnjega opozarjanja pred tovrstnimi nevarnostmi.

Za namen vzpostavitve in testiranja zgodnjega opozarjanja na spremembe v genetski strukturi populacij smo vzpostavili šest ploskev gozdnega genetskega monitoringa, tri za bukev in tri za jelko na transektu od juga Nemčije do Grčije. Iz populacije smo analizirali po 400 semen (20 semen na 20 materinskih drevesih) in 250 odraslih posameznikov in za vsako ploskev analizirali 11 mikrosatelitskih lokusov za genotipizacijo. V predstavitvi bomo prikazali rezultate pretoka genov in sistemo vžiganja za omenjene lokacije.

Ključne besede: outcrossing, stopnja inbreedinga, gozdni reprodukcijski material, *Fagus sylvatica*, *Abies alba*, *Abies borisii-regis*, mikrosatelitni markerji

Dejavniki uspeha pri obnovi gozdnih ekosistemov in vloga živali pri razširjanju semen- rezultati analiz DNK metabarkodiranja

Magda Bou Dagher Kharrat, Carole Saliba, Liliane BouKhdoud, Rhéa Kahalé, Perla Farhat

Laboratoire Biodiversité et Génomique Fonctionnelle, Faculté des Sciences, Université Saint-Joseph, Campus Sciences et Technologies, Mar Roukos, Mkalles, BP: 1514 Riad el Solh, Beirut 1107 2050, Lebanon

Obnova gozdnih ekosistemov postaja vedno pomembnejša dejavnost, ki prispeva k zmanjševanju izgube biotske raznovrstnosti, dezertifikacije ter reševanja težav klimatskih sprememb. Številni projekti pogozdovanja temeljijo na zasajevanju sadik dreves ene drevesne vrste, pri čemer se ne upošteva njihova genska raznolikost in njihova funkcija in odpornost v prihodnjih gozdovih. Upoštevanje raznolikosti rastlinskih vrst, genetske raznovrstnosti rastlin; živali in tudi mikrobiološke komponente je ključno pri zagotavljanju uspešnosti ekološke obnove gozda.

V predstavitvi bomo predstavili obnovo gozdnih ekosistemov v regiji Vzhodnega Sredozemlja (EMR), ki predstavlja območje velike biotske raznolikosti drevesnih vrst kot posledice stikanja treh celin. Podnebje in geologija področja so bistveno vplivali na trenutno razširjenost drevesnih vrst na območjih njihovih naravnih habitatov. Omenjeni dejavniki so pustili genetske odtise, ki smo jih danes lahko razkrijemo z genetskimi analizami. V obdobju antropocena imamo ljudje lokalni in globalni, vsekakor pa bistven vpliv na gozdove Vzhodnega Sredozemlja. Današnje gozdne površine so tu razdrobljene in degradirane, tudi kot posledica intenzivnega izkoriščanja in / ali prekomerne paše tudi na zgornjih gozdnih mejah. Z preučevanjem različnih pristopov k obnovi gozdnih ekosistemov z uporabo tehnik nasadov in analizami genskih virov smo se lotili odpravljanja težav pomembnega ekološkega procesa – razširjanja semen z semenojedimi živalmi. V eksperimentu smo uporabili inovativen pristop k identifikaciji zaužitih rastlinskih vrst s karakterizacijo živalske DNK s pristopom neinvazivnega DNK metabarkodiranja. Pristop je pomemben za ohranjanje habitatov in bistvenih igralcev v njem, s čimer lahko ublažimo učinke fragmentacije gozdnih površin področja. S kombinacijo ekoloških in genskih orodij smo zaznali različna ravni kompleksnosti interakcij, ki vodijo k uspešnejši obnovi gozdnih ekosistemov.

Tovrsten pristop nam omogoča celovit pogled na gozdne ekosisteme vzhodnega Mediterana, in odgovarja na vprašanje kako na sonaraven način zagotavljamo ohranitev in izboljšanje stanja gozdnih ekosistemov v regiji Vzhodnega Sredozemlja.



Gozdni genetski monitoring – od kod in kam?

Hojka Kraigher¹, Phil Aravanopoulos², Barbara Fussi³, Fotis Kiourtsis⁴, Monika Konnert⁵, Marjana Westergren¹

- 1 Gozdarski inštitut Slovenije, Vecna pot 2, 1000 Ljubljana, Slovenija
- 2 Aristotle University of Thessaloniki, University Campus, 541 24 Thessaloniki, Greece
- 3 Bavarian Office for Forest Genetics, Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf, Germany
- 4 Decentralized Administration of Macedonia – Thrace, GR-54008 Thessaloniki
- 5 retired, formerly at Bavarian Office for Forest Genetics

O obstoju različnih »področnih rasah« gozdnega drevja so poročali že prvič v 18. stoletju. Prve provenienčne poskuse z gozdnim drevjem so zastavili že v začetku 19. stoletja. Obsežne katastrofe v gozdovih, ki so bile posledica uporabe neustreznega gozdnega reprodukcijskega materiala so leta 1910 motivirale ustanovitev zveze IUFRO (Nanson 2004). Pomen genetske raznovrstnosti gozdnega drevja je postal še očitnejši in pomembnejši z aktivnostmi Oddelka za gozdne genske vire pri FAO (od leta 1968) in vzpostavitve programa za gozdne genske vire predlaganega na konferencah MCPFE (Forest Europe) (Strassbourg 1990, Helsinki 1994).

Od leta 1995 naprej je združenje EUFORGEN v zaporedju šestih faz začelo z razvojem osnov za ustanovitev mreža ohranitvenih enot za dinamično ohranjanje gozdnih genskih virov, vpeljavo načela spremljanje gozdnih genskih virov ter organiziralo več poročil in priporočil za gozdarsko stroko in oblikovalce politik vezanih na gozdne ekosisteme. EUFORGEN so poleg nacionalnih sporazumov podprli tudi nekateri mednarodni projekti, med njimi tudi projekt LIFEGENMON.

LIFEGENMON je prvi evropski izvedbeni projekt, katerega cilj je bil razvijati sistem gozdnega genetskega monitoringa, začevši z izbiro in preizkušanjem metod pridobivanja gozdnega genetskega materiala, analizami pomembnosti pristopov, ocene stroškov povezanih z razvojem kriterijev delovanjem sistema gozdnega genetskega monitoringa, vpeljave izvajanja sistema gozdnega genetskega monitoringa v gozdarsko prakso in nacionalno zakonodajo, in končno promocijo gozdov in gozdarstva različnim ciljnim publikam.

Leta 2020 smo v okviru tega 6,5-letnega projekta pripravili Priručnik za uporabo gozdnega genetskega monitoringa v Evropi in Odločitveni sistem namenjen podpori projektnim »AFTER LIFE« aktivnostim usmerjenim v ohranjanje in prilagajanja potenciala gozdov prihajajočim spremembam v okolju.

Gozdovi – včeraj, danes, jutri

Robert MAVSAR

European Forest Institute

Gozdovi so bili vedno pomemben element naše družbe. Tudi v zadnjih desetletjih, ko imajo fosilna goriva vlogo glavnega “motorja” gospodarskega razvoja in blaginje, so gozdovi ohranili svojo tradicionalno energetska vlogo in jo še dodatno okrepili z naraščajočim pomenom ekosistemskih storitev. Trenutna podnebna kriza in potreba po ponovnem razmisleku o našem gospodarskem modelu, ki naj bo trajnosten znotraj EU meje našega planeta, je gozdove ponovno postavila v središče pozornosti. Na primer, Evropski zeleni dogovor (EU Green Deal) poudarja koncept krožnega biogospodarstva, katerega cilj je ločiti gospodarsko rast EU od okoljske degradacije, se primarno zanašati na obnovljive in lokalno proizvedene vire, kot je les, ob hkratnem zagotavljanju in ohranjanju biotske raznovrstnosti gozdnih ekosistemov.

Naraščajoči pomen gozdov lastnikom gozdov, upravljavcem, oblikovalcem politik in strokovnjakom na področju oblikovanja prinaša velike in nove odgovornosti. Zavedanja se že kažejo v postopnih spremembah politik in praks upravljanja ter vpeljavah novih orodij, ki bodo pripomogla k spodbujanju odpornosti gozdov na prilagajanje podnebnim spremembam in njihovi omilitvi, ob hkratnem zagotavljanju storitev za lastnike na trajnosten način. Lastniki in družba kot celota bomo tudi v prihodnje zahtevali inovativne pristope k vsem vidikom gospodarjenja z gozdovi. Med primeri prilagajanja praks lahko naštejemo izboljševanje pristopov k obnovi gozdov, izboljševanje opredelitve virov semen, razvijati pa moramo tudi na znanju temelječa orodja in jih dati na voljo končnim uporabnikom za prepoznavane pomena in vloge gozdnega reprodukcijskega materiala, prilagojenega za tarčna območja. Na področju gozdnega reprodukcijskega materiala je bila večkrat izražena potreba po zagotavljanju boljših povezav med ohranjanjem gozdnih genskih virov in ciljno uporabo gozdnega reprodukcijskega materiala. Gozdarska stroka pričakuje tudi nadaljnje prilagoditev politik tako, da se bodo prakse ravnanja z gozdovi bolje odzivale in prilagajale na povečana pričakovanja od gozdnih ekosistemov in gozdarskega sektorja.



Uporaba adaptivnega potenciala gozdnega drevja za usmerjen pretok genov v t.i. »klimatsko pametnem gozdarstvu«

Silvio Schueler

Department for Forest Growth and Silviculture, Austrian Research Centre for Forests, Austria

Razvoj in vpeljava strategij upravljanja za ublažitev negativnih posledic klimatskih sprememb in prilagajanje gozdnih ekosistemov na novo klimatsko realnost postaja v zadnjem desetletju prednostna naloga več sektorjev. Med različnimi ukrepi prilagajanj gozdnih ekosistemov so pogoždovanja za zagotavljanje funkcije ponora ogljika in shranjevanje ogljika v naravnih proizvodih gozda in v lesnih izdelkih, četudi sta obseg in učinkovitost pristopa diskutabilna. Poleg tega programi za preoblikovanje in pogoždovanje gozdov vedno pogosteje vključujejo uporabo kombinacije novih drevesnih vrst, tujerodnih drevesnih vrst in z njimi potencialno novih ekosistemskih storitev za prihodnost. Tovrstni pristopi seveda zahtevajo znanje in ustrezne vire gozdnega reprodukcijskega materiala, ki bodo potencialno zagotavljali dosego zelenih ciljev. Iz navedenega je jasno, da je znanje gozdne genetike, in uporaba tega znanja v praksi gospodarjenja z gozdovi, ključno na klimatski prelomnici človeške družbe. Naše prihodnje delo bo moralo temeljiti na preteklih izkušnjah, kot na primer razumevanje vzorcev genetske raznovrstnosti in spremljanju raznolikosti gozdnih genskih virov. Med novimi izzivi gozdarstva lahko prepoznamo na primer (doslednejšo) uporaba informacij o genskih virih pri programih pogoždovanja in pogoždovanju brez omejevanja prenosa med državnimi mejami, pa tudi tesnejše povezovanje gozdne genetike s sorodnimi raziskovalnimi disciplinami, kot so gojenje gozdov ali varstvo gozdov, z namenom prenosa znanja v gozdno prakso. V predstavitvi bomo predstavili in razpravljali o tovrstnih izzivih ter ponudili vpogled v pretekle in prihodnje raziskovalne dejavnosti področja.

Ohranjanje gozdnih genetskih virov, njihovo prilagajanje in odpornost: kaj vemo in se kaj moramo še naučiti?

Ivan Scotti

Ecologie des Forêts Méditerranéennes, French National Institute for Agriculture, Food, and Environment (INRAE)

Pri ohranjanju gozdnih genskih virov moramo upoštevati prilagoditveni potencial in odpornost posamezne vrste. V zadnjih desetletjih je gozdarska znanost in stroka generirala obsežna znanja o funkcionalni pestrosti na molekularni ravni in variabilnosti prilagodljivih lastnosti, kar pa še ne pomeni, da imamo ključ do razumevanja prilagoditvenih mehanizmov in njihove potencialne uporabnosti pri vzpostavljanju in izvajanju programov ohranjanja gozdnih genskih virov. Razpoložljive informacije moramo uporabiti realistično in v perspektivi novih znanj in potenciala, ki jih pričakujemo v naslednjem desetletju. V prihodnje bo tako ključno povezovanje več znanstvenih in strokovnih področij, perspektiva pa kaže, da se bomo morali v večji meri zanašati na rezultate modeliranja, če želimo resnično izkoristiti prilagodljivo pomembne razlike v gozdnih genskih virih v ohranitvenih programih. V predstavitvi bomo povzeli trenutno poznavanje tehnik in pristopov vezanih na prepoznavanje genetske adaptacije gozdnega drevja in v razpravo ponudili nekaj možnosti, kako naprej.



»LIFE for European Forest Genetic Monitoring System (LIFEGENMON)« – diseminacija in komunikacija

Katja Kavčič Sonnenschein, Chryse Sarvani, Mark Walter, Ermioni Malliarou, Boris Rantaša, Tjaša Baloh, Filippou Aravanopoulos, Marko Bajc, Pavlos Bekiaroglou, Gregor Božič, Andrej Breznikar, Rok Damjanič, Natalija Dovč, Paraskevi Elizoti, Barbara Fussi, Emilia Georgiadi, Tine Grebenc, Pavlos Hasilidis, Melita Hrenko, Darius Kavaliauskas, Fotios Kiourtsis, George Rousakis, Nataša Šibanc, Barbara Štupar, Tina Unuk, Urša Vilhar, Veronika Vodlan, Laura Žižek Kulovec, Nikitas Fragkiskakis, Peter Železnik, Hojka Kraigher

Projekt LIFEGENMON je bil v večji meri posvečen komunikaciji in diseminaciji raziskovalnih in organizacijskih rezultatov projekta. Cilje in rezultate smo, skladno z zahtevami LIFE+ projekta, razširjali med specifičnimi skupinami občinstva, predvsem splošnimi javnostmi z uporabo več pristopov. Splošni javnosti smo pomen prilagodljivosti gozdov na klimatske spremembe in pomen gozdnega genetskega monitoringa približali na več načinov, in sicer s filmi, festivali, dogodki, sejmi in najpogosteje s pomočjo socialnih medijev (Facebook, Twitter, LinkedIn) ter aplikacije »Seedhunter«. V vseh primerih smo znanstveno vsebino prilagodili in predstavili z enostavnim jezikom. Pridobljeno znanje javnosti omogoča informirane odločitve, ob hkratnem pritisku na oblikovalce politik, v kolikor je to potrebno. Poseben poudarek komunikacije vsebin smo posvetili komunikaciji z otroci. Otroške knjige, delavnice in dogodki so bili namenjeni ustvarjanju spoštljivega odnosa do gozdov že v mladih letih. Nasprotno smo z delavnicami, publikacijami in predstavitvami nagovarjali predvsem znanstveno skupnost, gozdarsko stroko in oblikovalce politik. Vse dejavnosti projektnega komuniciranja in ozaveščanja o pomenu genski raznolikosti v gozdnih ekosistemih kot ključnem dejavniku pri ohranjanju vitalnosti gozdov ohranjanju sposobnosti za spopadanje s spreminjajočimi se razmerami v okolju ter z aktualnimi in prihajajočimi škodljivci in boleznimi. Aktivnosti komunikacije in diseminacije so ves čas trajanja projekta podpirale cilje projekta, torej razvoj ukrepov za prilagajanje gospodarjenja z gozdovi, ki temeljijo na poznavanju in varstvu gozdnih genskih virov in so podkrepile izmenjavo znanja znotraj in med državami partnericami projekta (Nemčija, Grčija in Slovenija).

Ključne besede: komunikacija, diseminacija, mediji, dogodki, delavnice, zakonodajalci

Genetske in genomske pokrajine za adaptivno gozdarstvo v aktualnih klimatskih spremembah

**Cristina Vettori¹, Barbara Fussi¹, Tjaša Baloh², Fabio Ciabatti³, Hojka Kraigher²,
Francesca Logli⁴, Marcello Miozzo⁵, Susanna Nocentini⁶, Miran Lanšćak⁷, Boris
Rantaša⁸, Davide Travaglini⁶, Marjana Westergren², Donatella Paffetti⁶**

1 Institute of Biosciences and BioResources (IBBR) – CNR, Research Division Florence, Via Madonna del piano 10, 50019 Sesto Fiorentino (FI), Italy

2 Gozdarski inštitut Slovenije, Vecna pot 2, 1000 Ljubljana, Slovenija

3 Unione dei Comuni Montani del Casentino, Via Roma 203, 52014 Ponte a Poppi (AR), Italia

4 Ente Parco Regionale Migliarino, San Rossore, Massaciuccoli, Tenuta San Rossore, 56122 Pisa, Italia

5 D.R.E.A.M. Italia sco. coop. agricolo forestale, Via Garibaldi 3, 52015 Pratovecchio-Stia (AR), Italia

6 Dipartimento Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali (DAGRI), Università degli Studi di Firenze, Via Maragliano 77, 50144 FIRENZE, Italia

7 Croatian Forest Research Institute, Cvjetno naselje 41, 10450 Jastrebarsko, Croatia

8 Zavod za gozdove Slovenije, večna pot, 2, Ljubljana, Slovenija

Delovanje ekosistemov je povezano s prilagajanjem živih organizmov ekosistema danemu okolju. Gozdovi se bodo morali v nekaj generacijah odzvati na vse številčnejše ekstremne podnebne dogodke, spreminjajoča povprečja podnebnih parametrov in druge s tem povezane spremembe. Posledično bodo gozdarske ekosistemske storitve soodvisne od intenzivnosti in hitrosti odziva populacij gozdnega drevja na podnebne spremembe. Genetska prilagoditev populacije, torej genetske spremembe populacije, kot odziv na naravno selekcijo, je lahko hitra in prispeva k ekološkemu uspehu vrst, ki so soočene s podnebnimi spremembami. Evropska agencija za okolje navaja, da je „genska raznolikost v regionalno prilagojenih gozdnih bistvenega pomena za prilagajanje novim okoljskim razmeram, na primer klimatskim spremembam.«. Poročilo »The State of the World's Forest Genetic Resources« o stanju gozdnih genskih virov na svetu poroča, da je približno polovica gozdnih drevesnih vrst ogroženih in izpostavljenih genetski eroziji. Prilagodljivost populacij gozdnih dreves je velika, a ne neomejena. Izjemno pomembno je, da zagotavljamo trajnostni pristop k gospodarjenju z gozdovi prilagojen željam lastnikov in ob hkratnem zagotavljanju trajnostne rabe gozdnih virov in ohranjanju gozdnih genskih virov. Potencial uporabe genetskih (nevtralnih) in genomskih (adaptivnih) markerjev za preučevanje prilagoditev dreves na okolje in vloga lastnikov gozdov pri spopadanju s podnebnimi spremembami, je trenutno najprimernejše orodje za prilagajanja in zagotavljanje gozdnogojitvenih praks za optimalno prilagajanje gojenja gozdov. V ta namen smo se združili v projektu LIFE SySTEMiC, katerega glavni cilj je uporaba lokalnega genetskega in genomskega materiala in ustreznih pristopov za optimizacijo preučevanja in upravljanja gozdnih genskih virov in gozdnega genetskega monitoringa na primerih različnih evropskih gozdnih drevesnih vrst.

Ključne besede: adaptivna genetika, klimatske spremembe, gojenje gozdov

KRATKA PREDAVANJA



Kaj predstavlja biološko pomembno razliko med časovnimi ocenami pridobljenimi z gozdnim genetskim monitoringom?

F.A. Aravanopoulos¹, M. Westergren², B. Fussi³, D. Kavaliauskas³, M. Bajc², N. Tourvas¹, P. Alizoti¹, F. Kiourtsis⁴, H. Kraigher²

1 School of Forestry & Natural Environment, Aristotle University of Thessaloniki, Greece

2 Slovenian Forest Research Institute, Slovenija

3 Bavarian Office for Forest Genetics, Germany

4 General Forest Directorate, Decentralized Administration of Macedonia & Thrace, Greece

Glavni izziv gozdnega genetskega monitoringa (FGM) je odsotnost vzpostavljenih protokolov za primerjavo kazalcev genetskega monitoringa. FGM lahko deluje na podlagi statistične pomembnosti in / ali kritične razlike v časovnih referenčnih točkah. Ugotovljene so tri stopnje kritične razlike: statistično značilne razlike (SSD), razlike, ki poleg SSD za $\geq 25\%$ presegajo prejšnjo vrednost, in razlike, ki poleg tega, da so SSD, za $\geq 50\%$ presegajo prejšnjo vrednost. Za preveritelje kazalnika "selekcija" (umrljivost, preživetje, številčnost naravne regeneracije, število reprodukcijskih dreves, cvetenje, ploditev), kazalnika "genetska pestrost" (latentni genetski potencial, koeficient oplojevanja v ožjem sorodstvu, bogastvo alelov, medvrstna hibridizacija) in kazalnika "sistem parjenja" (pretok genov, stopnja izločanja multilokusov, dejanska hitrost oplojevanja v ožjem sorodstvu), se lahko za oceno SSD med vrednostmi, pridobljenimi s časovnimi ocenami, uporabi pristop ANOVA (npr. t-test) ali pa se uporabi neparametrični test (npr. Kruskal-Wallisov test). Za preveritelja "frekvence alelov", ki spadajo v kazalnik "genetska pestrost", se lahko uporabi Fisherjev natančni test za kontingenčne tabele. Preveritelj "dejanske velikosti populacije" je izjema pri uporabi primerjalnih referenčnih točk, saj je predlagana najmanjša vrednost praga $N_e \geq 500$. V prispevku predstavljamo raven odziva znanstvenikov in upravljalcev glede na stopnjo razlik, zaznanih v časovnih ocenah, in ukrepe, ki jim je treba slediti. Raven odziva je odvisna od števila preveriteljev, ki kažejo negativen trend glede na skupno število preveriteljev, in hkratne določbe, da so nekateri specifični preveritelji vključeni med tiste, ki kažejo negativen trend. Prikazani so primeri uporabe te sheme.

Ključne besede: gozdni genetski monitoring (FGM), kazalnik, preveritelj



Epigenetika in genetika: razkritje skrivnosti onstran imperija genov; celovit način spopadanja s podnebnimi spremembami

Evangelia V. Avramidou

Laboratory of Forest Genetics and Biotechnology, Institute of Mediterranean Forest Ecosystems, Athens, Hellenic Agricultural Organization "DEMETER" Terma Alkmanos, Ilisia, 11528, Athens

Gozdne vrste se že soočajo z različnimi biotskimi in abiotskimi grožnjami, ki delujejo posamično ali v kombinacijah in jih sprožajo podnebne spremembe. Drevesa se pred neugodnimi razmerami ne morejo izogniti v primernejša okolja s premikanjem na velike razdalje. Zagotavljanje preživetja gozdnih vrst v prihodnosti je postalo prednostna naloga evropskih držav z vzpostavljanjem rezervoarjev genetske pestrosti (npr. zaščitena območja Natura 2000), vendar se postavlja vprašanje, če je to dovolj za njihovo ohranitev. Z novimi znanstvenimi dognanji se pojavljajo nova spoznanja o Lamarckovi teoriji, po kateri okolje lahko vpliva na fenotip, nove značilnosti pa so lahko dedne, kar raziskuje epigenetika. Epigenetika proučuje dedne spremembe, ki ne spremenijo DNK zaporedja. Mehanizmi epigenetike so metilacija DNK, modifikacija histonov, strukturne spremembe v kromatinih in nekodirajoči RNK. Predstavljena študija se bo osredotočila na pet osi: genetiko in odnos z epigenetiko; epigenetiko in razvoj vrst; epigenetiko in ohranjanje; epigenetiko in dednost ter epigenetski monitoring. Celosten pristop, ki bi vključeval proučevanje genetske in epigenetske pestrosti je morda tisto, kar nam manjka, da bi zagotovili trajnost, ohranjanje in prilagajanje gozdnih vrst na spremenljive okoljske razmere.

Merjenje nedavnega pretoka genov med velikimi populacijami dreves: primer populacij rdečega bora *Pinus sylvestris* v različnih talnih razmerah

Jiménez-Ramírez Azucena, Grivet Delphine, Robledo-Arnuncio Juan José

INIA

Ocena nedavnih stopenj pretoka genov med obsežnimi in pogosto šibko genetsko diferenciranimi drevesnimi populacijami ostaja velik izziv, tudi če bi zagotovili potrebne empirične informacije o interakciji med pretokom genov in lokalnimi prilagoditvami v gozdovih, o kateri vemo zelo malo. Cilj študije je ocena nedavne stopnje pretoka genov med dvema velikima populacijama domače vrste rdečega bora (*Pinus sylvestris*), ki uspevata na dveh različnih tipih tal šest kilometrov druga od druge na osrednjem Iberskem polotoku. Uporabili smo Bayesov pristop, ki temelji na enostarševsko podedovanih označevalcih. Ugotovili smo znaten in nesimetričen pretok genov (8 in 21%) med obema populacijama in še večji nedavni dotok genov (42-64%) iz bližnjih nasadov. Verjamemo, da lahko kombinacija hipotez razloži hkratno prisotnost pretoka genov in močne prilagoditvene genetske diferenciacije: divergentne selekcije, zmanjšanja življenjske moči osebkov, ki so prispeli od drugod, s starostjo, in maternalnih učinkov okolja.

Ključne besede: razširjanje peloda, Bayesovsko sklepanje



Priročnik Lifegenmon za gozdni genetski monitoring

Marko Bajc¹ (Ed.), Paraskevi Alizoti³, Vlatko Andonovski¹¹, Evangelia Avramidou^{3,7}, Dalibor Ballian^{1,5}, Evangelos Barbas³, Paulos Bekiaroglou⁶, Maria Belovarska¹³, Sandor bordacs⁸, Gregor Božič¹, Philip Brailey-Jones¹, Andrej Breznikar⁴, Pavlos Chasilidis⁶, Rok Damjanič¹, Natalija Dovč¹, Domen Finžgar^{1,16}, Barbara Fussi², Mladen Ivanković¹⁰, Davorin Kajba¹⁴, Darius Kavaliauskas², Katja Kavčič Sonnenschein¹, Fotios Kiourtis⁶, Monika Konnert², Ermioni Malliarou³, Tijana Martinović^{1,15}, Milan Mataruga¹², Saša Orlović⁹, Kristina Sever⁴, Srđan Stojnić⁹, Nataša Šibanc¹, Nikolaos Tourvas³, Marjana Westergren¹, Filippos A. aravanopoulos³, Hojka Kraigher¹

- 1 Gozdarski inštitut Slovenije (GIS), Slovenija
- 2 Bavarian Office for Forest Genetics (AWG), Germany
- 3 Aristotle University of Thessaloniki (AUTH), Greece
- 4 Zavod za gozdove Slovenije (ZGS), Slovenija
- 5 Forestry Faculty, University of Sarajevo, Bosnia and Herzegovina
- 6 Decentralized Administration of Macedonia & Thrace, General Directorate of Forests & Rural Affairs, Greece
- 7 Institute of Mediterranean Forest Ecosystems, DEMETER, Greece
- 8 Szent Istvan University, Hungary
- 9 Institute of Lowland Forestry and Environment (ILFE), Novi Sad, Serbia
- 10 Croatian Forest Research Institute, Jastrebarsko, Croatia
- 11 Faculty of Forestry, Ss. Cyril and Methodius University in Skopje, North Macedonia
- 12 Faculty of Forestry, University of Banja Luka, Rep. Srpska, BiH
- 13 Executive Forests Agency, Ministry of Agriculture and Foods, Sofia, Bulgaria
- 14 Faculty of Forestry, University of Zagreb, Croatia
- 15 Institute of Microbiology of the Czech Academy of Sciences, Czech Republic
- 16 Institute of Evolutionary Biology, University of Edinburgh, UK

V luči negativnih vplivov podnebnih sprememb in drugih motenj človeka na gozdne ekosisteme je genetski monitoring orodje, ki lahko pomaga ohranjati gensko pestrost in služi kot sistem zgodnjega opozarjanja na negativne spremembe v gozdnih ekosistemih. Namen projekta Lifegenmon je bil izvajanje sistema za gozdni genetski monitoring navadne bukve (*Fagus sylvatica* L.) in bele jelke / borisove jelke (*Abies alba* Mill. / *Abies borisii-regis* Maff.) v Nemčiji, Grčiji in Sloveniji.

Osrednji rezultat izvajanja gozdnega genetskega monitoringa v projektu Lifegenmon je priročnik za gozdni genetski monitoring. V njem se nahajajo navodila in priporočila za izvajanje vseh stopenj genetskega monitoringa - od izbire ploskev za monitoring do analize in interpretacije podatkov – ki so nastala na podlagi praktičnih izkušenj in ugotovitev sodelujočih partnerjev tekom projekta. Priročnik je namenjen vsem organizacijam, ki želijo v svoji državi vzpostaviti sistem gozdnega genetskega monitoringa. V predstavitvi bo poudarek na organizaciji in vsebini priročnika.

Ključne besede: gozdni genetski monitoring, smernice, protokoli, priročnik

Spletna platforma za analizo populacijske genetike za uporabo v projektu LIFE GENMON in izven njega

Philip Brailey-Jones, Rok Damjanić, Nataša Šibanc, Hojka Kraigher

Gozdarski inštitut Slovenije

Razvili smo odprtokodno spletno aplikacijo Shiny, ki je zasnovana za lažjo analizo in interpretacijo rezultatov raziskav populacijske genetike predvsem v okolju R. V CRAN in drugih repozitorijih je na voljo veliko samostojnih programov (npr. GenALEX) in R paketov, ki jih je mogoče uporabiti v ta namen, vendar celovit postopek za analizo zahteva preklapljanje med programi ali iskanje ustreznega paketa R za izvajanje zahtevane funkcije. Združili smo številne razpoložljive pakete, da smo ustvarili nov postopek za analizo, ki poenostavlja in usmerja analizo podatkov, hkrati pa zagotavlja preglednost in ponovljivost. Naša aplikacija lahko filtrira podatke, oceni pestrost in strukturo populacij ter vizualizira podatke v kakovosti, primerni za publiciranje. Aplikacija je tako sestavni del analize podatkov in diseminacije rezultatov v okviru projekta LIFE GENMON kot tudi samostojna aplikacija, ki jo bodo lahko uporabljali ostali populacijski genetiki.

Ključne besede: populacijska genetika; Shiny; R; bioinformatika



Časovna spremenljivost učinkovitega reproduktivnega uspeha in nenaključna disperzija pri gozdnem drevju

Rok Damjanić¹, Nataša Šibanc¹, Marko Bajc¹, Hojka Kraigher¹, Santiago C. González Martínez², Darius Kavaliauskas³, Barbara Fussi³, Nikolaos Tourvas⁴, Filippos A. aravanopoulos⁴, Marjana Westergren¹

- 1 Gozdarski inštitut Slovenije (GIS), Slovenija
- 2 French National Research Institute for Agriculture, Food & Environment (INRAE), France
- 3 Bavarian Office for Forest Genetics (AWG), Germany
- 4 Aristotle University of Thessaloniki (AUTH), Greece

Na efektivno velikost in genetsko pestrost populacije, dva ključna evlucijska parametra, ki oblikujeta prilagoditveni potencial gozdov na podnebne spremembe, vpliva različen prispevek materinskih in očetovskih dreves k obnovi. Posamezni prispevki staršev, skupaj z umrljivostjo potomcev po razširitvi semena, heterogenostjo mikro-lokacij, interakcijami med genotipom in mikro-lokacijo ter Janzen-Connellovi učinki sooblikujejo genetsko pestrost naravne obnove. Le-ta nosi potencialni nabor genov, ki bi lahko pomagali pri preživetju podnebnih sprememb.

Da bi dobili vpogled v vzorce enoletnega vznika navadne bukve (*Fagus sylvatica*) in bele jelke/borisove jelke (*Abies alba* / *Abies borisii-regis*), smo proučevali razpršenost pomladka in semenskih zrn skupaj s časovno variabilnostjo učinkovitega reproduktivnega uspeha.

Na drevesno vrsto smo vzorčili 250 odraslih dreves, 200 sadik iz dveh reprodukcijskih dogodkov in 400 semen iz 20 družin potomcev ene starševske linije v Grčiji, Nemčiji in Sloveniji. Starševstvo smo rekonstruirali s pomočjo 11 lokusov SSR z uporabo paritvenega modela z mešanimi učinki, ki ocenjuje funkcijo razširjanja peloda in semen in varianco plodnosti na podlagi prostorskih in genetskih informacij.

Prvi rezultati (Slovenija) za prvo vzorčenje kažejo na zelo popačen učinkoviti reproduktivni uspeh pri obeh vrstah. Ta rezultat lahko razložimo s tem, da se je starost naravne obnove pri prvem vzorčenju močno razlikovala, s čimer smo zajeli več kohort, ki so že prestale določeno stopnjo naravne selekcije, medtem ko so bile pri drugem vzorčenju vse sadike približno enake starosti. Modeli, ki temeljijo na semenih, so pokazali drugačen način razširjanja kot tisti, ki temeljijo na sadikah, kar kaže na nenaključno umrljivost sadik po razširitvi semena.

Ključne besede: prilagoditveni potencial, rekonstrukcija starševstva

Genetska analiza populacij navadne breze (*Betula pendula* Roth) na njihovem južnem območju razširjenosti v Evropi

Giovanbattista de Dato¹, Angela Teani¹, Claudia Mattioni², Filippos Aravanopoulos³, Avramidou Evangelia⁵, Srdjan Stojnic⁴, Ioannis Ganopoulos⁵, Piero Belletti⁶, Fulvio Ducci¹

- 1 CREA
- 2 CNR
- 3 University of Thessaloniki
- 4 University of Novi Sad
- 5 Demeter
- 6 University of Turin

Na glavnem območju razširjenosti navadne breze v genetskem vzorcu prevladujeta dva haplotipa: haplotip A se nahaja v zahodni in severozahodni Evropi, haplotip C pa v vzhodni in jugovzhodni Evropi. Za njiju je značilna visoka stopnja nevtralne genetske pestrosti znotraj populacij in nizka diferenciacija med populacijami. Informacij o količini in strukturi genetske pestrosti na južnih robnih območjih razširjenosti, kjer so ostale populacije med širitvijo vrste iz ledenodobnih zatočišč, ni veliko.

Cilj raziskave je bil ugotoviti vzorce genetske organizacije, variabilnosti in pretoka genov v dveh evropskih zatočiščih navadne breze (*Betula pendula*), v italijanskih Apeninih in grških Južnih Rodopih ter jih primerjati s populacijami južnega dela glavnega območja razširjenosti v Alpah in na Balkanu.

Genetsko analizo smo izvedli z uporabo lokusov jedrnih mikrosatelitov na 311 drevesih, vzorčenih iz 14 populacij.

V primerjavi s populacijami na glavnem območju razširjenosti smo v robnih apeninskih populacijah opazili manjšo genetsko pestrost in večjo diferenciacijo, pri čemer smo okoli teh območij zaznali očitno genetsko prepreko. Nasprotno, v grških populacijah nismo opazili ne spremembe pestrosti ne diferenciacije v primerjavi s populacijami glavnega območja razširjenosti. V grških populacijah smo zaznali tudi očiten pretok genov z alpskimi in balkanskimi območji.

Naša raziskava je pokazala, da obrobnost in ekološka manjvrednost ne oblikujeta genetske pestrosti robnih in površinsko manjših populacij, temveč predvsem njihov položaj kot del neprekinjenega območja ali kot ločena populacija. Ta rezultat kaže na različne premisleke o tem, kako upravljati genetske bazene vrst in vlogo, ki jo lahko imajo ločene populacije pri ohranjanju biotske pestrosti vrste.

Ključne besede: robne populacije, analiza populacijske structure, pretok genov



Prispevek projekta H2020 GenTree k izbiri učinkovitih pristopov za ohranjanje genov in genetski monitoring

Bruno Fady

INRA, Ecology of Mediterranean Forests research laboratory (URFM), Avignon, France

Projekt GenTree je s svojim konzorcijem in močnim sodelovanjem deležnikov lahko razširjal ideje, povečeval znanje in ozaveščal o pomenu genetske pestrosti kot vira za zagotavljanje zdravih gozdov v času podnebnih sprememb in spreminjajočih se družbenih zahtev ter tako krepil evropski program EUFORGEN.

12 gozdnih drevesnih vrst, ki jih je preučeval konzorcij GenTree, lahko štejemo kot vzorčne primere za vse drevesne vrste, navedene v Direktivi 1999/105/ES, ki ureja njihovo trženje v EU. To je zato, ker teh 12 vrst pokriva širok spekter bioklimatskih razmer in uporabe v gozdarstvu, pa tudi zato, ker so se znanstveni pristopi analize, uporabljeni v projektu GenTree, močno opirali na integrirane strategije vzorčenja, prenosljive genomske metode in procesno modeliranje. Ob polnem izkoriščanju podatkov, ki jih zagotavlja GenTree (odprt dostop in ponovna uporaba) se bo znatno povečalo naše razumevanje, kje in kako so možne lokalne prilagoditve.

Drugi dolgoročno pričakovani učinki vključujejo spremembe politik v zvezi z gozdnim reprodukcijskim materialom (FGR) v sektorju gozdnih drevesnic, ohranjanje FGR pri upravljanju zavarovanih območij, prispevek k naravnim rešitvam in pomoč pri trajnostnem gospodarjenju z gozdovi v času, ko se pogoji v okolju korenito spreminjajo.

Skupno je bilo po vsej Evropi vzorčenih 4700+ dreves 12 vrst na 210 rastiščih. Pri drevesih znotraj populacij smo iskali lastnosti, ki so koristne pri prilagajanju in odzivu na globalne spremembe, tako z vidika ohranitve kot tudi z vidika gojenja. Njihove liste smo vzorčili za ekstrakcijo DNK in meritve funkcionalnih lastnosti. V celoti smo opisali ekološke in podnebne razmere rastišč. Razpravljal bom o tem, katere lastnosti se mi zdijo koristne za genetski monitoring.

Genetski učinki uporabe sproščene tehnike gojenja gozdov tujerodnih populacij iglavcev v Združenem kraljestvu

[Laura Guillardin](#), Prof. John MacKay

University of Oxford

Enomerni nasadi tujerodnih vrst iglavcev in golosečnja sta gozdnogojitveni praksi, ki sta z namenom povečevanja donosa lesa v Združenem kraljestvu v široki uporabi. Vse večja skrb glede prilagodljivosti gozdov v prihodnosti ter trenutna politika spodbujanja vzgoje gozdov, ki podpirajo celoten niz ekosistemskih storitev, vodi k spremembam v gospodarjenju z gozdovi. Sproščena tehnika gojenja gozdov (continuous cover forestry - CCF) je pristop k upravljanju gozdov, ki temelji na razvoju raznolikih sestojnih struktur, sestavljenih iz mešanice vrst. Ta tehnika upravlja ekosistem namesto dreves ter spodbuja naravno obnovo. Medtem ko je prehod na ta tip gozda dobro opredeljen gozdnogojitveni pristop, je trenutno malo raziskav o tem, kako prenos genetskega bazena od dreves v sestojni strehi do naslednje generacije lahko vpliva na genetsko pestrost gozdnih sestojev v prihodnosti. Genetska pestrost tujerodnih nasadov je lahko nižja v primerjavi z avtohtonimi gozdovi. Poleg tega so lahko potomci populacije, ki ima nizko genetsko pestrost, neprilagojeni razmeram v okolju. Namen tega projekta je oceniti genetske učinke uporabe pristopa CCF pri tujerodnih populacijah iglavcev v Združenem kraljestvu, ki jih sestavljajo *Pseudotsuga menziesii*, *Thuja plicata* in *Tsuga heterophylla*. Zato bomo primerjali parametre genetske pestrosti med drevesi v sestojni strehi in naravno obnovo s testiranjem avtohtonih populacij v Severni Ameriki in tujerodnih populacij v Združenem kraljestvu, ki so v različnih fazah CCF. Genetsko pestrost bomo izmerili z uporabo pristopa genotipizacije SNPjev, razvite v visoko pretočnem mikrofluidnem PCR sistemu. Rezultate bomo vključili v oblikovanje priporočil za upravljanje naravnega pomlajevanja v populacijah CCF.

Ključne besede: gospodarjenje z gozdovi, sproščena tehnika gojenja gozdov, naravna obnova, genetska pestrost, polimorfizem posameznega nukleotida (SNP)



Identifikacija genetske pestrosti z molekularnimi označevalci v naravnih populacijah in v klonskem nasadu mastike (*Pistacia lentiscus*)

Gaye Kandemir, Yasemin Tayanç, Burcu Çengel, Selim Kaplan, Hikmet Öztürk

Mastika (*Pistacia lentiscus*) je pomemben grm v sredozemskem grmičevju. V Turčiji obstajata dva taksona mastike, in sicer *Pistacia lentiscus* ter *Pistacia lentiscus* var. *chia*. Čeprav pri obeh taksonih ob poškodbi floema prihaja do izločanja gumija, se za pridobivanje mastike uporablja samo *P. lentiscus* var. *chia*. Mastika je ekonomsko in ekološko zelo pomembna, zato je ohranitev te vrste bistvena za trajnost prihodnjih populacij. Za učinkovito zaščito vrste je potrebno znanje o njeni genetiki.

Cilj te raziskave je preučiti genetsko pestrost naravnih populacij in izbranih klonov, ki so bili uporabljeni za osnove klonskega nasada. V skladu s tem ciljem smo razmerja med 90 kloni raziskovali s pomočjo začetnih oligonukleotidov SSR. Ugotovili smo, da ima 5 klonov enako pasovno strukturo, 2 klona pa imata zelo podobno strukturo. Z uporabo istih začetnih oligonukleotidov smo pridobili tudi informacije o genetski pestrosti 3 naravnih populacij (iz İzmir-Çeşme, Muğla-Fethiye in Muğla-Köyceğiz), pri čemer smo analizirali 40 razpršeno porazdeljenih posameznih osebkov (20 ženskih in 20 moških) iz vsake populacije. Ugotovili smo, da diferenciacija populacij precej nizka ($G_{st} = 0,0618$). Razlika med divjimi populacijami in klonskim nasadom je znašala 16%. Največjo variabilnost smo odkrili moški populaciji Çeşme ($H_o = 0,467$), najnižjo pa v klonskem nasadu ($H_o = 5,75$).

Ključne besede: *Pistacia lentiscus*, *Pistacia lentiscus* var. *chia*, mastika, mikrosateliti SSR

Vključitev gozdnega genetskega monitoringa v gozdnogospodarske načrte

Fotios Kiourtsis¹, Pavlos Hasilidis¹, Chryse Sarvani¹, Dr. Pavlos Bekiaroglou¹, George Rousakis¹, Margarita Georgiadou¹, Dr. Ermioni Maliarou², Prof. Hojka Kraigher³, Dr. Nikitas Fragkiskakis¹, Prof. Phil. A. Aravanopoulos²

- 1 Decentralized Administration of Macedonia & Thrace - General Directorate of Forests and Rural Affairs
- 2 Faculty of Agriculture, Forest Science & Natural Environment - Aristotle University of Thessaloniki
- 3 Slovenian Forest Institute

Evropska komisija je sprejela novo Strategijo EU za biotsko raznovrstnost do leta 2030 kot osrednji del Evropskega zelenega dogovora. Tudi F.A.O. je v poročilih leta 2020 poudaril vpliv genskih virov na izide gospodarjenja z gozdovi in učinkovitosti politik ohranjanja in trajnostnega razvoja.

Gozdovi služijo tako človeškim kot okoljskim potrebam in imajo pomembno vlogo pri podnebnih spremembah. Ta vlogo lahko dosežemo v okviru trajnostnega gospodarjenja z gozdovi, kjer je končni cilj ohranjanje biotske pestrosti. Razlike v gospodarjenju z gozdovi in skupni cilji v evropskih državah so posledica raznolikosti stanja območij, medtem ko zgodovina upravljanja in rabe zemljišč vpliva na trenutno stanje gozdov in njegovo genetsko pestrost. Genetski monitoring se osredotoča na dolgoročno sistematično opazovanje genetskih procesov v populaciji v dolgem časovnem obdobju in sklepa o stabilnosti pretoka genov in fenologije rastlin na podlagi starosti.

Naš namen v tem prispevku je zbrati potrebne protokole in specifikacije izbranih dejavnikov in kazalnikov gozdnega genetskega monitoringa za vrste, ki so bile izbrane kot pomembne za gozdna območja EU kot skupni cilj gozdnogospodarskih načrtov. Predlagamo tudi integracijo obstoječih protokolov gozdnogospodarskih načrtov, skladno z veljavno zakonodajo, okoljskega gospodarstva in izbranih ciljev.

Ključne besede: gozdni genetski monitoring, gozdnogospodarski načrti, podnebne spremembe, LIFE GENMON



Diferenciacija populacij ostrolistnega javorja (*Acer platanoides*) na regionalni ravni – postavljanje osnov za ohranjanje genskih virov te vrste v Avstriji

Desanka Lazic¹, Stefanie Pfattner¹, Dalibor Ballian², Jan-Peter George³, Mari Rusanen⁴, Heino Konrad¹

- 1 Austrian Research Centre for Forests (BFW)
- 2 University of Sarajevo
- 3 University of Tartu
- 4 Natural Resources Institute Finland (LUKE)

Ostrolistni javor (*Acer platanoides* L.) je široko razširjena gozdna drevesna vrsta v srednji in severni Evropi, vendar se pojavlja razpršeno. Po drugi strani je razširjena tudi kot okrasno drevo in se naturalizira na odlagališčih v mestnih okoljih. V razpravi o spremembi izbora gozdnih vrst, ki jo povzročajo podnebne spremembe, je ostrolistni javor v zadnjem času deležen večjega zanimanja zaradi sorazmerno dobre odpornosti proti suši (večje kot pri belem javorju). Zato je zanimiva vrsta za območja z visoko vsebnostjo karbonatov in za območja, kjer so druge drevesne vrste (npr. brest, jesen) uničili škodljivi organizmi. Tudi v Avstriji se je povpraševanje po sadikah povečalo, vendar pa je na voljo zelo malo domačega reprodukcijskega materiala (v povprečju več kot 95% sadik uvozijo iz sosednjih držav). Ta raziskava je bila izvedena z namenom identifikacije genetske pestrosti in strukture populacij ostrolistnega javorja v Avstriji, da bi postavili temelje za vzpostavitev ustreznih semenskih sestojev.

Ključne besede: populacijska genetika; Shiny; R; Bioinformatika

Politika in praksa pri ohranjanju FGM v izbranih državah transektu Lifegenmon

Hojka Kraigher¹, Vlatko Andonovski², Marko Bajc¹, Dalibor Ballian³, Maria Belovarska⁴, Rok Damjanić¹, Mladen Ivanković⁵, Milan Mataruga⁶, Saša Orlović⁷, Srdjan Stojnić⁷, Nataša Šibanc¹, Marjana Westergren¹

- 1 Gozdarski inštitut Slovenije (GIS), Slovenija
- 2 Faculty of Forestry, Ss. Cyril and Methodius University in Skopje, North Macedonia
- 3 Forestry Faculty, University of Sarajevo, Bosnia and Herzegovina
- 4 Executive Forests Agency, Ministry of Agriculture and Foods, Sofia, Bulgaria
- 5 Croatian Forest Research Institute, Jastrebarsko, Croatia
- 6 Faculty of Forestry, University of Banja Luka, Rep. Srpska, BiH
- 7 Institute of Lowland Forestry and Environment (ILFE), Novi Sad, Serbia

Gozdni genetski viri (FGR) se raztezajo čez državne meje. Da bi okrepili prilagoditveni potencial gozdov na spremenljive razmere v okolju, je pri pogozdovanju potrebno podpreti dopolnilno sadnjo provenienc, prilagojenih na možne razmere v prihodnosti, ter uporabo zelo raznolikega gozdnega reprodukcijskega material (FRM).

Učinkovitost FRM v določenih okoljih je mogoče preizkusiti le z dolgotrajnimi provenienčnimi poskusi. Provenienčne poskuse lahko v praksi nadomestimo z vrsto dobro zasnovane in dokumentirane redne dopolnilne sadnje v različnih režimih gospodarjenja z gozdovi. Za to bi glede na ciljno mesto sadnje po možnosti izbrali provenienc iz JV regij, v kolikor to dopuščajo zakonodajne osnove za trgovanje in uporabo FRM.

Ekipa LIFE GENMON je v vrsti delavnic tesno sodelovala s strokovnjaki iz vsake »transektne« države med Slovenijo in Grčijo, ki delujejo kot nacionalne kontaktne točke (NKT). NKT so zagotovile podrobne informacije o uspešnosti vsake od svojih provenienc gozdnega drevja v različnih okoljih, ter kontaktirale odgovorna ministrstva in druge pomembne deležnike na državni ravni. Med delavnicami smo preverili nacionalno zakonodajo za BiH (dve entiteti), Bolgarijo, Hrvaško, Severno Makedonijo in Srbijo. Dve omenjeni državi transektu sta del EU, 2 pa del sheme OECD za gozdno seme in rastline, za ostale pa je zakonodajo in nadzorne postopke še potrebno učinkovito uskladiti, da se bo v prihodnosti lahko uporabljala (in preizkušala) omejena količina FRM v provenienčnih poskusih znotraj EU.



Primerjava radialnih prirastkov in gostote lesa pri šestih različnih proveniencah bukve

Luka Krajnc, Peter Prislan, Jožica Gričar, Gregor Božič, Hojka Kraigher

Slovenijan Forest Institute

V mednarodnem provenienčnem poskusu na Kamenskem vrhu, Novo mesto, Slovenija smo pri 21-letnih drevesih bukve (*Fagus sylvatica* L.) ugotavljali širino drevesnih branik in gostoto lesa. Za vzorčenje smo izbrali šest različnih provenienc, tri s poreklom iz Slovenije (Postojna Mašun, Idrija-II / 2 in Postojna Javorniki) in tri, ki izvirajo iz drugih delov Evrope (Soignes iz Belgije, Val di Sella iz Italije in Nizbor s Češke). Gostoto lesa smo izmerili na 30 drevesih z uporabo rezistografa, medtem ko smo izvrtke odvzeli iz manjšega podvzorca 11 bukev. Izvrtke smo posušili, prilepili v nosilce, zbrusili ter izmerili širino branik. Prsni premeri dreves so bili med vzorčenimi proveniencami podobni. Čeprav je imela idrijska provenienca iz Slovenije največjo povprečno gostoto lesa, so bile vrednosti povprečne gostote med šestimi proveniencami relativno podobne. Večje razlike kot za povprečno gostoto lesa smo med proveniencami zabeležili za največjo in najmanjšo gostoto lesa. Pri primerjavi širine branik so bile med proveniencami opazne razlike. Na primer, v letu 2014 z nadpovprečnimi padavinami smo največji radialni prirastek ugotovili pri provenienci Soignes (5 mm) in najmanjši pri drevesih, ki izvirajo iz Val di Sella (3 mm), kar je 40% razlike. V letu 2017 s podpovprečno količino padavin je bil prirastek pri vseh proveniencah podoben, največja razlika je bila 0,5 mm med proveniencama Soignes in Idrija. Za natančnejše zaključke bo potrebna temeljitejša analiza pridobljenih vrednosti gostot.

Ključne besede: širina drevesnih branik, gostota lesa, bukev, provenience

Genetski monitoring populacij bukve z genetskimi in epigenetskimi markerji

Malliarou E.¹, Tourvas N.¹, Avramidou E.², Barbas E.¹, Alizoti P.¹, Aravanopoulos F.A.¹

1 Aristotle University of Thessaloniki, Greece

2 Institute of Mediterranean Forest Ecosystems, Athens, Greece

Genetski monitoring je orodje za proučevanje in raziskovanje s prognostično vrednostjo, ki zagotavlja zaščito procesov, ki ohranjajo genetsko pestrost v naravnih populacijah. Genetski monitoring smo uporabili v treh različnih razvojnih fazah naravne populacije bukve (*Fagus sylvatica*) (odrasla drevesa, pomlajevanje in semena). Na območju Neochori na Halkidiki smo izbrali dve poskusni ploskvi z različnimi značilnostmi. Vzorčenje je potekalo v časovnem merilu, v dveh različnih časovnih točkah v petletnem obdobju. Za oceno genetske pestrosti smo uporabili tri kombinacije 16 f-SSR označevalcev v 1971 vzorcih bukve (*Fagus sylvatica*) z obeh ploskev. Ugotovili smo 16 lokusov s povprečno 7,17 aleli na lokus. Delež polimorfnihi lokusov za obe ploskvi je bilo 98,96%. Poleg tega smo pri 219 drevesih bukve z nizke nadmorske višine s pomočjo polimorfizma posameznih nukleotidov proučevali potencialne prilagoditvene genetske spremembe, pri čemer smo uporabili 144 SNP, pridobljenih iz 58 genov, ki so vpleteni v mehanizme, povezane s toleranco na sušo. Skupno število bi-alelov, ki smo ga opazili pri odrasli populaciji, je bilo 269, pri populaciji pomlajevanja pa 263. Osem kombinacij f-MSAP označevalcev smo uporabili v 503 vzorcih z obeh ploskev. Dali so 1811 epigenetskih lokusov. Delež polimorfnihi epigenetskih lokusov je bil pri obeh sestojih 33,33%. Rezultati so pokazali, da proučevane populacije na splošno ohranjajo svojo genetsko pestrost in svoj prilagoditveni evlucijski potencial, vendar pa se mora postopek genetskega monitoringa nadaljevati kot proces v stalnem razvoju in znotraj okvirov, ki jih narekujejo trenutna spoznanja.

Ključne besede: označevalci SSR, označevalci MSAP, *Fagus*, pretok genov, genetska pestrost



Tvorba lesa pri bukvi pod pogoji podnebnih sprememb

P. Prislan¹, S. Rossi², M. De Luis³, K. Čufar⁴, J. Gričar¹

- 1 Gozdarski inštitut Slovenije (GIS), Slovenija
- 2 Laboratoire d'Écologie Animale et Végétale, Département des Sciences Fondamentales, Université du Québec à Chicoutimi, Canada
- 3 Departamento de Geografía, Universidad de Zaragoza, Spain
- 4 Biotehniška fakulteta, Department of Wood Science and Technology, Univerza v Ljubljani, Slovenija

Podnebni scenariji za Slovenijo kažejo na povišanje srednje letne temperature za 2 ° C v naslednjih šestih desetletjih v povezavi s spremembami sezonske porazdelitve padavin. Pomembno je razumeti vpliv spreminjajočih se okoljskih razmer na produktivnost ksilema in fenologijo tvorbe lesa pri navadni bukvi, ki je med najbolj razširjenimi vrstami v Evropi. Predvidevali smo, da segrevanje ozračja ter zmanjševanje padavin v rastni sezoni skrajšuje obdobje razvoja ksilema, kar bi omejevalo rast bukve v naslednjih desetletjih.

Na dveh lokacijah v Sloveniji smo tedensko spremljali tvorbo ksilema med letoma 2008 in 2016. Za oceno razmerja med podnebjem in rastjo z uporabo metode regresije delnih najmanjših kvadratov, za napovedovanje fenologije tvorbe ksilema ter letnih prirastkov ksilema v scenarijih podnebnih sprememb smo uporabili pričetek in konec povečevanja velikosti celic in tvorbe sekundarne celične stene ter rasti ksilema.

Ugotovljena je bila pozitivna korelacija spomladanskih fenoloških faz s temperaturami od marca do maja. Nasprotno so jesenske fenološke faze pokazale negativno korelacijo z avgustovsko in septembrsko temperaturo, medtem ko je visoka temperatura na začetku leta odložila prenehanje rasti. Glede na izbrane podnebne scenarije, bi fenološke faze lahko napredovale za 2 dni na desetletje spomladi in zamujale za 1,5 dneva na desetletje jeseni. Trajanje rastne sezone bi se lahko v naslednjih šestih desetletjih povečalo za 20 dni, kar bi imelo za posledico od 38% do 83% večje prirastke ksilema. Rast bukve naj bi se torej v pogojih segrevanja ozračja povečala, in sicer na območjih, za katera je značilna velika razpoložljivost vode.

Ključne besede: podnebne spremembe, produktivnost kambija, fenologija, PLS regresija, tvorba lesa, *Fagus sylvatica*

Od znanosti k praksi: vpeljava gozdnega genetskega monitoringa v politiko, predpise in gozdarsko prakso

Boris Rantaša, Andrej Breznikar, Živan Veselič, Marjana Westergren, Gregor Božič, Marko Bajc, Tjaša Baloh, Katja Kavčič Sonnenschein, Urša Vilhar, Peter Železnik, Domen Finžgar, Kristina Sever, Andreja Gregorič, Fotis Kiourtsis, Xrysi Sarvani, Evangelia Avramiodou, Ermioni Malliarou, Barbara Fussi, Mark Walter, Hojka Kraigher

LIFEGENMON (LIFE za Evropski sistem za genetski monitoring gozdov) je projekt za razvoj in izvajanje sistema za gozdni genetski monitoring (FGM). Z namenom izvajanja njegovih rezultatov v gozdarski praksi, gozdarskih in okoljskih predpisih, politiki in zakonodaji v različnih evropskih državah, je bilo načrtovanih in izvedenih veliko dejavnosti.

Projektna skupina LIFEGENMON je organizirala in se udeležila več mednarodnih in svetovnih delavnic za različne strokovne deležnike. To je doseglo vrhunec v skupnem dogodku LIFEGENMON in GenTree za deležnike (Solun, 2017), kjer so se zbrali relevantni strokovnjaki, deležniki, izvajalci in znanstveniki iz Evrope. Na dogodku smo spodbujali in olajšali razumevanje gozdnega genetskega monitoringa za na različni ravneh interesnih skupin.

V Sloveniji, Nemčiji, Grčiji in drugih evropskih državah smo organizirali nacionalne delavnice s ciljem prenosa znanja in dialoga z zainteresiranimi stranmi v različnih državah in regijah ter na vseh ravneh razprave - od akademikov do širše javnosti. Strokovne delavnice za gozdarske strokovnjake so predstavljale ogrodje ciljne diseminacije projekta, z njimi smo ozaveščali o ciljih in rezultatih projekta znotraj strokovne skupnosti.

Gradiva za različne deležnike smo objavili v tiskanih in e-publikacijah, na spletnih portalih, video posnetkih, pripravili smo otroške knjige in gradiva za učitelje, smernice, predstavitve itd. Poseben poudarek je bil na sodelovanju z mediji, da bi dosegli širše občinstvo in si ustvarili politično podporo za izvajanje sistema FGM.

Končni rezultati opravljenega dela bodo vidni po zaključku projekta, vendar se je usvajanje delov sistema FGM že začelo.

Ključne besede: gozdni genetski monitoring, delavnice, politika, zakonodaja, praksa, implementacija, diseminacija, LIFEGENMON



Nega gozdnih semenskih sestojev z virtualnim orodjem I+ Trainer

Kristina Sever¹, Andrej Breznikar¹, Rok Damjanić², Natalija Dovč², Andreas Schuck³, Sergey Zudin³, Hojka Kraigher²

- 1 Zavod za gozdove Slovenije (ZGS), Slovenija,
- 2 Gozdarski inštitut Slovenije (GIS), Slovenija,
- 3 European Forest Institute (EFI)

Elektronska pošta glavnega avtorja: kristina.sever@zgs.si

Delavnica Lifegenmon o negi semenskih sestojev je bila namenjena gozdarskim strokovnjakom s poudarkom na načrtovanju in izvajanju ukrepov nege gozdov v semenskih sestojih.

Bukov semenski sestoj Pri Studencu, ki se nahaja v Dvoru pri Žužemberku, je ploskev za gozdni genetski monitoring navadne bukve (*Fagus sylvatica*). Za prikaz načel nege gozdov v semenskih sestojih smo uporabili virtualno orodje I+ Trainer. S tem orodjem smo naredili navidezno izbiro dreves. Najpomembnejša merila, ki so vplivala na odločitev o izbiri dreves za sečnjo, so bili morfološki znaki drevesa, semenenje in struktura gozdnega sestoja. Poudarek je bil predvsem na ohranjanju najkakovostnejših dreves v sestoju in odstranjevanju dreves z negativnimi morfološkimi znaki (npr. dvojno deblo, ukrivljenost debla, asimetrija krošnje itd.).

I+ Trainer se uporablja skupaj z marteloskopi, ki so 1 ha velike ploskve za usposabljanje za izbiro dreves za sečnjo. Na teh ploskvah so oštevilčena vsa drevesa, določene so lokacije dreves in vsi parametri (v našem primeru prsni premer, višina, mikrohabitati ali različni fenotipski znaki). Vsa drevesa na ploskvi so prikazana v aplikaciji I+ Trainer, ki je nameščena na tabličnih računalnikih. S to aplikacijo udeleženci izberejo drevesa, ki jih je potrebno odstraniti, na koncu delavnice pa lahko pregledujemo in primerjamo rezultate različnih skupin.

Ključne besede: I+ trainer, virtualno orodje, semenski sestoj, delavnica, marteloskop

Genetski monitoring hibridogene jelke (*Abies borisii-regis*): interpretacija prvih časovnih in medgeneracijskih primerjav z uporabo genetskih označevalcev SSR

Tourvas N.¹, Malliarou E.¹, Westergren M.², Fussi B.³, Bajc M.², Kavaliauskas D.³, Barbas E.¹, Alizoti P.¹, Kiourtsis F.⁴, Kraigher H.², Aravanopoulos F.A.¹

- 1 Aristotle University of Thessaloniki, Greece
- 2 Gozdarski inštitut Slovenije
- 3 Bavarian Office for Forest Seeding and Planting, Germany
- 4 Decentralized Administration of Macedonia–Thrace, Greece

Abies borisii-regis Mattfeld je medvrstni križanec, ki je posledica introgresije med belo jelko (*Abies alba* Miller) in endemično grško jelko (*Abies cephalonica* Loudon). Hibridogene populacije vrste vključujejo križance in povratne križance, za njih pa pričakujemo, da se bodo na podnebne spremembe odzvale učinkoviteje z izkoriščanjem njihovega edinstvenega genetskega bazena, ki izvira iz dveh vrst, ki zasedata različni ekološki niši. Genetski monitoring gozdov (FGM) lahko razjasni učinke stresnih dejavnikov okolja, ki jih povzročajo podnebne spremembe, na to hibridogeno jelko v smislu demografije, pestrosti in diferencialne dinamike genoma.

V okviru projekta LifeGenMon smo vzpostavili ploskev za FGM borisove jelke (*Abies borisii-regis*) na gori Olympus v Grčiji. V letu 2015 smo vzorčili 250 odraslih dreves, 200 sadik iz naravne obnove in 400 semen, ter jih genotipizirali na 11 mikrosatelitskih lokusih. Poleg tega smo leta 2019 na vzorcu 200 sadik z iste ploskve ocenili genetsko pestrost.

V tem delu rezultati svojih analiz vrednotimo s primerjavami: (a) med tremi kohortami razvojnih faz, (b) med dvema časovnima vzorcema, ter (c) z ocenjevanjem razlik z objavljenimi podatki za bližnje populacije istega taksona.

Ključne besede: ohranitvena genetika, EU LifeGenMon project, FGM, genetska pestrost



Diseminacija projekta Lifegenmon za splošno javnost: zgodba o uspehu

Urša Vilhar, Filippos Aravanopoulos, Marko Bajc, Tjaša Baloh, Gregor Božič, Andrej Breznikar, Rok Damjanič, Natalija Dovč, Domen Finžgar, Barbara Fussi, Emilia Georgiadi, Tine Grebenc, Melita Hrenko, Fotios Kiourtsis, Ermioni Malliarou, Boris Rantaša, Chryse Sarvani, Katja Kavčič Sonnenschein, Nataša Šibanc, Barbara Štupar, Tina Unuk, Veronika Vodlan, Mark Walter, Laura Žižek Kulovec, Peter Železnik, Hojka Kraigher

Strategija diseminacije projekta LIFEGENMON se je osredotočila na promocijo gozdarstva, gospodarjenja z gozdovi, gozdne genetike in učinkov podnebnih sprememb na gozdove. Cilj je bil nagovoriti širšo javnost ter različne zainteresirane strani in oblikovalce politik. Da bi dosegli učinkovit prenos znanja, so bile dejavnosti diseminacije razdeljene v glavne ciljne skupine ob upoštevanju razlik v starosti, zanimanjih in stopnji znanja. Posebna pozornost je bila namenjena diseminacijskim dejavnostim za vrtčevske otroke in učence osnovnih in srednjih šol. Dejavnosti diseminacije za to ciljno skupino so doprinesle k znanju ne samo s poslušanjem in gledanjem, temveč tudi z dotikanjem, vohanjem in osebnimi izkušnjami v gozdu. Pojavil se je izziv: Kako lahko najučinkoviteje dosežemo otroke in učence? Odgovor projekta LIFEGENMON je bil: z dejavnostmi in učnimi materiali za vrtce, šole in družine. Uporabili smo pet različnih pristopov:

1. otroške knjige in risanke o gozdovih, gozdarstvu in gozdnih genskih virih z animacijami obogatene resničnosti,
2. delavnice in javni dnevi odprtih vrat za vrtce in šole, namenjeni otrokom, njihovim učiteljem in vzgojiteljem,
3. tečaji usposabljanja in učna gradiva za učitelje in vzgojitelje,
4. aplikacija za pametni telefon za otroke, njihove učitelje, vzgojitelje in starše,
5. dogodki za družine.

Z dejavnostmi in gradivi smo dosegli več kot 56.600 otrok, staršev, učiteljev in vzgojiteljev, ki so spoznali projekt LIFEGENMON in njegove rezultate, nekateri med njimi z več kot enim pristopom, ki je omogočil sinergijski učinek diseminacijskih dejavnosti.

Evolucijski potencial v naravni populaciji bukve

Marjana Westergren¹, Sylvie Oddou-Muratorio², Marko Bajc¹, Rok Damjanić¹, Natalija Dovč¹, Hojka Kraigher¹, Santiago C. González-Martínez³

1 Gozdarski inštitut Slovenije, Vecna Pot 2, 1000 Ljubljana, Slovenija

2 URFM, INRAE, 84914 Avignon, France

3 BIOGECO, INRAE, Univ. Bordeaux, 33610 Cestas, France

Lokalno preživetje naravnih populacij gozdnega drevja temelji na stalnih genetskih spremembah in njihovi sposobnosti za prilagajanje spreminjajočim se okoljem. Na naravni populaciji navadne bukve (*Fagus sylvatica*) v Sloveniji smo raziskovali selekcijske gradiente, dednost, razvojni potencial in selekcijski odziv. S 15 nuSSR smo genotipizirali odrasla drevesa (250), sadike (200) iz dveh različnih razmnoževalnih dogodkov in 400 semen, pridobljenih iz 20 materinskih dreves. Za vsa odrasla drevesa smo ocenili prilagoditvene lastnosti, povezane z rastjo, razmnoževanjem ter spomladansko in jesensko fenologijo. Z analizo starševstva smo ocenili učinkoviti reproduktivni uspeh ter pridobili približek za oceno življenjske moči. Za izračun selekcijskih gradientov smo uporabili log-linearne modele, ki korelirajo prilagoditvene lastnosti z življenjsko močjo.

Dednost smo ocenili z uporabo mešanih modelov na podlagi rodovnikov, rekonstruiranih z uporabo nuSSR. Raziskava je razkrila izkrivljen učinkoviti reproduktivni uspeh in značilne selekcijske gradiente. Dednost je bila nizka do zmerna in značilna za vse lastnosti. Nizka fenotipska pestrost fenoloških lastnosti v kombinaciji z zmernimi selekcijskimi gradienti so povzročili nizke odzive na izbor. Vendar je razvojni potencial za nekatere lastnosti dosegel do 20%, kar kaže na to, da se populacija lahko lokalno prilagodi novim razmeram.

Ključne besede: *Fagus sylvatica* L., selekcijski gradient, učinkoviti reproduktivni uspeh, rast, fenologija

PREDSTAVITVE PLAKATOV



Tehnične smernice za genetski monitoring črnega bora *Pinus nigra* Arnold

[Paraskevi Alizoti](#)¹, [Phil Aravanopoulos](#)¹, [Marko Bajc](#)², [Rok Damjanić](#)², [Barbara Fussi](#)³, [Darius Kavaliauskas](#)³, [Marjana Westergren](#)², [Hojka Kraigher](#)²

1 Aristotle University of Thessaloniki (AUTH), Greece

2 Gozdarski inštitut Slovenije (GIS), Slovenija

3 Bavarian Office for Forest Genetics (AWG), Germany

Evropski črni bor (*Pinus nigra* Arnold) je vetrocvetka, enodomna in večinoma prosto-oplodna vrsta, ki uspeva na visokih nadmorskih višinah. Je iglavec, ki je razširjen na celotnem mediteranskem območju, pa tudi v Avstriji, na Krimskem polotoku in območju Črnega morja. Široka razširjenost v širokem naboru okolij je privedla do morfološke in genetske diferenciacije, tako da je mogoče prepoznati pet medplodnih podvrst na območju naravne razširjenosti. Poleg tega številne populacije te vrste lahko štejemo za geografsko manjše ali ekološko manj pomembne, vendar ravno zato zelo pomembne za genetski monitoring ob podnebnih spremembah. Črni bor je dragocena ključna vrsta z visokim gospodarskim in ekološkim pomenom, ki proizvaja les visoke kakovosti in naravne obstojnosti. Zanj je značilna odpornost na abiotske stresne dejavnike, kot so slaba in slana tla, zmrzal, žled, močni vetrovi in suša. Zaradi vseh zgoraj navedenih razlogov je vrsta izredno primerna za genetski monitoring. Tehnične smernice vsebujejo vse podrobne informacije, potrebne za genetski monitoring črnega bora, zlasti pa informacije o ekologiji vrste, načinu razmnoževanja, grožnjah, vzpostavljanju in vzdrževanju ploskev genetskega monitoringa, kot tudi podrobne protokole za zapisovanje preveriteljev in kazalnikov genetskega monitoringa na osnovni, standardni in napredni ravni monitoringa. Cilj smernic je olajšati vzpostavitev omrežja ploskev za genetski monitoring po vsej Evropi, ki bi lahko dalo podrobne informacije o genetskem odzivu vrste, prilagoditvenem potencialu in omejitvah v odzivu na podnebne spremembe.

Ključne besede: ploskve za monitoring, preveritelji monitoringa, ravni genetskega monitoringa, genetski odgovor

Spremljanje fenologije z namenom ocenjevanja prilagoditvenega potenciala grške populacije borisove jelke *Abies borisii-regis* medletni spremenljivosti podnebnih razmer

Paraskevi Alizoti¹, George Rousakis², Pavlos Chasilidis², Pavlos Bekiaroglou², Petros Papapetrou², Nikos Tourvas¹, Evangelos Barbas¹, Darius Kavaliauskas³, Domen Finžgar⁴, Marjana Westergren⁴, Barbara Fussi³, Fotis Kiourtsis², Hojka Kraigher⁴, Filippos Aravanopoulos¹

1 Aristotle University of Thessaloniki (AUTH), Greece

2 Decentralized Administration of Macedonia & Thrace, General Directorate of Forests & Rural Affairs (DAMT), Greece

3 Bavarian Office for Forest Genetics (AWG), Germany

4 Gozdarski inštitut Slovenije (GIS), Slovenija

Monitoring fenoloških lastnosti lahko daje ključne informacije o sposobnosti posameznikov, populacije ali vrste, da se prilagodijo podnebnim spremembam s spreminjanjem začetka in trajanja bioloških dogodkov. Fenologija bi tako lahko služila kot pokazatelj ranljivosti gozdnega genetskega materiala ob podnebnih spremembah. Čas fenoloških dogodkov, kot so brstenje, cvetenje itd., narekuje okolje, fiziološki in genetski dejavniki. Faze fenoloških lastnosti npr. pričetek brstenja, ali cvetenja pa so dokazano pod močnim nadzorom genetskih dejavnikov. V predstavljenem delu smo povezali fenološke trende brstenja z medletno spremenljivostjo podnebnih razmer pri dveh generacijah grške populacije borisove jelke (*Abies borisii-regis*) na podlagi ocene 40 odraslih jelk in 200 osebkov iz naravnega pomlajevanja, ki rastejo na ploskvi za genetski monitoring LifeGenMon. Primerjava učinkovitosti posameznikov iz naravnega pomlajevanja in odraslih dreves lahko osvetli prilagoditveni potencial genetskega materiala na podnebne spremembe. Dodatno predstavljamo tudi rezultate cvetenja in njegove sinhronizacije v letih, ko je cvetenje potekalo, pri čemer smo testirali, ali je bila zahteva po slučajnem opráševanju (panmiksiji) izpolnjena, kar označuje pričakovano stopnjo genetske pestrosti v pridelanem semenu.

Ključne besede: EU projekt LifeGenMon, ploskev za monitoring, cvetenje, brstenje, odrasli v primerjavi z naravnim pomlajevanjem

Ocena odgovora grške populacije bukve *Fagus sylvatica* medletni spremenljivosti podnebnih razmer s spremljanjem fenologije različnih bioloških lastnosti

Paraskevi Alizoti¹, Ermioni Malliarou¹, Pavlos Bekiaroglou², Chryse Sarvani², Pavlos Chasilidis², Emilia Georgiadi², Evangelos Barbas¹, Darius Kavaliauskas³, Domen Finžgar⁴, Marjana Westergren⁴, Barbara Fussi³, Fotios Kiourtsis², Hojka Kraigher⁴, Filippos Aravanopoulos¹

1 Aristotle University of Thessaloniki (AUTH), Greece

2 Decentralized Administration of Macedonia & Thrace, General Directorate of Forests & Rural Affairs (DAMT), Greece

3 Bavarian Office for Forest Genetics (AWG), Germany

4 Gozdarski inštitut Slovenije (GIS), Slovenija

Fenološki monitoring je orodje za oceno premikov fenofaz bioloških pojavov zaradi medletne spremenljivosti podnebja. Na fenologijo vplivajo okoljski, fiziološki in genetski dejavniki. Fenološki monitoring je torej bistvenega pomena za razumevanje, kako se genetski material (vrste, populacije ali celo posamezni osebki) odziva na spreminjanje okoljskih parametrov in ugotavljanje morebitnih omejitev pri tem odzivu. Zlasti fenologija cvetenja in njegova sinhronizacija določata ravni genetskih razlik v pridobljenem semenskem materialu. Posledično lahko dolgotrajna odstopanja v cvetenju zaradi podnebnih sprememb privedejo do zmanjšane genetske pestrosti semen in s tem tudi naravnega pomlajevanja. Zaradi vseh zgoraj navedenih razlogov smo v okviru EU projekta LifeGenMon spremljali fenologijo različnih bioloških pojavov (tj. brstenja, senescence listov, cvetenja ženskih in moških cvetov) na grški ploskvi za monitoring bukve (*Fagus sylvatica*), ki se nahaja na območju polotoka Halkidiki. V pričujočem delu bomo predstavili fenološke trende brstenja, senescence listov, cvetenja ženskih in moških cvetov v štirih zaporednih letih. Prikazali bomo povezavo med rezultati za vse preučevane lastnosti, pridobljene s spremljanjem istih 40 odraslih dreves, ki rastejo na ploskvi za monitoring, in medletnimi podnebnimi razlikami, zabeleženimi na lokaciji. Razpravljali bomo o odzivu genetskega materiala na podnebne dejavnike, kot ga določa fenologija začetka in konca obdobja rasti ter začetek, trajanje ter konec cvetenja ženskih in moških cvetov ter o morebitnih posledicah, ki izhajajo iz fenoloških neskladij zgoraj navedenih bioloških pojavov.

Ključne besede: EU projekt LifeGenMon, ploskev za monitoring, cvetenje, brstenje, senescenca listov



Razmejitev regij za gozdni genetski monitoring na transektu med Bavarsko in Grčijo

Filippos A. Aravanopoulos¹, Marjana Westergren², Barbara Fussi³, Evangelia V. Avramidou¹, Roland Baier³, Gregor Božič², Ioannis V. Ganopoulos¹, Darius Kavaliauskas³, Monika Konnert³, Ermioni S. Malliarou¹, Vladko Andonovski⁴, Dalibor Ballian⁵, Mladen Ivanković⁶, Davorin Kajba⁷, Heino Konrad⁸, Saša Orlović⁹, Fotios Kiourtsis¹⁰, Sandor Bordac¹¹, Živan Veselič¹², Andrej Breznikar¹², Hojka Kraigher²

1 Aristotle University of Thessaloniki, University Campus, GR-54124 Thessaloniki,

2 Gozdarski inštitut Slovenije, Večna pot 2, SI-1000 Ljubljana,

3 Bavarian Office for Forest Genetics, Forstamtsplatz 1, DE-83317 Teisendorf,

4 University Ss. Cyril and Methodius, Faculty of Forestry, NMK-1000 Skopje,

5 University of Sarajevo, Faculty of Forestry, Zagrebačka 20, BA-71000 Sarajevo.

6 Croatian Forest Research Institute, Cvjetno naselje 41, 10450, Jastrebarsko,

7 University of Zagreb, Faculty of Forestry, Svetošimunska 25, HR-10000 Zagreb,

8 Federal Research and Training Centre for Forests, Natural Hazards and Landscape, Hauptstraße 7, A-1140 Vienna,

9 Institute of Lowland Forestry and Environment, Antona Čehova 13, RS-21000 Novi Sad,

10 Decentralized Administration of Macedonia – Thrace, GR-54008 Thessaloniki,

11 Szent Istvan University, Godollo,

12 Zavod za gozdove Slovenije, Večna pot 2, SI-10000 Ljubljana

Ohranjanje in upravljanje gozdnih genskih virov za trajnostno rabo je ključna, a ne lahka naloga, zato so za pravočasno prepoznavanje stanja in sprememb v njihovi sestavi potrebna posebna orodja, kot je genetski monitoring gozdov. Ker so sredstva omejena, je ena od osnovnih zahtev za izvajanje gozdnega genetskega monitoringa razmejitev območij za monitoring, to je regij, kjer bi bilo potrebno genetski monitoring izvajati, da bi dosegli največji učinek. V okviru projekta smo to storili za sedem drevesnih vrst ali kompleksov vrst, ki se po svoji biologiji in razširjenosti razlikujejo (*Fagus sylvatica*, *Abies alba* / *A. borisii-regis* kompleks, *Fraxinus excelsior*, *Populus nigra*, *Pinus nigra*, *Prunus avium*, *Quercus robur* / *Q. petraea* kompleks). Merila za izbiro in razmejitev regij za monitoring so bila: (i) enaka pokritost okoljskih con, (ii) pokritost različnih ras ali ekotipov ter vključitev robnih ter manjših/manj pomembnih populacij (glede na geografsko širino in nadmorsko višino) na prednjem in zadnjem robnem območju razširjenosti, (iii) vsaka regija naj po možnosti vključuje že določene enote za dinamično ohranjanje genov (EUFGIS), (iv) znana stopnja obstoječe genetske pestrosti (v) enakomerna pokritost obstoječe genetske strukture in rekolonizacijskih poti, (vi) lokalno strokovno znanje gozdne tipologije, vitalnosti in vrednosti (biotska pestrost, gospodarska) populacij. Ugotovljenih je bilo šest do devet regij za monitoring na vrsto / kompleks vrst.

Monitoring načrtov za prilagoditev podnebnim spremembam s pomočjo kazalnikov: projekt LIFEGRIN, primer iz Grčije

Evangelia V. Avramidou^{1*}, Alexandra D. Solomou¹, Evangelia Korakaki¹, Konstantinia Tsagkari¹, Nikolaos Proutsos¹, George Karetsos¹, Aimilia B. Kontogianni², Nikolaos Gounaris², Konstantinos Kontos², Christos Georgiadis^{1,2}, Despoina Vlachaki²

1 Institute of Mediterranean & Forest Ecosystems, Hellenic Agricultural Organization DEMETER, Athens, Greece

2 Homeotech Co, Thessaloniki, Greece

*Kontakt: aevaggelia@yahoo.com

V mestih po vsem svetu temperature že naraščajo zaradi podnebnih sprememb in učinka mestnega toplotnega otoka. Pomen razumevanja vpliva podnebnih sprememb na mestno okolje bo z naraščajočo urbanizacijo še narastel. Mesta se že očitno soočajo z neugodnim podnebjem zaradi antropogenih vplivov, odgovornih za spreminjanje naravnih razmer na površinah in v ozračju. Ti vplivi segajo od mikro (npr. zamenjava dreves s parkiriščem) do makro ravni (npr. učinki ogljikovega dioksida na globalno podnebje z zgorevanjem in emisijami fosilnih goriv). V Grčiji 49% prebivalstva živi v mestih različnih velikosti. Urbanizacija ima resne okoljske, družbene in ekonomske vplive na mesta, saj zgradbe znatno prispevajo k porabi energije in emisijam CO₂. Prilagajanje strateškega načrta upravljanja za monitoring urbanih zelenih površin (UGA) v zvezi s podnebnimi spremembami vključuje spremljanje kazalnikov, ki lahko sledijo prilagoditvam v mikro- in makro- časovnem okviru. Med krizo pandemije COVID 19 so bile UGA za prebivalce mest edina možnost za dejavnosti na prostem. Kot primer bomo predstavili projekt LIFEGRIN, ki se izvaja v Grčiji v dveh občinah. Natančneje, predstavili bomo kazalnike, ki se uporabljajo za spremljanje prilagajanja UGA podnebnim spremembam. Poudarjen je pomen monitoringa in ocenjevanja načrtov za ublažitev, prilagajanje in odpornost UGA in mest z namenom zagotavljanja trajnostnega življenja prebivalcem mest.



Medlaboratorijska primerjava mikrosatelitskih podatkov. Pristop uporabljen v projektu Lifegenmon

Marko Bajc¹, Barbara Fussi², Evangelia V. Avramidou³, Marjana Westergren¹, Darius Kavaliauskas², Ermioni Malliarou³, Anna-Maria Farsakoglou³, Filippos A. Aravanopoulos³, Hojka Kraigher¹

- 1 Gozdarski inštitut Slovenije, Slovenija
- 2 Bavarian Office for Forest Genetics (AWG), Germany
- 3 Aristotle University of Thessaloniki (AUTH), Greece
- 4 Institute of Mediterranean Forest Ecosystems, DEMETER, Greece
- 5 European Forest Institute, Spain

Projekt LIFE GEN MON je skupno prizadevanje Slovenije, Nemčije in Grčije za izvedbo sistema gozdnega genetskega monitoringa navadne bukve (FGM) (*Fagus sylvatica* L.) in bele jelke/borisove jelke (*Abies alba* Mill. / *Abies borisii-regis* Maff.) na osnovi mikrosatelitskih označevalcev (SSR). Na opaženo velikost alela v fragmentni analizi mikrosatelitskih označevalcev lahko vplivajo fluoroforna barvila, DNK polimeraza, pogoji PCR, ločevalni polimeri, elektroforetski pufri, platforme za detekcijo in človeški faktor. Da bi raziskave z uporabo mikrosatelitskih označevalcev lahko ponavljali, neposredno primerjali ali hkrati izvajali v različnih laboratorijih, je potrebna predhodna prilagoditev surovih podatkov. V ta namen so institucije, ki sodelujejo v projektu LIFE GEN MON, vzpostavile in opravile zanesljiv medlaboratorijski primerjalni test. Predstavili bomo uporabljen metodologijo in ugotovitve medlaboratorijske primerjave mikrosatelitskih podatkov v projektu LIFE GEN MON.

Čeprav medlaboratorijska primerjava ni nujna za vzpostavitev sistema FGM, je potrebna v primeru, če se bo genetski monitoring na osnovi SSR na prostorskih skalah ali na celotnem naravnem območju razširjenosti vrst izvajal v različnih laboratorijih, zaradi česar je ta formalna vaja izjemnega pomena za pravilno in zanesljivo genetsko analizo.

Ključne besede: mikrosateliti, medlaboratorijska primerjava, gozdni genetski monitoring

Genetska pestrost, sorodnost in reproduktivno prostorsko vedenje pri dveh pogostih vrstah kopitarjev

Aja Bončina¹, Laura Iacolina¹, Sandra Potušek¹, Boštjan Pokorny^{2,3}, Elena Bužan¹

1 Univerza na Primorskem, Fakulteta za matematiko, naravoslovje in informacijske tehnologije, Oddelek za biodiverzitetu, Koper, Slovenija

2 Visoko šolo za varstvo okolja, Velenje, Slovenija

3 Gozdarski inštitut Slovenije, Ljubljana, Slovenija

Srna (*Capreolus capreolus* L.) in divji prašič (*Sus scrofa* L.) sta najbolj razširjena kopitarja v Evropi in Sloveniji. Velikost populacij obeh vrst se po vsej Evropi povečuje zaradi visoke stopnje razmnoževanja in preživetja, skupaj z veliko plastičnostjo, ki jima omogoča kolonizacijo tudi (pol)urbanega okolja. Obe vrsti imata poliginozno strategijo parjenja, disperzijo mladih samcev, izrazita reproduktivna gibanja (npr. paritvene ekskurzije srn) in močnejše socialne vezi v ženskih skupinah. Da bi preučili njihovo genetsko strukturo, sorodnost in reproduktivno prostorsko vedenje na 2600 ha velikem lovišču (Oljka, Šmartno ob Paki; Savinjsko-Kozjansko lovsko upravljalsko območje) v osrednji Sloveniji, smo uporabili mikrosatelite (13 za srno in 14 za divjega prašiča). Analizirali smo 61 osebkov srnjadi in 30 osebkov divjih prašičev (obeh spolov in vseh starostnih razredov), uplenjenih v rednih lovnih sezonah od 2017 do 2019. Raziskovali smo genetsko pestrost obeh vrst in testirali sorodstvene vezi s programom Cervus 3.0 da bi razložili prostorsko vedenje posameznikov (npr. sezonska disperzija) in določili potencialni vpliv prostorskih ovir na pretok genov. S točno vedenjem lokacije (koordinate) izlova katere koli posamezne živali, pridobljene iz lovsko-informacijskega sistema smo skupaj s podatki o sorodstvu dobili vpogled v ekološke in vedenjske značilnosti obeh vrst (npr. sezonska disperzija in družbene skupine). Potencial molekularnih označevalcev za razjasnitev sorodnosti med posamezniki lahko močno vpliva na upravljanje s populacijami, pa tudi na razumevanje in napovedovanje celovitih ekoloških učinkov upravljavskih odločitev, kot so omilitveni ukrepi za nadzor širjenja bolezni.

Ključne besede: kopitarji, genetska pestrost, mikrosateliti, upravljanje s populacijami



Smernice za izvedbo genetskega monitoringa črnega topola (*Populus nigra* L.)

Gregor BOŽIČ¹, Sandor BORDACS², Berthold HEINZE³, Natalija DOVČ¹, Filippos ARAVANOPOULOS⁴, Marjana WESTERGREN¹, Marko BAJC¹, Dalibor BALLIAN^{1,6}, Darius KAVALIAUSKAS⁵, Rok DAMJANIĆ¹, Zvonimir VUJNOVIĆ⁷, Barbara FUSSI⁵, Hojka KRAIGHER¹

1 Gozdarski inštitut Slovenije, Slovenija,

2 Szent Istvan University, Hungary,

3 Federal Research and Training Centre for Forests, Natural Hazards and Landscape (BFW), Austria,

4 Aristotle University of Thessaloniki (AUTH), Greece,

5 Bavarian Office for Forest Genetics (AWG), Germany,

6 University of Sarajevo, Forestry Faculty, Bosnia and Herzegovina,

7 Croatian Forest Research Institute (CFRI), Croatia

Evropski črni topol je ekološko pomembna hitro rastoča in kratkoživa listopadna gozdna drevesna vrsta mešanih obrežnih gozdov s fiziološko prilagoditvijo, ki ji omogoča kolonizacijo odprtih območij po motnjah in preživetje sprememb, povezanih z dinamičnim rečnim sistemom. Naravno tvori metapopulacije medsebojno povezanih lokalnih populacij in ne izoliranih populacij. Da bi zagotovili reprezentativno vzorčenje v celotni metapopulaciji, je pomembno oblikovati sistem genetskega monitoringa z naključno izbranimi ploskvami za monitoring za spremljanje odraslih dreves v lokalnih populacijah in njihovih naravnih regeneracijskih središčih ob rečnem sistemu. Genetsko identifikacijo dreves črnega topola *Populus nigra* (L.) je treba opraviti z uporabo diagnostičnih DNK označevalcev. Ploskev za FGM mora vključevati 50 zrelih (razmnožujočih se) genetsko različnih dreves *Populus nigra* (L.) v razmerju spolov 1: 1 moških in ženskih dreves.

Ploskev za monitoring v vsaki lokalni populaciji mora vključevati najmanj 20 odraslih dreves na razdalji največ 5 km. Načrtovanje vzorčenja naravne regeneracije sledi konceptu metapopulacije multiplih regeneracijskih centrov (podploskve), da zajamemo celotno genetsko pestrost evropskega črnega topola in ocenimo nevarnost introgresije genov in križanja s tujerodnimi vrstami topolov ter topoli s poreklom iz Lombardije na danem območju. Možne podploskve naravnih regeneracij je potrebno pogosto spremljati od aprila do junija. V primeru, da se pojavijo nove sadike, jih je potrebno takoj vzorčiti. Glavna ovira FGM v primeru evropskega črnega topola je najti habitate, kjer lahko prihaja do naravnega križanja ter potomci lahko najdejo primerne srednje do dolgoročne razmere.

Ključne besede: Evropski črni topol, *Populus nigra* L., gozdni genetski monitoring, metapopulacija

Prvi vpogled v variabilnost MHC genov (razreda II) pri srni v Sloveniji

Elena Bužan^{1,2}, Sandra Potušek¹, Boštjan Pokorny^{2,3}

1 Univerza na Primorskem, Fakulteta za matematiko, naravoslovje in informacijske tehnologije, Glagoljaška 8, 6000 Koper, Slovenija

2 Visoka šola za varstvo okolja, Trg mladosti 7, 3320 Velenje, Slovenija

3 Gozdarski inštitut Slovenije, Večna pot 2, 1000 Ljubljana, Slovenija

Geni poglobitnega kompleksa tkivne skladnosti (MHC) so pomemben genetski označevalec za preučevanje procesov prilagoditvene evolucije pri različnih vrstah. Visoka stopnja polimorfizma, opažena pri teh genih, je lahko posledica povečane potrebe organizmov po prepoznavanju različnih patogenov, ki se zaradi koevolucije z gostiteljem izognejo temu, da bi jih imunski sistem prepoznal. Pri nekaterih vrstah ima tudi potencialno vlogo pri večjem uspehu parjenja (ali pri izogibanju parjenju v sorodstvu). Cilj naše študije je bil preučiti prostorsko porazdelitev alelne pestrosti na eksonu 2 lokusa MHC razreda II DRB z uporabo sekvenciranja naslednje generacije (Ion Torrent S5, Thermo Fisher) pri srni (*Capreolus capreolus*). Srna je najbolj razširjen in številčen veliki sesalec v Sloveniji. Pri 93 analiziranih osebkih, ulovljenih v obdobju 2013–2019, smo identificirali 14 alelov. Dva od teh alelov so že prej našli pri srnjadi v Evropi, medtem ko je bilo na novo identificiranih preostalih 12 alelov.

Število variabilnih mest nukleotidov v odkritih alelih je bilo 28 (11,0%) in število variabilnih položajev aminokislin v prevedenih zaporedjih je bilo 17 (20,4%). Najpogostejši alel, Caca0301ekson 2, je bil ugotovljen pri 51,6% osebkov; 6 alelov je bilo prisotnih vsak samo pri posameznem osebku. Naši rezultati dokazujejo prisotnost različnih kopij pomnoženega tarčnega odseka gena MHC razreda II pri istih osebkih, kar nakazuje da je pri srnjadi MHC razreda II DRB kompleksen večlokusni sistem z visoko stopnjo polimorfizma.

Ključne besede: srna, geni, poglobitni kompleks tkivne skladnosti, sekvenciranje naslednje generacije, alelna pestrost



Metode fenološkega monitoringa listov kot podpora gospodarjenju v odpornih bukovih gozdovih: dejavnost mreženja med Life AForClimate in LIFE GEN MON projektom

Monteverdi M.C.¹, Proietti R.¹, Antonucci S.^{2,4}, Garfi V.³, Castaldi C.¹, Damjanić R.⁵, Dovč N.⁵, Božič G.⁵, Chiavetta U.¹

- 1 CREA, Research Centre for Forestry and Wood, Arezzo (Italy)
- 2 Dipartimento di Agricoltura Ambiente ed Alimenti, Università degli Studi del Molise, Campobasso (Italy)
- 3 Dipartimento di Bioscienze e Territorio, Università degli Studi del Molise, Pesche (IS) (Italy)
- 4 Centro di Ricerca per le Aree Interne e gli Appennini (ArIA), Campobasso (Italy)
- 5 Gozdarski inštitut Slovenije, Večna pot 2, Ljubljana, 1000, Slovenija

Tradicionalni monitoring foliarne fenologije zadeva in situ opazovanja posameznih dreves, medtem ko tehnike daljinskega zaznavanja omogočajo analizo medletnih variacij vegetacije v širšem geografskem obsegu. Tradicionalne metode omogočajo pravočasno spremljanje, vendar zahtevajo stalen pregled med rastno sezono. Daljinsko spremljanje je cenejše, kljub temu pa bi tudi v primeru uporabe satelitov z visoko časovno ločljivostjo morebitna prisotnost oblakov lahko ogrozila pridobivanje podatkov.

Projekt Life AForClimate omogoča spremljanje fenologije listov v dveh bukovih sestojih v osrednjih Apeninih in primerja in situ metodo z metodo oddaljenega spremljanja v različnih sektorjih. V sklopu mreže dejavnosti projekta LIFE GEN MON, je bil vključen še en bukov stoj iz Slovenije kjer je folarna fenologija del gozdnega genetskega monitoringa. Glavni cilji so izboljšati učinkovitost raziskave in oceniti možne učinke na okolje in upravljanje.

Izvajali smo monitoring fenologije listov, s spomladanskimi tedenskimi opazovanji na kraju samem na 80 prevladujočih drevesih na območju projekta AForClimate in na 250 ali 500 drevesih na območju projekta LIFE GEN MON v letih 2018 in 2019. Za ocene izpiranja / splakovanja brstov je bila sprejeta sintetična fenološka lestvica s 5 ocenami. Poleg tega je bila fenologija listov nadzorovana s sistemom za daljinsko zaznavanje SAR (Synthetic Aperture Radar).

Rezultati so pokazali značilno različno dolžino vegetativnega spomladanskega obdobja med mesti obravnavanja, ki sega od mirujočih brstov do popolnoma razprtih listov. Z oceno SAR ta študija kaže, da je mogoče izločanje spremljati z izjemno natančnostjo (RMSE <4 dni) z geometrijsko ločljivostjo 10 m.

Ključne besede: fenologija listov; SAR, daljinsko zaznavanje; podnebne spremembe; *Fagus sylvatica*

Uporaba baz podatkov za gozdni genetski monitoring (FGM) v okviru projekta LIFE GENMON

Rok Damjanić¹, Domen Finžgar², Natalija Dovč¹, Marko Bajc¹, Marjana Westergren¹, Darius Kavaliauskas³, Barabra Fussi³, Filippos A. Aravanopoulos⁴, Hojka Kraigher¹

1 Gozdarski inštitut Slovenije, Slovenija

2 Forest Research, UK

3 Bavarian Office for Forest Genetics (AWG), Germany

4 Aristotle University of Thessaloniki (AUTH), Greece

Baze podatkov (tj. zbirka podatkov) so nabori podatkov, ki so razporejeni v tabele in vrstice, podobno kot Microsoft Excel ali drugi podobni programi, vendar medsebojno povezani v odnosih. Tabele imajo svojo vnaprej določeno strukturo, ki zagotavlja pravi format in vrstni red podatkov. Uporabnik sistematično in urejeno vnaša podatke v zbirko podatkov prek obrazcev. Tabele baz podatkov imajo v primerjavi z Microsoft Excel običajno zelo stroga pravila ali vrsto omejitev integritete, ki določajo, katere podatke in kako jih je mogoče vstaviti. To je zelo pomembno za izključitev napak pri vnosu in za upoštevanje vnaprej določenih protokolov. To niso edine napake, ki se jim lahko izognemo z uporabo zbirke podatkov, na primer Ziemann in sod., 2016 so s programskim pregledom vodilnih revij s področja genomike pokazali, da približno petina prispevkov z dopolnilnimi Excelovimi genskimi seznanji vsebujejo napačne pretvorbe imen genov.

V FGM imamo opravka z različnimi vrstami podatkov, npr. genetski, fenološki, meteorološki podatki in drugimi terenskimi podatki. Za zagotovitev celovitosti podatkov s toliko vrstami podatkov in različnimi protokoli je potreben sistem baz podatkov. Glede izbire baze podatkov obstaja veliko možnosti. V programu LIFE GENMON sta bila preizkušena dva sistema za upravljanje z bazami podatkov: Open Foris in samostojna baza podatkov PostgreSQL. Predstavljena bo organizacija in osnovna shema baze podatkov.

Ziemann, M., Eren, Y. in El-Osta, A. Gene name errors are widespread in the scientific literature. *Genome Biol* 17, 177 (2016). <https://doi.org/10.1186/s13059-016-1044-7>



Razvoj sistema vzorčenja v okviru projekta LIFE GEN MON

Natalija DOVČ¹, Rok DAMJANIĆ¹, Marko BAJC¹, Marjana WESTERGREN¹, Darius KAVALIAUSKAS², Dalibor BALLIAN^{1,3}, Filippos ARAVANOPOULOS⁴, Barbara FUSSI², Hojka KRAIGHER¹

- 1 Gozdarski inštitut Slovenije (GIS), Slovenija
- 2 Bavarian Office for Forest Genetics (AWG), Germany
- 3 University of Sarajevo, Forestry Faculty, Bosnia and Herzegovina
- 4 Aristotle University of Thessaloniki (AUTH), Greece

V projektu LIFE GEN MON se razvija sistem za gensko spremljanje gozdov (FGM). FGM ploskev je osnovna enota, kjer se izvaja gensko spremljanje; je osnova za vsa naslednja dela. Zato je bistvenega pomena, da je poskusna ploskev dobro zasnovana in lahko z najprimernejšim naporom daje najustreznejše rezultate. Med projektom se je zasnova vzorčenja precej spremenila. Na začetku projekta je bila po protokolu vzpostavljena poskusna ploskev, kjer je bilo naključno izbranih 250 dreves v intenzivnem odseku 100 x 100 m. Če je bila gostota dreves prenizka, da bi dosegla število 250 dreves, so bila preostala drevesa vključena v obsežni odsek 200 x 200 m. Med prvo oceno ploskve za spremljanje bukve so se pojavila vprašanja o ustreznosti opisane zasnove, ker nima nekaterih statističnih konceptov vzorčenja in zato postavlja reprezentativnost pod vprašaj. Da bi čim bolj objektivno ocenili gensko raznolikost in njene spremembe skozi čas, je bila zasnovana alternativna zasnova vzorčenja, ki ustreza statističnim merilom ponovitev, neodvisnosti, naključnosti in razpršenosti. Alternativni načrt vzorčenja je sestavljen iz 5 parcel s po 50 odraslimi drevesi na vsakem, naključno porazdeljenih po celotnem sestoj. Nato se je zaradi odločitve o zmanjšanju velikosti vzorca na 50 dreves odločil, da se uporabi alternativni pristop vzorčenja z eno ploskev FGM, znotraj katere je naključno izbranih 50 odraslih dreves in 50 naravnih dreves za obnovo.

Fenološka opazovanja v okviru projekta LIFE GENMON v Sloveniji

Natalija Dovč¹, Rok Damjanič¹, Marjana Westergren¹, Janez Kermavnar¹, Domen Finžgar², Melita Hrenko¹, Gregor Božič¹, Paraskevi Alizoti⁴, Darius Kavaliauskas³, Filippos Aravanopoulos⁴, Barbara Fussi³, Hojka Kraigher¹

1 Gozdarski inštitut Slovenije, Slovenija

2 Forest Research, UK

3 Bavarian Office for Forest Genetics (AWG), Germany

4 Aristotle University of Thessaloniki (AUTH), Greece

Fenološka opazovanja so pomemben del projekta LIFE GENMON. Fenologija je zelo pomembna prilagoditvena značilnost, ki določa rastno dobo in razmnoževalno obdobje rastlinskih vrst. Podnebne spremembe, z njimi povezana naraščajoča temperatura in pozno pomladanska škoda zaradi zmrzali so glavni razlogi, da se fenologija skozi leta spreminja. Zaradi njegove pomembnosti so bile med verifikacijo pri izbiri indikatorjev vključene fenofaze cvetenja in ploditve, medtem, ko so prekinitve brstov in staranje služile kot osnovna informacija, ki pomaga razlagati druge verifikacije. Spremljanje fenoloških faz se od leta 2016 izvaja na dveh ploskvah gozdnega genetskega monitoringa (FGM) in sicer na ploskvi za navadno bukvijo (*Fagus sylvatica* L.) in na ploskvi z belo jelko (*Abies alba* L.). Letni monitoring vključuje prelom brstov, cvetenje in rodnost obeh vrst ter dodatno še senescence navadne bukve. Na začetku projekta so bila opravljena fenološka opazovanja na 40 drevesih na obeh ploskvah FGM, od leta 2017 pa je bil monitoring fenologije razširjen na 250 dreves na ploskvi FGM navadne bukve. Leta 2019 je bil v sestoji navadne bukve vzpostavljen in preizkušen alternativni načrt vzorčenja za FGM, iz katerega so z opazovanjem dodali dodatnih 50 dreves. Število dreves bele jelke je v celotnem obdobju spremljanja fenologije ostalo pri številki 40. Predstavljeni bodo zbrani podatki fenoloških opazovanj na ploskvah FGM v Sloveniji. Ker so fenološke spremenljivke občutljive na podnebne razmere, bodo prikazane skupaj z meteorološkimi parametri, da bomo videli, kako vplivajo na fenološki razvoj in njegovo medletno spremenljivost.

Ključne besede: fenologija, monitoring, LIFE GENMON, Slovenija



Izolacija eksogene glivične DNA iz neinvazivnih vzorcev

Luka Duniš¹, Felicita Urzi¹, Etian Nedić¹, Irena Maček^{1,4}, Boštjan Pokorny^{2,3}, Elena Bužan¹

1 Univerza na Primorskem, Fakulteta za matematiko, naravoslovje in informacijske tehnologije, Koper, Slovenija

2 Visoka šola za varstvo okolja, Velenje, Slovenija

3 Gozdarski inštitut Slovenije, Ljubljana, Slovenija

4 Biotehniška fakulteta, Ljubljana, Slovenija

Mikorizne glive so simbioti velike večine kopenskih rastlin. Simbiotsko razmerje omogoča izmenjavo hranilnih snovi skupaj z drugimi koristmi mikorizacije za rastline. Veliki sesalci so s svojimi procesi (tj. prehrana in izločanje, zoohorija) pomembni vektorji za prenos in razširjanje gliv znotraj in med različnimi okolji. Preizkusili smo učinkovitost dveh različnih izolacijskih kompletov (Qiagen QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit in Qiagen DNeasy PowerSoil Kit) za ekstrakcijo glivične DNA srne (*Capreolus capreolus*) in rdečega jelena (*Cervus elaphus*). Učinkovitost kompletov smo ocenili z merjenjem koncentracije izolirane DNA in z uspehom amplifikacije z uporabo arbuskularnih mikoriznih primerjev NS31 in AM1 za 18S regijo ribosomske RNA. Amplikone 550 bp mikorizne DNA smo izolirali in ojačali, z uporabo qPCR pa smo optimizirali temperature žarjenja PCR. Kar zadeva boljše PCR ojačitev, so naši rezultati pokazali, da Qiagen DNeasy PowerSoil Kit deluje bolje kot Qiagen QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit. Z analizo dolžine amplikonov smo razkrili, da so iztrebki divjih parkljarjev lahko koristno orodje v okoljski genetiki, na primer kot vir glivične DNA, ki omogoča preučevanje morebitnerazpršitve mikoriznih gliv pri živalih in drugih ekoloških interakcij (npr. prehranskih preferenca in uživanja glive, razlogi za ritje divjih prašičev, prenos gliv z zoohorijo) v kopenskih ekosistemih.

Ključne besede: arbuskularna mikoriza, glive, divji parkljarji, jeleni, izolacija DNA, 18S, PCR

Genetski monitoring izdelkov smreke Britanske sitke (*Picea sitchensis* (Bong.) Carr) v programu vzgoje

Domen Finžgar¹, Gustavo Lopez², Joan Cottrell², Richard Ennos¹

1 Institute of Evolutionary Biology, School of Biological Sciences, University of Edinburgh, Charlotte Auerbach Road, The Kings Buildings, Edinburgh, EH9 3FL, United Kingdom

2 Forest Research, Northern Research Station, Roslin, Midlothian, EH25 9SY, United Kingdom

Vsak program vzgoje gozdnih dreves povzroči hierarhično postopno razdrobljenost genetske pestrosti, ki se nadaljuje od neudomačenih velikih naravnih populacij z visoko genetsko pestrostjo do genetsko izboljšane populacije, za katero je značilno omejeno število staršev in potencialno manjša dejanska velikost populacije in genetska pestrosti. V okviru britanskega programa vzgoje sitke poteka projekt za oceno genetske pestrosti na več ravneh. Da bi to dosegli, se bo vzorčilo naravne populacije na otoku Haida Gwaii (Kanada) in neizboljšane populacije v poskusu provenience IUFRO Farigaig 1974 (Škotska). Kasneje se bo ocenila izguba genetske pestrosti med pridelavo gozdnega reprodukcijskega materiala (FRM) v odprtem opráševalnem sadovnjaku (Delamere, Anglija) ter med vzgojo v drevesnici in terenskim vzpostavljanjem vegetativno razmnoženega materiala (VP) FRM. V semenskem nasadu se bo za oceno vzorcev križanja in genetske pestrosti semenskega materiala uporabil nabor 14 mikrosatelitskih markerjev. Rezultati bodo primerjani z nemolekularnimi proksiji za oceno genetske pestrosti, ki uporabljajo fenološka opazovanja, preskuse kalivosti in certificiran glavni (master) zapis. Proučevali bodo tudi vpliv standardnih postopkov vegetativnega razmnoževanja in sajenja na genetsko pestrost VP FRM. Britanska Sitka je tujerodna vrsta v Združenem kraljestvu, kjer pogozdovanje praviloma vključuje posek in ponovno zasaditev z izboljšanim materialom. Možnost pretoka cvetnega prahu izven Združenega kraljestva je malo verjetna. Ta posebnost v Združenem kraljestvu je redka priložnost za opazovanje učinkov programa izboljšanja v realnem življenju, ki se izvaja v skoraj laboratorijskih pogojih. Tu predstavljamo pregled projekta in napredek po dveh letih.

Ključne besede: genetska raznolikost, molekularne in nemolekularne metode, mikrosatelitski markerji



Pretvorba znanih klimatskih arhivov v biološke: pristop s pomočjo okoljskega metabarkodiranja

Ilaria Fracasso¹⁻⁴, Nadia Marinchel², Luca Bragazza³, Francesco Giammarchi⁴, Mariusz Lamentowicz⁵, Damiano Giannelle¹, Giustino Tonon⁴, Cristiano Vernesi¹.

- 1 Dept. of Sustainable Agro-Ecosystems and Bioresources, Research and Innovation Centre Fondazione Edmund Mach, via E.Mach 1, 38010 San Michele all'Adige (TN), Italy;
- 2 Department of Biomolecular Sciences, University of Urbino, 61029 Urbino, Italy;
- 3 Department of Life Science and Biotechnologies, University of Ferrara, Corso Ercole I d'Este 32, Ferrara, Italy;
- 4 Faculty of Science and Technology, Free University of Bolzano-Bozen, Piazza Università 5, 39100 Bolzano, Italy;
- 5 Laboratory of Wetland Ecology and Monitoring, Faculty of Geographical and Geological Sciences, Adam Mickiewicz University, Dzięgielowa 27, 61-680 Poznań, Poland;

Podnebne spremembe vodijo do dramatičnih sprememb znotraj združb. Ugotovitev povezav med podnebnimi in okoljskimi spremembami ter spremembami združbe je bistvenega pomena za določanje prihodnosti ekosistema. Cilj naše študije je ugotoviti to povezavo z izkoriščanjem šotič kot podnebnih in bioloških arhivov z uporabo metabarkodiranja eDNA na rastlinah in živalih. Šotno jedro (10x10x100cm) je bilo izvzeto iz šote Lupicino (Nova Ponente- BZ), razdeljeno na 3 cm velike plasti in izpostavljeno radiometričnemu določanju in popolni ekstrakciji DNA. Za rastline in živali je bila značilna uporaba dveh različnih metabarkod: plastidijski marker trnL (194– 310 bp) in mitohondrijski marker CO1 (157–159 bp). Radiometrično datiranje je razkrilo prisotnost haitusa/premora do globine 50 cm (800 BP), kar je povzročilo kronološki premik, medtem ko je najgloblji vzorec ustrezal 1500 BP. Preko trnL smo identificirali 18 rastlinskih taksonov (7 na nivoju vrst), medtem ko smo s CO1 identificirali 6 taksonov členonožcev (5 na ravni vrst) in 3 kotačnikov. V obeh primerih je bilo ugotovljeno, da največje število odčitkov pripada organizmom, ki naj bi bili danes živi. To je povzročilo zmanjšanje številčnosti vrst, ki so živele v preteklosti, ali celo možnost, da jih nismo uspeli zaznati/ odkriti. Kljub tem omejitvam je ta študija pokazala uporabnost metabarkodiranja eDNA na šotičih; rezultati so spodbudni in jih je mogoče takoj uporabiti za nove teste, namenjene izboljšanju taksonomske ločljivosti takšnega pristopa.

Seznam okrajšav:

eDNA: okoljska DNA

trnL: kloroplast trnL (UAA) intron

COI: citokrom c oksidaza I

Ključne besede: okoljska DNK, metabarkodiranje, paleokoljski arhivi, biotska pestrost.

Ohranjanje in razmnoževanje genetskih virov odpornih različic navadne smreke v Češkem Rudogorju za ublažitev učinkov suše in stalnih sprememb okoljska ter za podporo stabilnosti gorskim gozdnim ekosistemom

Josef Frýdl, Jiří Čáp, Helena Cvrčková, Jaroslav Dostál, Martin Fulín, Pavlína Máchová, Petr Novotný, Olga Trčková

Forestry and Game Management Research Institute, Strnady 136, 252 02 Jíloviště, Czech Republic

Relativna odpornost posameznih vzorcev navadne smreke na Češkem Rudogorju, ki so dolgo časa preživeli v več obdobjih imisijske obremenitve v bližnji preteklosti, je osnova za še eno praktično uporabo tega pojava v gozdarski praksi. Prejšnje raziskave na omenjenem območju so bile namenjene ohranjanju in razmnoževanju odpornih variant lokalnega ekotipa navadne smreke, vključno z uporabo analiz DNK. Izvajanje navedenih reševalnih programov med drugim zahteva uporabo preizkušene vegetativne tehnologije razmnoževanja preživelih smrekovih osebkov oz. njihovih ex-situ (zunaj kraja) ohranjenih klonskih različic za njihovo repatriacijo nazaj na prvotno območje njihovega pojava. Podpopulacije odporne smreke so v preteklem obdobju onesnaževanja zraka dokazale svojo prilagodljivost in vitalnost, zato je mogoče domnevati tudi njihovo vitalnost in odpornost na škodljive vplive sedanjega poslabšanega okolja na ekosisteme gorskih gozdov.

Acknowledgement: Supported by the Czech Republic project TAČR SS01020076 and by the Ministry of Agriculture of the Czech Republic, institutional support MZE-RO0118.

Ključne besede: smreka; genski viri



Skupni raziskovalni projekt GENMON: Izvajanje dolgoročnega genetskega monitoringa v bukovih in smrekovih sestojih v Nemčiji

Barbara Fussi¹, Ute Tröber², Aki M. Höltken³, Pascal Eusemann⁴, Birgit Kersten⁴, Oleksandra Kuchma⁵, Marco Kunz⁶, Karina Kahlert⁷, Manuel Karopka⁸, Bernd Rose⁹, Wolfgang Voth¹⁰, Heino Wolf², Ludger Leinemann⁵, Frank Becker¹¹, Ralf Kätzel¹¹, Heike Liesebach⁴

1 Bavarian Office for Forest Genetics, Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf, Germany

2 Staatsbetrieb Sachsenforst (SBS), Pirna OT Graupa, Germany

3 Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA), Göttingen, Germany

4 Thünen-Institut für Forstgenetik, Großhansdorf und Waldsiefersdorf, Germany

5 ISOGEN am Institut für Forstgenetik, Göttingen, Germany

6 Bavarian State Institute of Forestry, Department 7 Forest ownership, Counseling, Forest policy, Hans-Carl-von-Carlowitz-Platz 1, 85354 Freising, Germany

7 ThüringenForst, Forstliches Forschungs- und Kompetenz-zentrum (FFK), Gotha, Germany

8 Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg (FVA), Freiburg, Germany

9 Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz (FAWF), Trippstadt

10 Landesforst Mecklenburg-Vorpommern (LFoA), Betriebsteil Forstplanung, Versuchswesen, Informationssysteme (FVI), Malchin, Germany

11 Landesbetrieb Forst Brandenburg, Landeskompetenzzentrum Forst (LFE), Eberswalde, Germany

Correspondence: barbara.fussi@awg.bayern.de

Genetska pestrost je osnova za prilagodljivost in preživetje drevesnih vrst v spreminjajočih se okoljskih pogojih. Globalno segrevanje bo v prihodnosti povzročilo ekstremne vremenske razmere. Za pridobitev informacij o dolgoročnem razvoju genetskih sistemov populacij gozdnih dreves je nujno potrebno vzpostaviti sistem gozdnih genetskih virov. Po preizkusu koncepta, ki ga je v pilotski študiji razvila delovna skupina zvezne države za gozdne genetske vire v Nemčiji, so bile izkušnje uporabljene za izvedbo skupnega projekta „GenMon“. Sistem gozdnega genetskega monitoringa obsega 14 ploskev za *Fagus sylvatica* L. in 10 ploskev za *Picea abies* [L.] Karst. V Nemčiji je bil vzpostavljen v skladu z opredeljeno zasnovo in načrtom ploskev. Nevtralni mikrosatelitski markerji so bili uporabljeni za analizo genetskih struktur na populacijski ravni. Fenološka opazovanja izpiranja brstov, cvetenja, nastnek plodov in vitalnosti se izvajajo vsako leto. Podatki o vseh ploskvah so shranjeni v zbirki podatkov, ki se v tem začetnem koraku uporablja za izračun genetske pestrosti odraslih sestojev in njihovih potomcev za opis in primerjavo trenutnega genetskega stanja populacij. Poleg tega je bil poenostavljen izbor posameznikov, primernih za razvoj prilagoditvenih markerjev. Nadaljnje analize in vrednotenje podatkov bodo v prihodnosti omogočile oceno nedotaknjenosti genetskih mehanizmov, ki zagotavljajo ohranjanje, proizvodnjo in prenos genetske pestrosti na naslednjo generacijo. To predstavlja osnovo za sistem monitoringa za oceno in oceno dejavnikov ter smeri in intenzivnosti njihovega vpliva na prilagodljivost drevesnih populacij.

Ključne besede: *Fagus sylvatica*, *Picea abies*, okoljske spremembe, genetski sistem, DNA-marker, fenologija, monitoring, prilagajanje

Biokemijski in transkriptomski pristop: izbirna orodja za pogozdovanje na slanih tleh

Vladislava Galović¹, Marko Kebert¹, Branislav Kovačević¹, Saša Orlović¹, László Szabados²

1 Institute of Lowland Forestry and Environment

2 Biological Research Centre, Hungarian Academy of Sciences, Hungary

Halomorfna tla pokrivajo pomembno območje v regiji Vojvodine in predstavljajo gospodarski izziv v gozdarskem sektorju. Zato je bil cilj študije raziskati mehanizme na toleranco soli štirih gospodarsko pomembnih srbskih topolovih klonov, da bi izbrali najbolj tolerantnega, ki bi se lahko uporabljal za pogozdovanje na slanih tleh. Preučili smo sedem kandidatnih genov, dva domnevna topolova homologa TF družine GRAS (GRAS17 in GRAS16), DREB2 iz družine ABA neodvisne DREB družine, in štiri gene, inducirane z abiotičnim stresom (RD29B, RD17, P5SC1, SOS1). Poleg tega je bilo kvantificiranih več biokemičnih parametrov, kot so različne zmogljivosti odstranjevanja radikalov (ocenjene s testoma DPPH in ABTS) in kopičenje celotne vsebnosti fenolov in flavonoidov ter kopičenje dveh osmolitov, glicin betain in prolina. Trije perspektivni kloni *Populus deltoides* (B229, 182/81 in Pe19/66) in eden iz hibridnega genetskega ozadja (*P. nigra* x *P. deltoides*), npr. *P. x euramericana* (klon M1) je bil hidroponično izpostavljen stresu na sol, ki ga povzroča NaCl, v koncentraciji od 150 mM do 450 mM. Odzivi topolovih klonov so se spremljali v različnih časovnih točkah na ravni listov.

Ključne besede: topol, solni stres, transkriptomika, sposobnost odstranjevanja radikalov, osmoliti



Ali genetska komponenta vpliva na kondicijske parametre (telesna masa in sposobnost razmnoževanja) pri srni

Urška Gerič¹, Sandra Potušek¹, Boštjan Pokorny^{2,3}, Katarina Flajšman³, Elena Bužan^{1,2}

1 University of Primorska, Faculty of Mathematics, Natural Sciences and Information Technologies, Koper, Slovenija

2 Environmental Protection College, Velenje, Slovenija

3 Gozdarski inštitut Slovenije, Ljubljana, Slovenija

Srna (*Capreolus capreolus*) je "income breeder", kar pomeni, da sezonski učinek le zmerno vpliva na variabilnost telesne mase znotraj leta in da reproduktivni uspeh ni odvisen od vnosa hrane in energijskih zalog, nabranih zunaj kratkega obdobja razmnoževanja sredi poletja. Zaradi tega lahko telesna masa srnjadi služi kot dober pokazatelj posamezne kondicije in kakovosti in je ključnega pomena pri določanju reproduktivnega uspeha vrste, zlasti samic, vendar ni dovolj podatkov o vplivu lastnih (tj. genetskih) dejavnikov na variabilnost telesne mase in posledično tudi na parametre telesne pripravljenosti na posamezni ravni. Da bi odpravili to vrzel v znanju, smo analizirali nevtralne genske variacije in njihov možni vpliv na telesno maso in sposobnost razmnoževanja v velikem vzorčnem nizu enoletnih srnjadi, zbranih skozi celoten gradient prisotnosti vrst v Sloveniji. Genetska analiza je bila opravljena na 11 mikrosatelitih za 213 posameznikov. Analizirali smo samo enoletnike iz naslednjih razlogov: (i) za poenotenje vzorčnega sklopa glede na natančno znano starost; (ii) ta starostna kategorija ima v primerjavi z odraslimi ženskami veliko večjo variabilnost stopenj ovulacije / plodnosti, zato so učinki različnih vplivnih dejavnikov pri enoletkih veliko bolj pričakovani. Rezultati so pokazali obstoj treh neodvisnih genskih grozdov, povezanih s prostorsko razširjenostjo srnjadi v državi. Poleg tega rezultati kažejo pozitivno povezavo med srednjo mikrosatelitsko heterozigotnostjo, sezonsko standardizirano telesno maso in reproduktivno sposobnostjo (potencialno velikostjo legla) prvorojenih. To kaže na to, da ima genska raznolikost pomemben vpliv na kondicijo in prirast srnjadi.

Ključne besede: srnjad, mikrosateliti, populacijska struktura, telesna teža, sposobnost reprodukcije

Gonilniki pestrosti ektomikoriznih gliv in njihov prispevek k globalni biodiverziteti tal in ekosistemskim funkcijam

Tine Grebenc, Tina Unuk Nahberger, Peter Železnik, Nataša Šibanc, Hojka Kraigher

Gozdarski inštitut Slovenije, Ljubljana, Slovenija

Tla so pomemben rezervoar globalne biotske raznovrstnosti in funkcij, ki prispevajo k številnim ključnim funkcijam ekosistema. Zaradi tega je ključnega pomena poznati splošne vzorce, povezane s porazdelitvijo in delovanjem talnih organizmov, podpirati njihova prizadevanja za ohranjanje in natančno določiti njihovo upoštevanje glede upravljanja in potencialne uporabe. Študija, ki temelji na literaturi, je pokazala, da obstaja veliko neskladje med razpoložljivimi informacijami v vseh pregledanih taksonomskih skupinah, vključno z ektomikorizami, in sicer v prostorskih, okoljskih, taksonomskih in funkcionalnih vrzelih (Guerra in sod. 2020). Da bi to ugotovili, sta bili tako na velikih združba in ektomikoriznih glivah, po gozdovih v prostorskem merilu raziskani ključni biotski in abiotski napovedniki ektomikorizne pestrosti ter ugotovljeni prevladujoči odzivi in pragovi za spremembe v zapletenih okoljskih gradientih (van der Linde et al. 2018). Nadalje bodo potrebne bolj funkcionalne / ekološke študije, kot so učinki fenologije dreves na pestrost ektomikorize (Unuk in sod. 2019) in spremembe ektomikoriznih združb po sajenju (Železnik in sod., Neobjavljeno), da bi zapolnili pomankljivo znanje o pomembnosti ektomikorizne biotske raznovrstnosti in njihovih ekosistemov v lokalnem in svetovnem merilu.

Guerra, C.A. et al. (2020). Blind spots in global soil biodiversity and ecosystem function research. *Nature Communications* 11, 3870.

Unuk et al. (2019). Root-associated fungal communities from two phenologically contrasting Silver Fir (*Abies alba* Mill.) groups of trees. *Frontiers in plant science* 10, article 214

van der Linde et al. (2018) Environment and host as large-scale controls of ectomycorrhizal fungi. *Nature* 558, 243–248

Ključne besede: ektomikoriza, pestrost, porazdelitev



Protokol za ravnanje s sadikami gozdnega drevja in Protokol za pridobivanje semenskega materiala, delov rastlin in sadik

**Andreja Gregorič¹, Kristina Sever¹, Andrej Breznikar¹, Boris Rantaša¹, Katja Kavčič
Sonnenschein², Peter Železnik², Hojka Kraigher¹**

1 Zavod za gozdove Slovenije, Ljubljana, Slovenija

2 Gozdarski inštitut Slovenije, Ljubljana, Slovenija

EMAIL OF THE CORRESPONDING AUTHOR: andreja.gregoric@zgs.si

Namen predstavljenih protokolov je zagotoviti enostavne, a pomembne smernice za gozdarje in lastnike gozdov v Sloveniji o postopkih za pridelavo gozdnega reprodukcijskega materiala in ravnanje s sadikami gozdnih dreves do sajenja.

Namen protokola za ravnanje s sadikami gozdnih dreves od izkopa v drevesnici do njihove zasaditve v gozdu je zagotoviti pravilno organizacijo dela v vseh fazah obnove s sadnjo. Upoštevanje protokolov bo omogočilo najboljši uspeh pri sadnji. Vključuje: Ravnanje in odgovornosti v posameznih fazah pridelave in obdelave sadik gozdnih dreves; Od česa je odvisno uspešno obnavljanje s sajenjem; Kako nabaviti sadike; Zakaj je pomemben izvor sadik in pomen genetske raznovrstnosti v gozdovih.

Protokol za proizvodnjo gozdnega reprodukcijskega materiala za obnovo s sadnjo daje pregled vseh postopkov in faz zbiranja semen. Enotni postopek bo zagotovil kakovost gozdnega reprodukcijskega materiala in uporabnikom pomagal s strokovno podporo. Vključuje: Kako pridobiti gozdni reprodukcijski material; Koraki, potrebni za pridobitev certifikata za gozdni reprodukcijski material; Osnove zakonodaje o gozdnem reprodukcijskem materialu; Nadzorni sistem.

V obeh protokolih je bil poudarjen pomen ohranjanja genske raznolikosti gozdov in spremljanje gozdov.

Ključne besede: protokol, gozd, sadike, seme, reprodukcijski material

Smernice za izvajanje genetskega monitoringa na terenu: *Abies alba*/*Abies borisii-regis*

Darius Kavaliauskas¹, Barbara Fussi¹, Dalibor Ballian⁵, Paraskevi Alizoti³, Marjana Westergren², Marko Bajc², Gregor Božič², Ermioni Malliarou³, Nickos Tourvas³, Evangelos Barbas³, Andrej Breznikar⁴, Rok Damjanič², Natalija Dovč², Domen Finžgar², Katja Kavčič Sonnenschein², Filippos Aravanopoulos³, Hojka Kraigher²

1 Bavarian Office for Forest Genetics, Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf, Germany

2 Gozdarski inštitut Slovenije, Vecna pot 2, 1000 Ljubljana, Slovenija

3 Aristotle University of Thessaloniki, University Campus, 541 24 Thessaloniki, Greece

4 Zavod za gozdove Slovenije (ZGS), Slovenija

5 University of Sarajevo, Forestry Faculty, Bosnia and Herzegovina

Navadna jelka (*Abies alba* Mill.) in Borisova jelka (*Abies borisii-regis* Mattf.) sta vetrocvetki, enodomni, splošno prekrivajoči se iglavci, ki spadata v rod *Abies*. Navadna jelka je z gospodarskega in ekološkega vidika v več evropskih državah ena najpomembnejših gozdnih drevesnih vrst. Borisova jelka je pomemben naravni hibrid med *Abies alba* in *Abies cephalonica*, ki raste predvsem v Grčiji. Obe vrsti se soočata s številnimi grožnjami in izzivi zaradi podnebnih sprememb, zato sta obe obravnavani za gozdni genetski monitoring.

Smernice na kratko opisujeta jelki, njihov reprodukcijski sistem, okoljske zahteve in grožnje. Zagotavljajo napotke o tem, kako vzpostaviti in vzdrževati ploskev gozdnega genetskega monitoringa, spremljati vse verifikacije na terenu in fenotipske podatke na osnovni, standardni in napredni ravni monitoringa. Poudarek je na posebnostih genetskega monitoringa jelk v primerjavi z drugimi vrstami iglavcev (npr. *Pinus nigra*).



Smernice za izvajanje genetskega monitoringa na terenu: divja češnja (*Prunus avium* L.)

Darius Kavaliauskas¹, Barbara Fussi¹, Paraskevi Alizoti³, Gregor Božič², Marjana Westergren², Marko Bajc², Ermioni Malliarou³, Nickos Tourvas³, Evangelos Barbas³, Andrej Breznikar⁴, Rok Damjanič², Natalija Dovč², Domen Finžgar², Dalibor Ballian⁵, Katja Kavčič Sonnenschein², Filippos Aravanopoulos³, Hojka Kraigher²

1 Bavarian Office for Forest Genetics, Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf, Germany

2 Gozdarski inštitut Slovenije, Vecna pot 2, 1000 Ljubljana, Slovenija

3 Aristotle University of Thessaloniki, University Campus, 541 24 Thessaloniki, Greece

4 Zavod za gozdove Slovenije (ZGS), Slovenija

5 University of Sarajevo, Forestry Faculty, Bosnia and Herzegovina

Divja češnja (*Prunus avium* L.) je srednje veliko, hitro rastoče in precej kratkotrajno listnato drevo s širokim naravnim območjem razširjenosti, ki vključuje zahodno Evrazijo in severni del Afrike. Vrsta je pionirska in raste v najrazličnejših habitatih; vendar je zelo raztresena v svoji razširjenosti, saj je zelo zahtevna glede svetlobe in šibke konkurence. Za naravne populacije divje češnje je značilna majhna velikost, pojavlja se v majhnih skupinah ali pa raste, kot posamezno drevo na robovih in v režah gozdnih sestojev. Divja češnja je pomembna gozdna drevesna vrsta z ekološkega (ključnega pomena kot vir hrane za številne vrste ptic in žuželk) in ekonomskega vidika (les divje češnje je dragocen, saj je kakovosten in enostaven za delo, zato se pogosto uporablja za izdelavo furnirja in pohištva, omarice itd.).

Smernice na kratko opisujejo divjo češnjo, njeno razmnoževanje, nišne zahteve in grožnje. Zagotavljajo smernice za vzpostavitev in vzdrževanje ploskve genskega monitoringa ter za beleženje vseh verifikacij na terenu na osnovni, standardni in napredni ravni monitoringa. Poudarek bo na posebnostih genetskega monitoringa divje češnje v primerjavi z drugimi vrstami.

Razvoj sistema sledljivosti gozdnega reprodukcijskega materiala na osnovi DNK markerjev v Litvi

Darius Kavaliauskas¹, Virgilijus Baliuckas², Barbara Fussi³, Darius Danusevičius¹

1 Vytautas Magnus University, Agriculture Academy, Studentų str. 11, LT-53361 Akademija, Kauno r., Lithuania

2 Lithuanian Research Centre for Agriculture and Forestry, Institute of Forestry, Liepų St. 1, Girionys, LT-53101 Kaunas distr., Lithuania

3 Bavarian Office for Forest Genetics, Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf, Germany

Rdeči bor, navadna smreka, dob in navadna bukev spadajo med gospodarsko in ekološko najpomembnejšimi drevesne vrste v gozdovih Litve. V skladu z Uredbo o sajenju in obnavljanju gozdov v Litvi (2018) in Uredbo o gozdnem reprodukcijskem materialu (FRM) (2017) je potrebno gozdove obnavljati s ciljnim drevesnimi vrstami, pri čemer je treba uporabiti visokokakovostna semena in sadike določene provenience. Direktiva Sveta EU (1999/105 / ES) navaja, da so države članice EU odgovorne za predpis, zahteve in izvajanje sistema kakovosti in sledljivosti FRM. Obstoječi nadzorni sistem FRM v Litvi temelji na nadzornih ukrepih spremnih dokumentov glede izvora FRM. Vendar je ta sistem sledljivosti FRM omejen in v nekaterih primerih ne more zagotoviti, da FRM, ki se uporablja za pogoždovanje/pogožditev, izvira iz deklariranega kraja izvora ali pripada določeni semenski ali rastlinski seriji. Prizadevamo si zgraditi dvostopenjski sistem za nadzor sledljivosti FRM, ki temelji na (1) referenčnih vzorcih semen iz vsake zbirke semen iz semenskih sestojev in (2) DNA odtisu klonov semenskih nasadov.

Obstoječa infrastruktura za genetske raziskave gozdov v Litvi in primeri dobre prakse v Evropi (npr. Nemčija in Slovenija) ponujajo priložnosti za uvedbo sistema sledljivosti FRM na podlagi DNK markerjev. Cilj projekta je izvesti pilotno študijo sledljivosti FRM na podlagi mikrosatelitskih markerjev in pripraviti metodologijo za izvajanje sistema sledljivosti FRM v Litvi. Predstavljen bo projekt in njegov izvedbeni načrt.

To raziskovalno delo je bilo podprto s projektom št. 09.3.3-LMT-K-712-19-0007.

Ključne besede: gozdni genetski monitoring, sistem sledljivosti, DNK, rdeči bor (*Pinus sylvestris* L.), smreka (*Picea abies* (L.) H.Karst.), graden (*Quercus robur* L.), navadna bukev (*Fagus sylvatica* L.)



Kako na mikroklimo v dinarsko jelovo-bukovih gozdovih učinkuje interakcija med načinom gospodarjenja in topografijo

Janez Kermavnar¹, Mitja Ferlan¹, Klemen Eler², Aleksander Marinšek¹, Andrej Kobler¹, Lado Kutnar¹

1 Gozdarski inštitut Slovenije

2 Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta

Na mikroklimo v gozdu vpliva topografija in način gospodarjenja, saj to neposredno spreminja navpično strukturo. Mikroklimatske razmere pa močno vplivajo na regeneracijo dreves po motnjah. Analizirali smo odvisnost mikroklimatskih razmer od topografskih in z upravljanjem povezanih dejavnikov v gospodarjenih dinarsko jelovo-bukovih gozdovih v Sloveniji. Za te gozdne ekosisteme je značilen razgiban kraški teren s številnimi ponikalnicami. Na območju v velikosti 0,4 ha smo v pozikusu izveli poseke: neobrezane kontrole (CON), 50-odstotni rez lesnih zalog (srednja intenzivnost upravljanja - IMI) in 100-odstotni rez (visoka intenzivnost upravljanja - HMI). Vplive izpostavljenosti pobočij na mikroklimo (temperatura zraka - T, relativna vlažnost - RH, primanjkljaj parnega tlaka - VPD) smo ocenili s primerjavo osrednjih, južnih in severnih položajev ponikalnic. Dnevni Tmax in VPDmax pri obravnavanju s HMI sta bili do 5,9 °C (v povprečju 3,5 °C) in do 1,4 kPa (0,6 kPa) višji v primerjavi z obravnavanjem CON, medtem ko je bil dnevni RHmin do 22,7 (13,0) odstotne točke nižji. Južna lega pri obravnavanju HMI predstavlja najbolj ekstremne pogoje, tj. najvišjo Tmax in najnižjo RHmin. Razlike v mikroklimi so bile pri obravnavanju močno odvisne od pokrovnosti drevesnih krošenj. Rezultati tudi kažejo, da odstranjevanje navpične strukture povečuje odvisnost mikroklimo od lokalnih topografskih dejavnikov. Topografsko povzročene spremembe mikroklimo imajo pomembne posledice pri načrtovanju upravljanja in zaščite biotske pestrosti gozdov. Mikromesta, kjer je slaba pokrovnost (vrzeli v krošnjah) in neugodno mikroklimo lahko ustvarijo stresne pogoje (visok VPD) za regeneracijski sloj dveh ključnih pozno sukcesijskih drevesnih vrst v preučevanih gozdovih, bukve (*Fagus sylvatica*) in jelke (*Abies alba*).

Ključne besede: rezanje dreves, temperatura zraka, relativna vlažnost, kraška topografija, pokrov krošenj

Spremenljivost anatomskih lastnosti listov v genotipu doba (*Quercus robur* L.) v naravni populaciji

Lazar Kesić¹, Saša Orlović¹, Erna Vaštag², Velislav Karaklić¹, Marina Milović¹, Srđan Stojnić¹

1 University of Novi Sad, Institute of Lowland Forestry and Environment

2 University of Novi Sad, Faculty of Agriculture

Anatomija listov je odvisna od genskih informacij in stanja okolja. Poleg tega ima anatomija listov pomemben vpliv na izmenjavo listnih plinov, zlasti na fotosintezo. Strukture listov so zato pomembne z vidika proizvodnje biomase. Cilj te študije je bil ugotoviti genotipsko variabilnost anatomskih lastnosti listov, ki izvirajo iz naravne populacije. Za namene te raziskave je bilo ocenjenih sedem parametrov: debelina aksialnega povrhnjice, premer glavne vene, debelina gobastega parenhima, debelina palisadnega parenhima, debelina adaksialne povrhnjice, debelina lamine in debelina sklerenhima. Liste smo vzorčili iz desetih genotipov iz naravnega gozda doba v Moroviću. Najvišja variabilnost je bila ocenjena pri premeru glavne vene (6,69%), najmanjša pa pri debelini sklerenhima (2,83%). Prispevek debeline adaksialne in abaksialne povrhnjice v listni listi se giblje med 11,39 do 17,51% in 9,92% do 15,30%. Prispevek debeline palisade in gobastega parenhima je bil med 31,56% in 41,70% oziroma 31,06% do 38,92%. Najnižje vrednosti debeline palisadnega parenhima (68,96 μm) in debeline gobastega parenhima (63,68 μm) so bile ugotovljene pri genotipu 3, kar je povzročilo najdebelejšo listno ploščo (165,36 μm). Najvišje vrednosti za premer glavne vene in debelino sklerenhima so bile ugotovljene pri genotipu 10, medtem ko. Te kvantitativne razlike med preučevanimi parametri so posledica interakcije genotipov in pogostih okoljskih razmer.

Ključne besede: anatomija listov, *Quercus robur*, dob, genotipska variabilnost



Spremembe gozdne podrastne vegetacije so posledica motenj: Spremljanje stanja slovenskih gozdov z izvajanjem intenzivnega monitoringa

Lado Kutnar¹, Janez Kermavnar¹, Thomas A. Nagel²

1 Gozdarski inštitut Slovenije, Department of Forest Ecology; Ljubljana

2 Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta

V tej raziskavi smo med letoma 2004/05 in 2014/15 kvantificirali spremembe v pestrosti in sestavi gozdne podrasti na območjih gozdnih ploskev slovenskega intenzivnega monitoringa (II. Stopnja). Skupaj je bilo postavljenih 60 ploskev v gozdovih z 10 različnih načini upravljanja, od nižinskih listnatih in mešanih gozdov na srednjih višinah do iglastih gozdov. Da bi raziskali, kako so motnje vplivale na dinamiko podrasti, smo ocenili vplive motenj ob upoštevanju naravnih in / ali antropogenih motenj, ki povzročajo znatno škodo na drevesih in talno-površinskih slojih, vključno s talno vegetacijo in zgornjimi sloji tal. Povprečna vrednost ocen motenj na območje se je povečala z 0,8% v letu 2004/05 na 16,3% v letu 2014/15, kar je sovpadalo z manjšim celotnim rastlinskim pokrovom, vključno z pokrovnostjo dreves. Število vrst na 10 lokacijah (gama pestrost) se je v obdobju raziskave znatno zmanjšalo, medtem, ko se je povprečno število vrst na območje ni bistveno spremenilo. Povprečna vrednost indeksov in enakomernosti Shannonove pestrosti na vzorčnem mestu se je znatno povečala. Pokritost najpogostejših rastlinskih vrst se je v obdobju spremljanja povečala. Območja z večjimi motnjami so pokazala večje časovne spremembe v sestavi vrst v primerjavi z območji z manj motnjami, kar kaže na to, da so motnje v gozdu povzročile premike v sestavi podrasti v obdobju raziskave. Namesto da bi opazili povečanje rastlinske pestrosti zaradi motenj, naši rezultati kažejo na kratkotrajno zmanjšanje števila vrst, kar je verjetno posledica nadomeščanja specializiranih vrst z vrstami, ki so bolj pogoste.

Ključne besede: dinamika vegetacije; rastlinska raznolikost; podrast; motnje; spremljanje; Slovenija

Opis sukcesije gliv razkrojevalcev na velikih lesnih ostankih v pragozdu Rajhenavski Rog v Sloveniji

Domen Finžgar^{1,2}, Tijana Martinović^{1,3}, Marko Bajc¹, Hojka Kraigher¹

1 Gozdarski inštitut Slovenije, Ljubljana, Slovenija

2 Institute of Evolutionary Biology, University of Edinburgh, United Kingdom

3 Institute of Microbiology of the Czech Academy of Sciences, Prague, Czech Republic

Vrste sestave in medvrstne interakcije gliv razgrajevalcev se skozi zaporedno razgradnjo lesa nenehno spreminjajo. Zaporedje ni enodimenzionalno - po določeni razpadajoči se vrsti ne doseže vedno določene vrste. Namesto tega nasledstvo sledi različnim potim razgradnje.

Cilj te študije je bil opisati sukcesijo gliv v razpadajočem lesu v pragozdu Rajhenavski Rog v Sloveniji. Po 6 razrednem opisu stopenj razgradnje (Kraigher in sod., 2002) so bili zbrani vzorci iz velikih lesnih ostankov (CWD) iz prvih petih stopenj. Lesni prah je bil pridobljen ex-situ in uporabljen za ekstrakcijo DNA. Glivična regija ITS2 je bila uporabljena za zaporedje ampikonov na Illumina MiSeq.

Za zgodnje faze razgradnje je bila značilna večja relativna številčnost Basidiomycota v primerjavi z Ascomycota (povprečno 62% v prvi fazi razgradnje), medtem ko je bila Ascomycota prevladujoča v poznejših fazah (povprečno 93% v zadnji fazi). Medtem ko sta bili rodi *Aureobasidium* in *Purpureocillium* (Ascomycota), obe pogosti glivi v tleh, prisotni v vseh fazah razgradnje, je bil rod *Bjerkandera* (Basidiomycota), ki ga sestavljajo pretežno vrste belih gnilob, med najbolj prevladujočimi rodovi v prvi fazi razgradnje. V drugi in tretji fazi razgradnje smo opazili večjo relativno številčnost rodu *Fomes* (Basidiomycota), prav tako gliv, ki razgrajujejo les.

Ker je Rajhenavski Rog še vedno eden najbolj raziskovanih gozdov v Sloveniji glede razgradnje gliv, naši rezultati dopolnjujejo prejšnje zapise in ponujajo odličen vpogled tako v razumevanje nasledstva glivičnih združb pri razgradnji lesa kot v meje različnih načinov.

Ključne besede: veliki lesni ostanki, glive, dekompozicija, sukcesija



Odziv bakterijskih združb na krčenje gozdov

Tijana Martinović¹, Petr Kohout¹, Petr Baldrian¹

¹ Institute of Microbiology of the Czech Academy of Sciences, Prague, Czech Republic

Pomanjkanje transporta fotosintatov v tla zaradi načina upravljanja v gozdovih, kot je golosek povzroči zaplet pri odzivu ekosistema. Medtem, ko korenine predstavljajo žarišče razgradnje za glive po goloseku, je manj znanega o odzivu bakterij na takšno upravljanje z gozdovi.

V tej študiji smo želeli oceniti spremembe v strukturi bakterijske združbe kot odziv na krčenje gozdov.

Vzorci korenin, rizosfere in razsutih tal so bili zbrani s sestoja *Picea abies* v obdobju dveh let po goloseku, rezultate zaporedja 16S rRNA pa smo primerjali s podatki pred spravilom dreves.

Medtem, ko v prvih mesecih po goloseku ni bilo jasne razlike v strukturi združb med rizosfero in razsutimi tlemi, so bile bakterijske združbe, povezane s koreninami, različne in so sčasoma doživele večje spremembe. Pri zgodnji fazi razgradnje korenin je bila značilna prisotnost aktinobakterij, medtem, ko se je v poznejših fazah povečala relativna številčnost proteobakterij (predvsem *Burkholderia*). Poleg tega so se bakterijske združbe na razpadajočih koreninah bistveno razlikovale od tistih na živih koreninah pred golosekom.

Naši rezultati kažejo, da so prenehanju aktivnosti drevesnih korenin sledile spremembe v koreninskih bakterijskih združbah, pa tudi v bakterijskih združbah v tleh v poznejših fazah vzorčenja po spravilu dreves.

Golosek lahko povzroči spremembe v strukturi mikrobne združbe in zmanjša mikrobno biomaso, pri čemer se zdi, da so učinki izraziti tako pri glivah kot pri bakterijah.

Poškodbe navadne bukve zaradi zmrzali v mednarodnem provenienčnem poskusu v Bosni in Hercegovini v primerjavi s spomladansko fenologijo leta 2019

Mirzeta Memišević Hodžić¹, Dalibor Ballian^{1,2}, Hojka Kraigher²

1 Šumarski fakultet Univerzitetu u Sarajevu

2 Gozdarski inštitut Slovenije

Navadna bukev (*Fagus sylvatica* L.) je ena ekološko in gospodarsko najpomembnejših vrst. Cilj raziskave je določiti datume začetka in konca faze listanja navadnih bukovih provenienc, ugotoviti poškodbe rastlinskih krošenj zaradi zmrzali in preveriti, ali obstaja povezava med datumi faz listanja in ranljivostjo z zmrzaljo.

Raziskovalci so med mednarodnim testom provenience v Bosni in Hercegovini opazili pogoste rastline bukve. Test vsebuje izvor z različnih nadmorskih višin, osem iz Bosne in Hercegovine, štiri iz Nemčije, tri iz Srbije, po dve iz Hrvaške, Romunije in Švice ter eno iz Madžarske. Od 31.3 so opazili šest faz listanja. do 18.5.2019.: A - spalni pop; B - otekanje popkov; C - odpiranje brstov; D - pojavljajo se zloženi listi; E - listi odviti; F - listi popolnoma razviti. Poškodbe nadstreška zaradi zmrzali, ki so se zgodile 8. maja, smo opazili v treh kategorijah: delna, srednja in popolna škoda.

V začetku in koncu faze listanja ni bilo bistvenih razlik. Večina izvorov je vstopila v fazo B ob 14.4. Najvišji odstotek popolnoma poškodovanih rastlin je imel poreklo BW Wildbad, Nemčija (68%), Sihlwald Švica (64%), Alba Iulia Romunija (60%) in najnižja Konjuh Bosna in Hercegovina (3%).

Ker glede datumov nastanka faz listavanja ni bilo bistvenih razlik, obsega škode zaradi zmrzali z njo ni mogoče razložiti. Raziskave je treba nadaljevati z vključevanjem različnih sezonskih podnebnih razmer, ki vplivajo na faze listanja in zmrzali, ki se pojavijo prej spomladi.

Ključne besede: poškodbe zaradi zmrzali, fenofaze olistanja, navadna bukev, mednarodni provenienčni poskus



Vpliv suše in požarov na ektomikorizne glive *Quercus pubescens*

Tanja Mrak, Nataša Šibanc, Ines Štraus, Philip Brailey-Jones, Mitja Ferlan, Jožica Gričar, Hojka Kraigher

Gozdarski inštitut Slovenije

Zaradi globalnih podnebnih sprememb naj bi se povečala verjetnost vročinskih valov, suše in požarov, kar vpliva na produktivnost gozdov in razširjenost drevesnih vrst. Zaradi vloge pri oskrbi vode in hranil so ektomikorizne glive (ECM) ključne za preživetje dreves v stresnih razmerah, vendar je znanje s tega področja še vedno omejeno. V naši študiji smo v dveh zaporednih letih na k stresu nagnjenem submediteranskem območju raziskali vitalnost in sestavo združbe *Quercus pubescens* Willd. in ektomikorizne glive. V času preučevanja sta se na tem območju zgodili dve poletni suši in površinski požar. Vitalnost gliv ECM se je močno zmanjšala zaradi stresnih dogodkov, medtem ko je na sestavo združbe vplivala predvsem ploskev. Različna sposobnost zadrževanja vode v tleh na ploskvah ni vplivala na celotno sestavo združbe ECM, vendar je vplivala na številčnost stresno odporne glive ECM *Cenococcum* sp. Najpogostejše ECM rodovi so bili *Tomentella* ter *Thelephoraceae*, *Sebacina* in *Cenococcum*. *Cenococcum* sp. se je po požaru močno povečal, *Sebacinales* pa znatno zmanjšal. Raziskovanja na kratke razdalje je bila najbolj razširjena vrsta raziskovanja ECM, ki se je z znatno večjo številčnostjo pojavila na apnenčasti ploskvi, ki jo je najbolj prizadel požar. Predstavljeni rezultati kažejo na zapleteno medsebojno vplivanje dejavnikov abiotskega stresa, vrste tal, vitalnosti dreves in gliv ECM, ki jih je potrebno dodatno raziskati.

Ključne besede: puhasti hrast, abiotski tres, Submediteran, pestrost združbe ECM gliv, eksploracijski tipi

Komunikacija projekta LIFE GENMON, 360° pristop: posredovanje informacij o gozdnih genskih virih različnim ciljnim skupinam

Rantaša Boris, Breznikar Andrej, Gregorič Andreja, Sever Kristina, Vilhar Urša, Železnik Peter, Sonnenschein Katja, Westergren Marjana, Baloh Tjaša, Finžgar Domen, Kraigher Hojka

Učinkovito sporočanje zapletenih bioloških pojavov, kot so gozdni genski viri, genska raznolikost gozdov in gensko spremljanje gozdov, zahteva inovativne in prilagodljive pristope pri nagovarjanju različnih, zlasti splošnih občinstva. V okviru projekta LIFE LIFE GENMON imamo priložnost obsežno komunicirati in zbirati dragocene izkušnje o teh temah. Prispevek predstavlja splošne smernice za sporočanje teh tem in nekaj praktičnih primerov.

Splošne smernice za sporočanje gozdnih genskih virov vključujejo: 1. Zagotavljanje konteksta / pomoč občinstvu, da vidi širšo sliko (z odgovori na vprašanja, kot so: Kaj je genetika? Kaj je DNK? Kaj je biotska raznovrstnost? Zakaj so gozdni genski viri pomembni?) prepričajte se, da vaše občinstvo razume osnove, preden poglobite razpravo. Kadar to ni mogoče (zaradi časovne stiske ali podobnega), na kratko razložite, da je gozdna genska raznolikost bistvena za preživetje in prilagodljivost gozdov. 2. Poudarjanje pomena gozdnih genskih virov in genske raznolikosti gozdov za prihodnost gozdov. 3. Z uporabo primerjav z znanimi temami, tj. Razložite gensko raznolikost gozdov na način, ki je povezan z genetiko človeške ali (užitne) rastlinske populacije. 4. Uporaba komunikacijskih orodij, primernih za ciljno občinstvo (brošure, filmi in video posnetki, stripi, otroške knjige in risanke, igrače itd.) 5. Vključevanje ciljnih skupin v stalen dialog. Praktični primeri / smernice vključujejo: 1. posredovanje gozdne genetske raznovrstnosti otrokom. 2. Sporočanje gozdnih genskih virov učiteljem. 3. Sporočanje gozdarskega genskega spremljanja gozdarjem.

Ključne besede: komunikacija, gozd, genetika, diverziteta



Projekt LIFE GEN MON – diseminacijski pristop Grkov

Chryse Sarvani¹, Dr. Ermioni Maliarou², Emilia Georgiadi¹, Pavlos Hasilidis¹, Dr. Pavlos Bekiaroglou¹, George Rousakis¹, Fotios Kiourtsis¹, Prof. Phil.A.Aravanopoulos²

1 Decentralized Administration of Macedonia & Thrace - General Directorate of Forests and Rural Affairs

2 Faculty of Agriculture, Forest Science & Natural Environment - Aristotle University of Thessaloniki

Diseminacija je načrtovan postopek obveščanja novih znanstvenih informacij, idej, pobud, ugotovitev in rezultatov širši javnosti. Dolžnost znanstvenika je, da poskrbi, da bo njihovo delo slišala širša javnost in da pomaga ustvariti družbo, ki bo znala ustvariti svoje mnenje, filtrirati informacije in ne bo lahkoverna ter naivna. Diseminacijske aktivnosti projekta LIFE GEN MON omogočajo orodje za obveščanje o rezultatih projekta, pregledu profila udeležencev in ustvarjanje sinergij z drugimi zainteresiranimi skupinami in pobudami. Takšne aktivnosti prispevajo k obveščanju širše javnosti in pomembnih oblikovalcev politik, ki lahko rezultate projekta uporabijo za izboljšano upravljanje v prihodnosti.

Ljudje morajo vedeti, kje in kako se porabljajo njihovi davki, in čutiti, da tudi oni prispevajo v skupno dobro. V šestih letih projekta LIFE GEN MON smo svoje znanje, izkušnje in rezultate delili z javnimi predstavitvami, delavnicami in publikacijami. Ta dejanja so navdušila udeležence in bralce, da so poiskali nadaljnje in podrobnejše informacije o projektu. Naš cilj je doseči širšo javnost in določene ciljne skupine, da bi povečali njihovo ozaveščenost o pomenu gozdov in gozdnih genetskih virov, njihovi nujnosti in potrebi po nenehnem ohranjanju.

Ključne besede: diseminacija, LIFE GEN MON, gozdni genski viri

Prilagojeni reliktni hrasti (*Quercus* spp.) za odpornost gozdov na podnebne spremembe

Devrim Semizer-Cuming^{1*}, Charalambos Neophytou^{1*}, Barbara Fussi², Isabel Mück², Franziska Schlosser³, Stefan Seegmüller³, Hans-Gerhard Michiels¹

1 Forest Research Institute of Baden-Württemberg (FVA), Wonnhaldestraße 4, 79100 Freiburg, Germany

2 Bavarian Office for Forest Genetics (AWG), Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf, Germany

3 Research Institute of Forest Ecology and Forestry of Rhineland-Palatinate (FAWF), Hauptstraße 16, 67705 Trippstadt, Germany

*Correspondence: devrim.semizer-cuming@forst.bwl.de, charalambos.neophytou@forst.bwl.de

Reliktni hrasti (*Quercus* spp.) na izredno suhih in neproduktivnih rastiščih v srednji Evropi pogosto kažejo slabe rastne lastnosti, zaradi česar so nezaželeni v gozdarski praksi. Vendar so takšni hrasti ponavadi avtohtoni, imajo dolgotrajno življenjsko dobo in bi lahko dosegli vrhunec v zgodnjem Holocenu in od takrat ostali bolj ali manj nespremenjeni. To pomeni, da so se morda prilagodili rednemu pomanjkanju vode v mnogih generacijah in tako hranijo dragocene genetske vire za prilagajanje podnebnim spremembam. Tu uporabljamo večplastni pristop za (1) prepoznavanje pogojev na hrastovih sestojih na domnevno reliktnih lokacijah v južni Nemčiji in Alzaciji ter potrditev statusa relikta z identifikacijo indikatorjev cvetnih in živalskih vrst, (2) označitev povratnega izvora hrasti v teh sestojih z jedrskimi in kloroplastnimi DNK markerji in primerjavo rezultatov z obstoječimi podatki o upravljanih hrastovih gozdov, (3) raziskave prilagodljive genetske variacije s pomočjo metode zajemanja ciljne sekvence in s preučevanjem povezave med genotipi in spremenljivkami okoljskega in fiziološkega stresa, (4) preučevanje zrelih dreves in njihovih potomcev s pomočjo fiziologije stresa, da pridobijo vpogled v odpornost proti suši in (5) vzpostavitev poizkusa za potomce s testiranjem genetsko določenih rastnih lastnosti v gozdnih sestojih. Predhodni rezultati se ujemajo z našo hipotezo o avtohtonosti. Rezultati projekta naj bi pomagali pri oceni uporabe reprodukcijskega materiala s teh sestojev za vzpostavljanje hrastovih gozdov, odpornih na podnebne razmere.

Ključne besede: prilagoditev, podnebne spremembe, suša, hrasti, odpornost



Smernice za izvajanje genetskega monitoringa na terenu – *Quercus robur* L. and *Quercus petraea* (Matt.) Liebl.

Kristina Sever¹, Andrej Breznikar¹, Darius Kavaliauskas², Rok Damjanić³, Katja Kavčič Sonnenschein³, Marjana Westergren³, Phil Aravanopoulos⁴, Monika Konnert², Barbara Fussi², Hojka Kraigher³

- 1 Zavod za gozdove Slovenije (ZGS), Slovenija,
- 2 Bavarian Office for Forest Genetics (AWG), Germany,
- 3 Gozdarski inštitut Slovenije (GIS), Slovenija,
- 4 Aristotle University of Thessaloniki (AUTH), Greece

EMAIL OF THE CORRESPONDING AUTHOR: kristina.sever@zgs.si

Med 13 evropskimi vrstami belega hrasta sta dob (*Quercus robur*) in graden (*Quercus petraea*) ekonomsko in ekološko najpomembnejša gozdni drevesni vrsti. Oba hrasta sta v Evropi zelo razširjena in tesno povezana; lahko se mešajo, tekmujejo in naravno križata med seboj in z drugimi hrasti. Te svetlobno zahtevne drevesne vrste najdemo kot glavne vrste v zmerno listnatih mešanih gozdovih. V dolinah in poplavnih ravninah lahko dob tvori sestoje z gorskim javorjem, platano, javorjem, jesenom in brestom. Govorimo o drevesni vrsti z velikim ekološkim pomenom in močnim lesom, ki je primeren kandidat za genetski monitoring. Smernice na kratko opisujejo obe vrsti hrasta, njihovo razmnoževanje, okolje in grožnje. Zagotavljajo navodila za vzpostavitev ploskev genetskega monitoringa in spremljanje vseh verifikacij na terenu. Poudarek bo na posebnostih genetskega monitoringa hrastov v primerjavi z drugimi vrstami.

Ključne besede: oak, pedunculate, sessile, guidelines, genetic monitoring

Predlagane smernice o ohranjanju gozdov za vključevanje v načrte gospodarjenja z gozdovi v Sloveniji

Kristina Sever¹, Andrej Breznikar¹, Boris Rantaša¹, Hojka Kraigher²

1 Zavod za gozdove Slovenije (ZGS), Slovenija,

2 Gozdarski inštitut Slovenije (GIS), Slovenija,

EMAIL OF THE CORRESPONDING AUTHOR: kristina.sever@zgs.si

Dve predlagani smernici sta bili napisani v okviru projekta Lifegenmon: Smernice za zagotavljanje gozdnega reprodukcijskega materiala in Smernice za monitoring in ohranjanje genetske pestrosti. Njihov namen je izvajanje njihove vsebine v gozdnogospodarskih načrtih v Sloveniji, saj je ohranjanje gozdnega genetskega monitoringa izjemnega pomena za bodoče gozdove.

Genetska pestrost gozdov pomaga ohranjati prilagodljiv potencial gozdov na prihodnje okoljske razmere. Zato so vsi ukrepi za ohranjanje gozdne genetike namenjeni ohranjanju in povečevanju genetske raznovrstnosti bodočih gozdov. V smernicah za monitoring in ohranjanje genetske pestrosti so opisani ukrepi, ki pomagajo varovati genetsko pestrost.

Smernice za zagotavljanje gozdnega reprodukcijskega materiala dajejo nekaj splošnih informacij o gozdnem reprodukcijskem materialu, nadalje opisujejo smernice za gojenje in vzdrževanje gozdnih sestojev, pridelavo in uporabo gozdnega reprodukcijskega materiala, nego gozdnih genetskih rezerv in smernice za glavne drevesne vrste (*Fagus sylvatica*, *Abies alba*, *Picea abies*, *Quercus* sp., *Prunus avium*, *Fraxinus* sp., *Acer* sp. and *Larix decidua*) drevesne vrste, ki so potencialno primerne za rast v našem okolju (*Pseudotsuga menziesii*, *Juglans nigra* and *Robinia pseudoacacia*).

Ključne besede: smernice, gozdnogospodarski načrti, genetski monitoring, ohranjanje gozdnih genskih virov, gozdni reprodukcijski material



Uporaba zelene infrastrukture za odpornejša mesta v Grčiji

Alexandra D. Solomou¹, Evangelia V. Avramidou¹, Nikolaos Proutsos¹, Evangelia Korakaki¹, Konstantinia Tsagakari¹, George Karetsos¹, Aimilia B. Kontogianni², Konstantinos Kontos², Christos Georgiadis¹

1 Institute of Mediterranean & Forest Ecosystems

2 Homeotech Co

Zelena infrastruktura vključuje vsa točna urbana zelena območja in elemente ter ekološki poseg mestnih oblasti, ki je ključnega pomena za zagotavljanje številnih koristi za podporo zelenemu gospodarstvu, izboljšanju kakovosti življenja, zaščito biodiverzitete in izboljšanje sposobnosti ekosistemov za zagotavljanje storitve, kot so zmanjšanje tveganja nesreč, čiščenje vode, kakovost zraka, prostor za rekreacijo ter blaženje in prilagajanje podnebnim spremembam. Cilj projekta LIFE GrIn je vključiti perspektive prilagajanja na podnebne spremembe in ublažitve podnebja z upravljanjem in ohranjanjem zelene infrastrukture v lokalnem upravljanju v mestih z vzpostavitvijo integriranega političnega okvira s poudarkom na urbanih zelenih območjih (UZO). LIFE GrIn bo uporabil vsa razpoložljiva orodja in kazalnike na evropski ravni za pomoč pri strateškem načrtovanju in upravljanju UZO v okviru prilagajanja na podnebne spremembe in njihove blažitve. Program LIFE se je začel leta 2018 in traja 3.5 let. Pri projektu sodeluje šest različnih partnerjev iz Grčije. Znanstveni koordinator za izvajanje projekta je Inštitut za sredozemske in gozdne ekosisteme-HAO DEMETER, drugi partnerji pa so Družba za okoljsko upravljanje - Homeotech Co, Centralna zveza grških občin, grške občine Amarousion in Heraklion ter grško ministrstvo za okolje in Energija.

Ključne besede: urbana zelena področja, indikatorji, mesta, odpornost, upravljanje z UZO

Genetska struktura populacije rdeče lisice v Sloveniji

Manja Tišler¹, Felicita Urzi¹, Boštjan Pokorny^{2,3}, Gorazd Vengušt⁴, Rok Salobir¹, Diano Vengušt Žele⁴, Elena Bužan^{1,2}

- 1 University of Primorska, Faculty of Mathematics, Natural Sciences and Information Technologies, Glagoljaška 8, 6000 Koper, Slovenija
- 2 Environmental Protection College, Trg mladosti 7, 3320 Velenje, Slovenija
- 3 Gozdarski inštitut Slovenije, Večna pot 2, 1000 Ljubljana, Slovenija
- 4 Univerza v Ljubljani, Veterinary Faculty, Institute for Breeding and Health Care of Wild Animals, Fish and Bees, 1000 Ljubljana, Slovenija

Glede na prilagajanje urbanemu okolju je rdeča lisica (*Vulpes vulpes*) ena najbolj raziskanih vrst med evropsko favno. Je splošni in oportunistični hranilec, kar pojasnjuje njegovo uspešno prilagajanje na (sub)urbana območja. Urbani ekosistemi spreminjajo številne abiotske in biotske dejavnike ter posledično vplivajo na evlucijski potencial vrst. Razumevanje strukture metapopulacije vrst, vedenja in prepoznavanja pretoka genov populacije med obrobnimi primestnimi populacijami ali z osamljenih mest za vzorčenje v urbanih in podeželskih območjih je pomembno za ohranjanje in upravljanje (po) mestnih populacij. Raziskovali smo genetske posledice ovir znotraj in med mestnimi in podeželskimi območji na strukturo populacije rdeče lisice, vzorčene po vsej Sloveniji, srednji Evropi. Za genotip 70 rdečih lisic smo uporabili 19 mikrosatelitskih lokusov in izvedli osnovne analize populacijske genetike, da bi preučili genetsko strukturo in razpršeno vedenje tega mobilnega mezojedarja po urbani in podeželski pokrajini. Dali smo prvi vpogled v razlike genske raznolikosti in genske strukture med mestnimi in podeželskimi lisicami v Sloveniji glede na morebitne antropogene in / ali naravne ovire. Čeprav je rdeča lisica v Sloveniji zelo razširjena vrsta, lahko različne strukture (npr. Naravne in infrastrukturne ovire, naselja, urbano okolje) vplivajo in zmanjšajo njene selitvene / razpršene vzorce. Zato lahko identifikacija genskega toka, ki omogoča oceno potenciala širjenja vrst in povezljivosti populacij, pomaga razumeti naravo strukture subpopulacije vrst in morebitne omejitve njene funkcionalnosti. Z opredelitvijo razlik lahko bolje razumemo razpršenost drugih urbanih prostoživečih živali in napovemo, kako lahko prostorsko vedenje oblikuje gensko strukturo prebivalstva izven fizičnih ovir.

Ključne besede: rdeča lisica, genetska struktura populacije, urbani ekosistem, urbana ekologija, fragmentacija habitata, metapopulacija



Minimalne zahteve za genetski monitoring: Predlagan potek dela

Tourvas, N.¹; Westergren, M.²; Fussi, B.³; Bajc, M.²; Malliarou E.¹; Kavaliauskas, D.³; Farsakoglou A.M.¹; Kiourtsis F.⁴; Kraigher, H.²; Aravanopoulos, F.A.¹

1 Aristotle University of Thessaloniki, University Campus, 541 24 Thessaloniki, Greece

2 Gozdarski inštitut Slovenije, Vecna pot 2, 1000 Ljubljana, Slovenija

3 Bavarian Office for Forest Genetics, Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf, Germany

4 Decentralized Administration of Macedonia–Thrace, Greece

Glavni izziv za širše sprejemanje gozdnega genetskega monitoringa (FGM) je opredeliti minimalne in optimalne vire (število vzorčenih dreves in / ali lokusov), ki so potrebni za odkrivanje učinkov okoljskih sprememb s časovnimi ocenami genetske pestrosti populacij. Takšna validacija je še posebej pomembna pri določanju števila lokusov pri uporabi mikrosatelitov glede na heterogenost SSR markerja. V tej študiji predlagamo potek dela, ki naj se izvede znotraj shem genetskega monitoringa, da bi ocenili izvedljivost doseganja primerljive natančnosti ocen z manj viri. Izdelali smo podvorce, ki uporabljajo različno število lokusov (začenši od najbolj polimorfnega lokusa in zaporedno dodajanje preostalih) in z različnimi velikostmi vzorcev z vzorčenjem brez nadomestnih posameznikov iz obsežnih empiričnih podatkovnih nizov (populacije *Abies alba* / *borisii-regis* in *Fagus sylvatica* od $n = 200$ do $n = 400$). Nato smo izračunali parametre genetske raznovrstnosti (alelna bogastvo, pričakovana / opazovana heterozigotnost, F_{ST}) in njihovo varianco, da ocenimo dinamiko parametrov pri različnih specifikacijah vzorca. Ta analiza ponuja dragocen vpogled v optimizacijo vzorčenja in prispeva k vzpostavitvi biomonitoringa na genetski ravni kot ekonomsko izvedljiva strategija zaščite. Njegov pomen je tudi v tem, da za ocene parametrov uporablja obsežne realne podatkovne nize in ne simulacije.

Ključne besede: genetski monitoring, velikost vzorca, mikrosatelitki markerji

Ocenjevanje negativnih učinkov hude okužbe s pepelasto plesnijo na fluorescenco klorofila in značilnosti listnih rež *Quercus robur* L.

Erna Vaštag¹, Saša Orlović², Lazar Kesić², Srđan Stojnić²

1 University of Novi Sad, Faculty of Agriculture, Trg Dositeja Obradovića 8, Novi Sad 21000, Serbia

2 University of Novi Sad, Institute of Lowland Forestry and Environment (ILFE), Antona Čehova 13d, Novi Sad 21000, Serbia

Hrastova peplovka (*Erysiphe alphitoides* (Griffon in Maubl.) U. Braun in S. Takam.) je bila obravnavana kot najpogostejši foliarni patogen hrastov, ki izkorišča škodljive učinke, zlasti na mlade sadike. Za oceno, ovrednotenje in spremljanje teh negativnih učinkov je bil postavljen poskus v polkontroliranih razmerah, ki je bil sestavljen iz 10 enoletnih sadik *Quercus robur* L. brez bolezni in enakega števila sadik s 50% in 75 % pokritosti listov z epifitskim micelijem hrastove pepelnice. Med poskusom je okužba napredovala po naravnem poteku in na koncu so listi prve okužene zdravljenе skupine dosegli 75-odstotno pokritost z epifitskim micelijem, druga okužena skupina pa je napredovala do 100-odstotne pokritosti z okužbo listov. Vsi opaženi parametri fluorescentnega prehodnega učinka klorofila so se izkazali za zelo učinkovite pri ocenjevanju in spremljanju hudega biotskega stresa, ki ga povzroča hrastova pepelasta plesen. Poleg tega so bili preučevani parametri počasne fluorescenčne kinetike pod občutnim negativnim vplivom, pri čemer so koeficient nefotokemičnega kaljenja fluorescence in parametri ne-fotokemičnega kaljenja fluorescence Stem-Volmer pokazali najhitrejši odziv na opaženi biotski stres. Upoštevajoč značilnosti listnih stomatal je bilo zmanjšanje širine celične zaščitne celice v skladu s povečanjem stomatalne gostote izpostavljeno kot zaščitni mehanizem *Q. robur* pred stresorjem. Splošni rezultati so pokazali škodljive učinke okužbe s pepelasto plesnijo na fotosintetični aparat sadik hrasta lužnjaka, ki je pravočasno napredoval in je bil odvisen od resnosti okužbe.

Ključne besede: biotski stres, epifitski micelij, fluorescenca klorofila, dob, gostota listnih rež



Drevesni obrazi: gozdna genetika na dosegu roke - Izbor diseminacijskih dejavnosti v Nemčiji

Mark Walter, Barbara Fussi, Darius Kavaliauskas

V okviru projekta je Bavarski Urad za Genetiko gozdov (AWG) razvil komunikacijski koncept za posredovanje informacij o gozdovih na splošno, gozdarstvu, podnebnih spremembah in genetiki gozdov določenim ciljnim skupinam. Eden glavnih izzivov je bil razviti posebne delavnice za otroke, mlajše od 10 let. Otroci so recimo v programu »Gozd ima veliko obrazov« prejeli osnovno znanje o odnosu med gozdnimi drevesi. Bavarske šole so pokazale posebno zanimanje za tematski poudarek "Gozd v podnebnih spremembah". Skoraj 250 šolskih razredov se je prijavilo na enega od 40 načrtovanih dogodkov.

Poleg tega je delovna skupina organizirala številne dogodke za dvig splošne ozaveščenosti o pomenu biotske raznovrstnosti, na primer „Dan gozdnih izkušenj“ za družine, kjer je več kot 21 regionalnih institucij lahko predstavilo svoje glavne teme na tematiko „Pestrost gozdov“ ali simpozij za študente rezbarstva lesa z geslom "Domače živali v podnebnih spremembah - zmagovalci in poraženci" z velikimi hrastovimi debli, ki so se v poletnih nevihtah porušili.

V okviru posebnih tečajev usposabljanja je nemška ekipa Lifegenmon Team študentom in gozdarjem razložila pomen in postopke genetskega monitoringa gozdov. Ker je znanstveno sodelovanje na mednarodni ravni v času podnebnih sprememb nepogrešljivo, so številni raziskovalci iz tujine obiskali gozdne ploskve projekta, kjer so raziskovalci projekta razložili najboljši postopek za vzpostavitev sistema dolgoročnega genetskega monitoringa gozdov. Poleg tega je AWG predstavila različne rezultate na nacionalnih in mednarodnih konferencah, kot sta Interforst v Münchnu ali IUFRO v Braziliji.

Aplikacija Seedhunter

Mark Walter, Barbara Fussi, Darius Kavaliauskas, Peter Železnik, Xrysi Sarvani, Ermioni Malliarou, Katja Sonnenschein

Z »Seedhunter« je Bavarski Urad za Genetiko gozdov (AWG) razvil gozdarsko pedagoško aplikacijo za Android, ki mlajše ljudi pošilja v gozd na lov za drevesnimi semeni. Semena so virtualni predmeti, ki jih lahko partnerji projekta in sodelujoči v državnih gozdovih postavijo v izbrane gozdove, ki si jih je vredno ogledati. Za zbiranje virtualnega semena mora igralec pristopiti s pametnim telefonom in ga shraniti v tako imenovani »Shrambo Semen oz. Seed Safe« v aplikaciji. Za vsako zbrano seme je igralec nagrajen s točkami. Redke vrste je težje najti, vendar dajejo višjo oceno. Lestvica oz. uvrstitveni seznam omogoča igralcu, da tekmuje z drugimi in postane najuspešnejši »Seedhunter«.

V »Seed Safe« zainteresirani najdejo dodatne informacije o drevesnih vrstah in njihovih semenih. Informacije so napisane po težavnosti od preprostih do zapletenih. Uporabnik bo lahko poleg splošnih značilnosti drevesne vrste našel tudi informacije o tipičnem kraju odkritja in gojenju pravega semena. Zato je shramba semen zanimiva tako za začetnike, kot tudi za izkušene gozdne navdušence.

Seedhunter namerava na igriv način opozoriti na pestrost gozdov in redke drevesne vrste. Poleg vidikov gozdne pedagogike je bil glavni vidik koncepta tudi to, da se igralni izziv Seedhunterja odvija zunaj, v najdragocenejših gozdovih narave in ne doma na kavču. Za zmago mora igralec obiskati čim več gozdov.



Smernice za izvajanje genetskega monitoringa na terenu: *Fagus sylvatica* L.

Marjana Westergren¹, Paraskevi Alizoti³, Phil Aravanopoulos³, Marko Bajc¹, Gregor Božič¹, Andrej Breznikar⁴, Rok Damjanič¹, Natalija Dovč¹, Domen Finžgar¹, Barbara Fussi², Darius Kavaliauskas², Kristina Sever⁴, Katja Kavčič Sonnenschein¹, Hojka Kraigher¹

- 1 Gozdarski inštitut Slovenije (GIS), Slovenija,
- 2 Bavarian Office for Forest Genetics (AWG), Germany,
- 3 Aristotle University of Thessaloniki (AUTH), Greece,
- 4 Zavod za gozdove Slovenije (ZGS), Slovenija

Evropska bukev (*Fagus sylvatica*) je enodomna, sestojno oblikovan listavec, prisotna v večini Evrope. Ta zelo konkurenčna in na senco odporna drevesna vrsta se lahko naravno obnavlja v neprekinjenih gozdnih sistemih in je sposobna izkoristiti proizvodno zmogljivost gozdnih tal bolje kot mnoge druge vrste. Kot ekološko pomembna vrsta z gostim / močnim lesom je ta vrsta dober kandidat za genetski monitoring.

Smernice na kratko opisujejo evropsko bukev, njeno razmnoževanje, okolje in grožnje. Zagotavljajo navodila za vzpostavitev ploskev genetskega monitoringa in spremljanje vseh verifikacij na terenu.

Poudarek je na posebnostih genetskega monitoringa evropske bukve v primerjavi z drugimi vrstami.

Ključne besede: navadna bukev, genetski monitoring, terenski verifikatorji

Smernice za izvajanje genetskega monitoringa na terenu: *Fraxinus excelsior*

Marjana Westergren¹, Marko Bajc¹, Dalibor Ballian^{1,2}, Andrej Breznikar³, Rok Damjanić¹, Natalija Dovč¹, Barbara Fussi⁴, Darius Kavaliauskas⁴, Peter Železnik¹, Katja Kavčič Sonnenschein¹, Hojka Kraigher¹

- 1 Gozdarski inštitut Slovenije (GIS), Slovenija,
- 2 University of Sarajevo, Forestry Faculty, Bosnia and Herzegovina,
- 3 Zavod za gozdove Slovenije (ZGS), Slovenija,
- 4 Bavarian Office for Forest Genetics (AWG), Germany

Veliki jesen (*Fraxinus excelsior*) je poligamna, razpršena listnata vrsta, prisotna po vsej Evropi, razen na najbolj sušnih sredozemskih območjih. Tesno je povezan z ozkolistnim jesenom, s katerim se križa (hibridizira). Ta vrsta je zaradi velikega ekološkega pomena in uporabnosti v lesni industriji glavna vrsta za genetski monitoring.

Smernice na kratko opisujejo navadni jesen, njegovo razmnoževanje, okolje in grožnje. Zagotavljajo navodila za vzpostavitev ploskev genetskega monitoringa in spremljanje vseh verifikacij na terenu.

Poudarek je na posebnostih genetskega monitoringa evropske bukve v primerjavi z drugimi vrstami.

Ključne besede: veliki jesen, genetski monitoring, terenski verifikatorji

Index of Authors

- Alia, 4
 Alizoti, 8, 9, 10, 28, 29, 30, 31, 45, 46, 49, 50, 55, 56, 57
 Andonovski, 31, 37, 52
 Antonucci, 58
 Aravanopoulos, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 19, 21, 26, 28, 29, 30, 31, 35, 40, 45, 46, 47, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 59, 60, 80
 Archambeau, 4
 Avramidou, 20, 26, 29, 31, 36, 52, 59, 84, 85
 Baier, 52
 Bajc, 7, 9, 10, 11, 19, 21, 23, 28, 30, 31, 36, 37, 40, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 53, 54, 59, 60, 75
 Baldrian, 16, 76
 Baliuckas, 67
 Ballian, 10, 31, 37, 44, 46, 47, 48, 50, 52, 53
 Baloh, 13, 19, 36, 40, 83
 Barbas, 8, 10, 30, 31, 46, 50, 56, 57
 Barraquand, 4
 Becker, 62
 Bekiaroglou, 8, 11, 19, 31, 35, 56, 57, 80
 Belletti, 26
 Belovarska, 31, 37
 Benito-Garzón, 4
 Bončina, 71
 Bordac, 52
 Bordacs, 31, 47
 Bozzano, 17
 Božič, 10, 19, 31, 36, 38, 40, 45, 46, 47, 50, 52, 55, 58
 Bragazza, 78
 Brailey-Jones, 27, 31, 74
 Breznikar, 10, 19, 31, 32, 36, 40, 45, 46, 48, 50, 51, 52, 64, 65, 83
 Bužan, 70, 71, 72, 79
 Castaldi, 58
 Çengel, 24
 Chasilidis, 8, 11, 31, 56, 57
 Chiavetta, 58
 Ciabatti, 13
 Cottrell, 61
 Cvrčková, 43
 Čáp, 43
 Čufar, 39
 Dagher Kharrat, 15
 Damjanić, 10, 11, 19, 21, 23, 27, 31, 32, 37, 40, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 53, 54, 55, 58
 Danusevičius, 67
 de Dato, 26
 De Luis, 39
 de Miguel, 4
 Dostál, 43
 Dovč, 10, 11, 19, 23, 31, 32, 40, 45, 46, 47, 48, 50, 53, 54, 55
 Ducci, 26
 Duniš, 79
 Eler, 63
 Elizoti, 19
 Ennos, 61
 Eusemann, 62
 Fady, 34
 Farsakoglou, 59, 60
 Ferlan, 63, 74
 Finžgar, 8, 10, 11, 31, 36, 40, 45, 46, 50, 54, 55, 56, 57, 61, 75, 83
 Flajšman, 70
 Fracasso, 78
 Fragkiskakis, 19, 35
 Frýdl, 43
 Fulín, 43
 Fussi, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 21, 28, 30, 31, 36, 40, 41, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 59, 60, 62, 67, 81, 82
 Galović, 68
 Ganopoulos, 26, 52
 Garfi, 58
 Georgiadi, 8, 19, 40, 57, 80
 Georgiadis, 85
 Georgiadou, 35
 Gerič, 70
 Giammarchi, 78
 Giannelle, 78
 Godbold, 14
 González-Martínez, 4, 21, 23
 Gounaris, 84
 Grebenc, 19, 40, 73
 Gregorič, 36, 64, 83
 Gričar, 38, 39, 74
 Grivet, 22
 Guillardin, 33
 Hasilidis, 19, 35, 80

- Heinze, 47
 Hermanowicz, 18
 Höltken, 62
 Hrenko, 19, 40, 55
 Iacolina, 71
 Ivanković, 31, 37, 52
 Jiménez-Ramírez, 22
 Kahlert, 62
 Kajba, 31, 52
 Kandemir, 24
 Kaplan, 24
 Karaklić, 42
 Karetsos, 84, 85
 Karopka, 62
 Kätzel, 62
 Kavaliauskas, 7, 8, 9, 10, 11, 19, 21, 28, 30, 31, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 59, 60, 67, 81, 82
 Kavčič Sonnenschein, 10, 19, 31, 36, 40, 45, 46, 48, 50, 51, 64, 82, 83
 Kebert, 68
 Kermavnar, 55, 63, 66
 Kersten, 62
 Kesić, 42, 77
 Kiourtsis, 6, 7, 8, 11, 19, 28, 30, 31, 35, 36, 40, 52, 56, 57, 60
 Kobler, 63
 Kohout, 76
 Konnert, 6, 11, 31, 51, 52
 Konrad, 25, 52
 Kontogianni, 84, 85
 Kontos, 84, 85
 Korakaki, 84, 85
 Kovačević, 68
 Kraigher, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 13, 19, 21, 27, 28, 30, 31, 32, 35, 36, 37, 38, 40, 44, 45, 46, 47, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 59, 60, 64, 65, 73, 74, 75, 83
 Krajnc, 38
 Kuchma, 62
 Kunz, 62
 Kutnar, 63, 66
 Lamentowicz, 78
 Lanšćak, 13
 Leinemann, 62
 Liesebach, 62
 Logli, 13
 Lopez, 61
 Máchová, 43
 MacKay, 33
 Maček, 79
 Maliarou, 80
 Malliarou, 7, 8, 9, 10, 11, 19, 29, 30, 31, 35, 36, 40, 46, 50, 52, 57, 59, 60, 82
 Marinchel, 78
 Marinšek, 63
 Martinović, 31, 75, 76
 Mataruga, 31, 37
 Mattioni, 26
 Memišević Hodžić, 44
 Michiels, 41
 Milović, 42
 Miozzo, 13
 Monteverdi, 58
 Mrak, 74
 Mück, 41
 Nagel, 66
 Nedić, 79
 Neophytou, 41
 Nocentini, 13
 Novotný, 43
 Oddou-Muratorio, 23
 Orlović, 31, 37, 42, 52, 68, 77
 Öztürk, 24
 Paffetti, 13
 Papapetrou, 56
 Plomion, 4
 Pokorny, 69, 70, 71, 72, 79
 Potušek, 70, 71, 72
 Prislán, 38, 39
 Proietti, 58
 Proutsos, 84, 85
 Rantaša, 13, 19, 36, 40, 64, 65, 83
 Robledo-Arnuncio, 22
 Rose, 62
 Rossi, 39
 Rousakis, 19, 35, 56
 Salobir, 69
 Sarvani, 8, 19, 35, 36, 40, 57, 80, 82
 Schlosser, 41
 Schuck, 32
 Scotti, 12
 Seegmüller, 41
 Semizer-Cuming, 41
 Sever, 31, 32, 36, 45, 51, 64, 65, 83
 Silvio Schueler, 5
 Solomou, 84, 85
 Stojnić, 26, 31, 37, 42, 77
 Szabados, 68
 Šibanc, 19, 21, 27, 31, 37, 40, 73, 74



Štraus, 74
Štupar, 19, 40
Tayanç, 24
Teani, 26
Tišler, 69
Tonon, 78
Tourvas, 7, 9, 10, 21, 28, 29, 30, 31, 46, 50, 56,
60
Travaglini, 13
Trčková, 43
Tröber, 62
Tsagkari, 84, 85
Unuk Nahberger, 19, 40, 73
Urzi, 69, 79
Vaštag, 42, 77
Vengušt, 69
Vengušt Žele, 69
Vernesi, 78
Veselič, 36, 52
Vettori, 13
Vilhar, 19, 36, 40, 83
Vlachaki, 84
Vodlan, 19, 40
Voth, 62
Vujnović, 47
Walter, 19, 36, 40, 81, 82
Westergren, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 13, 21, 23, 28, 30,
31, 36, 37, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54,
55, 56, 57, 59, 60, 83
Wolf, 62
Zudin, 32
Železnik, 19, 36, 40, 48, 64, 73, 82, 83
Žižek Kulovec, 19, 40