

RAFFAELLO GIANNINI (*) - MARCO BORGHETTI (**)

VALUTAZIONE DELLA BIODIVERSITÀ PER LA GESTIONE DEI SISTEMI FORESTALI

FDC 180 : 907

Vengono presentati concetti generali riguardanti la biodiversità forestale e l'importanza della sua conservazione ai fini della gestione sostenibile degli ecosistemi forestali. Vengono inoltre presentati degli esempi di analisi della biodiversità in ecosistemi forestali meridionali, facendo riferimenti sia a studi di tipo strutturale e di variabilità spaziale sia a studi sulla diversità genetica condotti attraverso l'impiego di metodologie molecolari.

CARATTERISTICHE E IMPORTANZA DELLA BIODIVERSITÀ FORESTALE

Il termine biodiversità è ormai ampiamente usato anche se è difficile formulare una definizione di valenza generale. Generalmente con esso ci si riferisce alla variabilità biologica, definita sia in rapporto al numero sia alla frequenza delle differenti «entità» che possono essere prese in considerazione ai diversi livelli di organizzazione, da quello dei geni e delle loro forme alleliche fino, attraverso gli individui le popolazioni e le specie, a quello dell'ecosistema (KAENNEL, 1998, PURVIS & HECTOR, 2000). Questa definizione evidenzia due aspetti importanti: il primo è relativo al fatto che non deve essere considerato solo il numero delle diverse «entità» ma anche, e soprattutto, la loro frequenza; il secondo è riferito alla necessità di considerare nel loro insieme i livelli di organizzazione biologica.

(*) DISTAF - Università degli Studi di Firenze.

(**) Dipartimento di Produzione Vegetale - Università degli Studi della Basilicata, Potenza.

La biodiversità dell'ecosistema forestale è, in buona parte, dovuta all'eterogeneità dell'ambiente, che di fatto si presenta come un mosaico di microambienti, che cambiano a loro volta con il passare del tempo anche se, a causa della lunghezza dei cicli biologici, le foreste potrebbero erroneamente apparire come comunità piuttosto «statiche». In molti casi, il dinamismo è connesso alla successione di specie diversamente tolleranti l'ombra e alla presenza, nelle specie, di stadi di sviluppo in cui le piante manifestano una diversa norma di reazione ai fattori ambientali.

A livello di specie la biodiversità si identifica nella variabilità genetica tra ed entro le entità sottospecifiche. Nel caso degli alberi forestali, dove molti caratteri importanti sono sottoposti a controllo multigenico e dove l'eterozigosi è dominante, la valutazione della diversità genetica e delle sue implicazioni funzionali riguarda da una parte la ripartizione, nello spazio e nel tempo, della distribuzione delle frequenze geniche e genotipiche, dall'altra la relazione tra le caratteristiche genetiche, il successo riproduttivo e le potenzialità di crescita degli individui.

Gli alberi forestali sono caratterizzati da un'ampia variabilità genetica dovuta, in prima istanza, alla quantità di DNA e alla loro plasticità genomica. Gli elevati flussi pollinici, la grande dispersione del seme e le peculiarità del sistema riproduttivo portano a un intenso e continuo rimaneggiamento genico. La conseguenza di ciò è il fatto che le specie forestali sono grandi «serbatoi» di diversità genetica.

Il valore ecologico della biodiversità è riconosciuto in relazione alla produttività, alla dinamica e alla stabilità degli ecosistemi forestali. L'azione antropica ha per lungo tempo modificato gli ecosistemi naturali, imponendo catene trofiche semplificate e spesso determinando stadi di serio degrado, in parte con azione diretta, in parte in modo indiretto attraverso alterazioni ambientali quali l'inquinamento BORGHETTI & GIANNINI (1998). Si è visto che ecosistemi troppo semplificati sono esposti maggiormente agli estremi climatici e alle epidemie, qualora non vengano sorretti dall'uomo con forti input di energia. Tuttavia, ancora scarse sono le conoscenze sui meccanismi attraverso i quali la perdita di diversità provoca la perdita di funzionalità e stabilità degli ecosistemi. Anche la conservazione di specie ed entità «minori» assume importanza quando queste svolgano il ruolo di indicatori ecologici potendo diventare, in particolari momenti, preziosi campanelli di allarme della qualità dell'ambiente.

A livello mondiale, anche in relazione alla forte pressione di pareri e preoccupazione, si è operato per pervenire ad una definizione delle priorità di conservazione. Ovvero si è cercato di operare per raggiungere l'obiettivo di sponsorizzare la conservazione della più alta quantità di specie con il più basso costo.

Ciò ha consentito di individuare, 25 «hotspots» che interessano l'1.4% della superficie della terra, ovvero le aree geografiche dove concentrazioni eccezionalmente elevate di specie endemiche sono soggette ad una eccezionale perdita di identità ambientale (GINSBERG, 1999; MYERS *et al.*, 1988; 1990; 2000).

Negli ultimi anni, le prospettive di «cambiamento globale» hanno indotto a dedicare attenzione all'individuazione dei meccanismi che le specie e le popolazioni mettono in atto per «adattarsi» al cambiamento. In relazione a tale problematica, è di certo importante appurare se esistono le condizioni per l'adattamento delle popolazioni, ovvero se sono presenti, all'interno di queste, individui capaci di adattarsi a scenari ambientali mutevoli. Il fatto che si tratti di organismi di «lunga vita», come gli alberi forestali, induce a porre attenzione agli aspetti dinamici del processo di adattamento, il quale è regolato sia dalla velocità del cambiamento ambientale sia dall'intervallo di tempo che intercorre fra le generazioni. Una bassa variabilità riduce le capacità adattative con modifiche tanto più consistenti quanto più alto è il ruolo delle singole specie nel controllo della funzionalità dell'ecosistema.

È evidente che quando tentiamo di definire e stimare la biodiversità e quantificare le interrelazioni esistenti con i processi funzionali a livello di ecosistema, miriamo ad acquisire informazioni di rilievo ai fini della conservazione e della corretta gestione del sistema forestale. In particolare, appare evidente come la conoscenza delle risorse genetiche, e dei processi che ne determinano la distribuzione nello spazio e nel tempo, rappresenta una componente importante per le scelte selvicolturali. Più in generale, si può affermare che solo attraverso la salvaguardia della biodiversità mediante i metodi della gestione forestale «sostenibile» possiamo conservare alle foreste la capacità di svolgere appieno le loro importanti funzioni.

METODI ED ESEMPI DI ANALISI DELLA BIODIVERSITÀ FORESTALE

È stato detto che la biodiversità si manifesta in modi diversi a differenti livelli. Per molti di questi, soprattutto ai gradi più alti di integrazione biologica, notevole è stato lo sforzo per mettere a punto metodologie di rilievo e di analisi che ne consentissero la descrizione. Metodologie alla cui messa a punto si sono dedicati botanici, fitogeografi, fitosociologi, ecologi ecc. In molti casi hanno prevalso gli aspetti descrittivi, più raramente sono stati considerati anche gli aspetti funzionali della biodiversità. Nel caso delle comunità forestali gli approcci descrittivi e funzionali tradizionali fanno riferimento all'analisi della composizione specifica degli strati arbustivi ed

arborei, alle distribuzioni di frequenza degli individui in funzione delle dimensioni e del loro stato sociale, allo studio delle relazioni fra la fertilità stazionale e le potenzialità di rinnovazione e di crescita, allo studio della localizzazione spaziale e delle ubicazioni preferenziali per la rinnovazione naturale, all'analisi architettonica e alle tendenze aggregative degli individui nelle varie fasi di sviluppo (ODELMAN, 1990; PIUSSI, 1994).

Si tratta di indagini che possono avere riflessi applicativi. Ad esempio, nella Fig. 1 vengono riportati i risultati di uno studio¹ in cui si dimostra che i parametri della biodiversità, vegetazionale indice di Shannon, ovvero indice di Shannon-Weaver (KREBS, 1985) ed indice composto β diversità (WHITTAKER, 1960, 1977; MAGURRAN, 1988), variano significativamente in funzione delle caratteristiche ambientali e delle modalità del trattamento selvicolturale (taglio di curazione) in boschi di abete rosso del Cadore campionati lungo un gradiente altimetrico (GIANNINI *et al.*, 2001).

Nel caso dei boschi misti dell'Italia meridionale studiati nell'ambito del progetto P.O.M. B28, si riportano qui di seguito due casi di analisi della diversità: un caso in cui l'analisi della diversità è consistita nella rappresentazione delle caratteristiche della struttura spaziale di una comunità forestale mediante la tecnica dell'autocorrelazione spaziale e un caso in cui lo studio della diversità genetica a livello specifico è stato condotto mediante l'impiego di marcatori molecolari.

Caso 1: struttura spaziale del consorzio d'alta quota faggio/pino loricato

Il metodo dell'autocorrelazione spaziale (ACS) permette di valutare l'esistenza di pattern nella distribuzione degli individui nello spazio. Consente cioè di vedere se le piante tendono o meno ad aggregarsi in relazione a qualche loro caratteristica, pervenendo quindi a una migliore apprezzamento della «diversità» strutturale della cenosi.

Il metodo dell'ACS è stato applicato per valutare e interpretare possibili pattern nella distribuzione spaziale degli individui nell'ambito del consorzio di alta quota faggio/pino loricato del Monte Pollino (Basilicata), dove sono state definite aree di studio sui costoni della Serra di Crispo e Serra della Ciavole (Comune di San Severino Lucano, PZ) in prossimità del limite della vegetazione arborea, ad una quota di 1800-2000 m, in zona di tensione ecotonale. All'interno di tre grandi aree di saggio (4000-10000 m²) si è provveduto al censimento e alla mappatura di tutte le piante di faggio e

¹ Si è operato seguendo in parte quanto indicato nell'ambito del programma europeo ICP Forest (International Cooperative Programme on the Assessment and Monitoring of Air Pollution Effects on Forests) circa le metodologie da impiegare nel settore del monitoraggio (Pan - European Programme for Intensive Monitoring of Forest Ecosystems) (NEUMANN & STARLINGER, 2001).

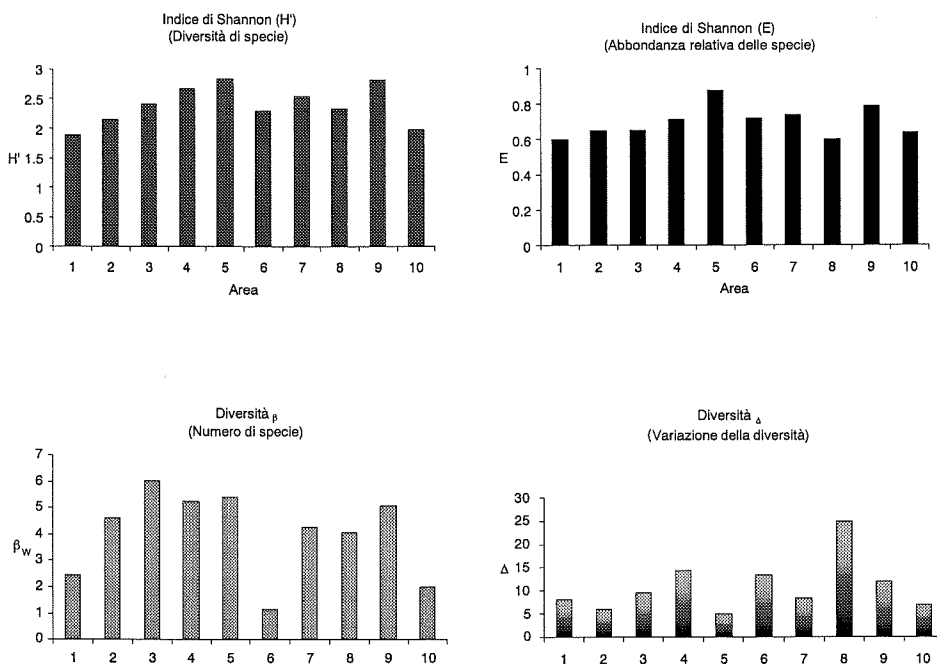


Fig. 1 – Risultati di uno studio sulla biodiversità vegetazionale in boschi di abete rosso campionati lungo un gradiente altimetrico in Cadore (dalla 1 alla 10 le aree sono ordinate in funzione dell'altitudine crescente, da 1350 a 1900 m slm). È evidente come i valori degli indici utilizzati siano strettamente legati alle condizioni stazionali ed al trattamento selvicolturale (in GIANNINI *et al.*, 2001).

di pino loricato e alla misura di diametro, altezza, e area di insidenza della chioma di ciascuna pianta. Sui dati raccolti nelle tre aree di saggio è stata eseguita l'analisi dell'autocorrelazione spaziale secondo Moran. L'indice di Moran I , che assume valori fra 0 e 1, è una misura dell'autocorrelazione di una variabile misurata in diverse posizioni di coordinate topografiche note. Si definisce nel modo seguente:

$$I(h) = N(h) \frac{\sum \sum z_i \cdot z_j}{\sum z_i^2}$$

dove:

$I(h)$ = indice di autocorrelazione per la classe di distanza h ;

z_i = valore della variabile al punto i ;

z_j = valore della variabile al punto $i+h$.

L'indice I viene calcolato per tutte le possibili coppie di punti nel data set, assegnando ogni coppia a una determinata classe di distanza. La rappresentazione di I in funzione della classe di distanza prende il nome di autocorrelogramma.

Nella maggior parte dei casi l'analisi ACS ha messo in evidenza che l'indice I non varia in funzione della distanza (autocorrelogrammi «piatti»), confutando l'ipotesi dell'esistenza di pattern di aggregazione spaziale delle singole variabili misurate (diametro, altezza, area d'insidenza) (Fig. 2a). Si tratta, invero, di autocorrelogrammi del tutto compatibili con una comunità che tende a strutturarsi «per gruppi» all'interno dei quali convivono, come è frequente osservare nelle cenosi di alta quota, piante con diverse caratteristiche dimensionali. Un aspetto rilevante della biodiversità in questo tipo di comunità sembra rappresentata quindi dalla presenza di *patches* ambientali in cui si alternano condizioni idonee per la rinnovazione e lo sviluppo delle piante, dove si formano i gruppi, a condizioni invece inospitali per tale sviluppo. Invero, l'analisi ACS condotta su di un sottoinsieme dei dati (piantine «giovani», con altezza inferiore ad 1 metro) mette in evidenza qualche pattern di aggregazione spaziale (Fig. 2b), suggerendo proprio l'idea dei «cespi» di rinnovazione. L'apprezzamento quantitativo della diversità strutturale di queste delicate cenosi di altitudine può costituire un'indicazione utile anche dal punto di vista applicativo, ad esempio per meglio indirizzare e modulare eventuali interventi di sostegno alla rinnovazione naturale.

Caso 2: diversità genetica di popolazioni di faggio mediante marcatori molecolari

L'uso di tecniche molecolari si sta dimostrando di grande utilità nelle indagini sulla variabilità genetica. La tecnica RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) mette in evidenza le differenze sulla base delle diverse lunghezze di frammenti che si ottengono nel DNA estratto e trattato con particolari enzimi di restrizione. Un altro metodo che mette in evidenza polimorfismi a carico della sequenza nucleotidica consiste nell'amplificazione tramite reazione a catena della DNA polimerasi di DNA utilizzando primer casuali (RAPD *Random Amplified Polymorphic DNA*). Per studi di polimorfismi questi metodi sono stati affiancati da altri come l'analisi dei microsatelliti, sequenze disperse nel genoma che presentano ripetizioni di poche basi generalmente 2-6. Questa analisi permette di evidenziare un alto grado di polimorfismo e quindi può risultare utile per studi di fingerprinting e di genetica di popolazione.

a) Variabilità genetica a livello del genoma plastidiale (cpDNA)

Sono state analizzate due regioni del cpDNA (DT e OA) (DEMASURE

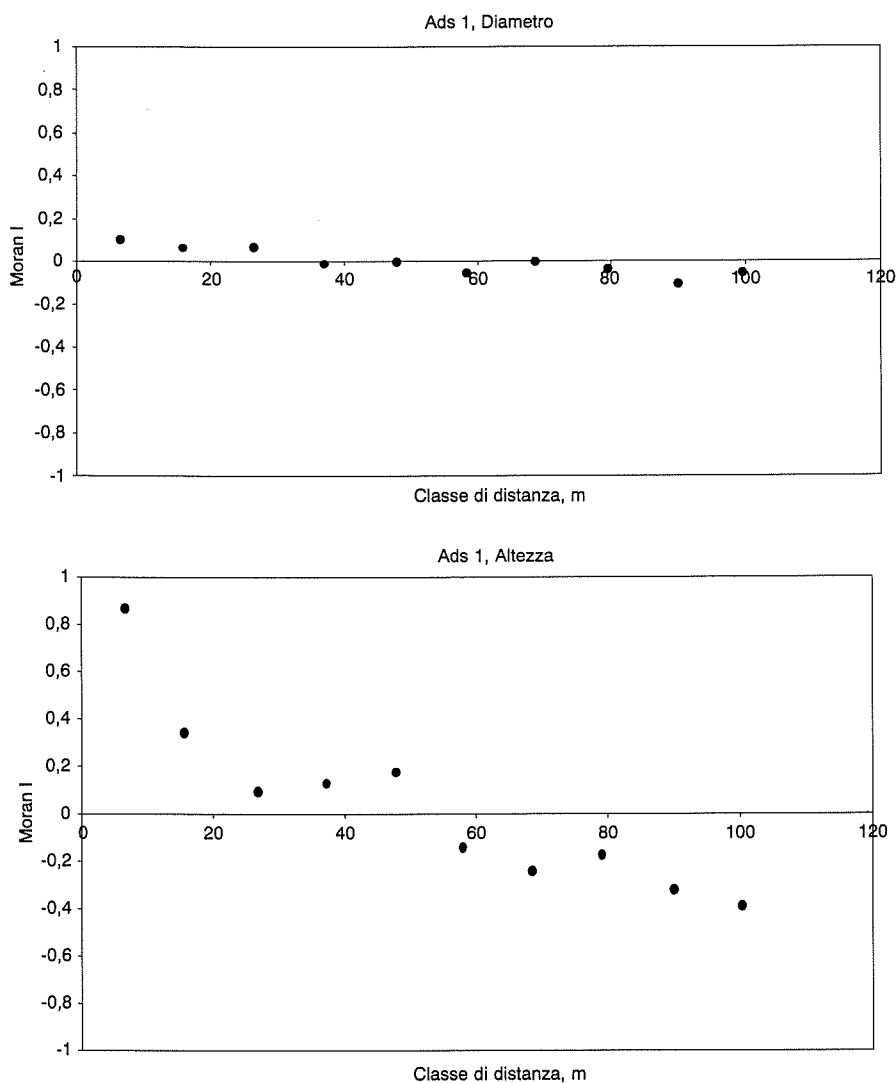


Fig. 2 (a e b) – Analisi dell'autocorrelazione spaziale nelle aree di saggio del Monte Pollino. a) pannello in alto; autocorrelogramma di Moran per il diametro delle piante. b) pannello in basso; autocorrelogramma di Moran per l'altezza delle piante, considerando solo le piantine con altezza inferiore a 1 m.

et al. 1996) con tecniche molecolari che fanno uso di PCR ed RFLP. Queste due zone sono state amplificate con *primer* specifici ed il prodotto di amplificazione è stato sottoposto a digestione enzimatica rispettivamente con gli enzimi di restrizione *Hae*III e *Hinf* I. L'analisi è stata condotta su 19 popolazioni del sud Italia (Tab. 1).

Tab. 1 – Popolazioni di faggio analizzate.

Popolazioni	N° Individui	Long.	Lat.	Quota m (s.l.m.)
Monte Taburno (Montesarchio, BN)	5	13.38	41.04	1000-1100
Laghi di Monticchio (Rionero Vulture, PZ)	5	15.39	40.56	650
Passo Crocelle (San Fele, PZ)	5	15.35	40.48	1100
Bosco Ponte Pasquino (Laurenzana, PZ)	5	16.02	40.24	1000
Tesi San Puglia (Viggiano, PZ)	5	15.57	40.23	1200
Cugno Curnone (Terranova Pollino, PZ)	5	16.16	39.59	1300-2000
Monte Volturino (Marsico Nuovo, PZ)	5	15.44	40.25	1400
Monte Caruso (Avigliano, PZ)	5	15.44	40.44	1220
Acqualonga (Fuscaldo, CS)	5	16.07	39.25	1020
Varco San Mauro (Rose, CS)	5	16.26	39.25	1200
Macchialonga (Spezzano Piccolo CS)	5	16.24	39.17	1300
Fago del Soldato (Camigliatello Silano, CS)	5	16.27	39.20	1500
Sila di Tasso (Spezzano Sila, CS)	5	16.24	39.17	1400
Foresta Gariglione (Sila Piccola, Villaggio Mancuso, CZ)	5	16.42	39.08	1400
Bosco di Stilo (San Nicola di Ferdinanda, CZ)	5	16.28	38.34	1150
Monte Basilicò (Reggio Calabria, RC)	5	15.53	38.09	1400
Monte Pecoraro (Serra San Bruno, CZ)	5	16.20	38.35	1200
Annunziata (Randazzo, Etna, CT)	5	14.57	37.53	1650
Monte Soro Nebrodi (Cesarò, ME)	5	14.43	37.50	1600

Tra tutte le popolazioni analizzate sono stati individuati 7 aplotipi ottenuti dalla combinazione dei frammenti polimorfici DT₂ e OA₂, rispettivamente delle regioni DT ed OA del cpDNA. La distribuzione geografica degli aplotipi delle popolazioni analizzate è illustrata nella Fig. 3.

Tramite l'analisi dell'«parsimonia» di Wagner e la costruzione di un albero «parsimonioso» è risultato che la maggior parte degli aplotipi (Apl) deriva in successione l'uno dall'altro per una singola mutazione. L'analisi statistica AMOVA (EXCOFFIER *et al.*, 1992), ha messo in evidenza che 85% della varianza è dovuto alle differenze tra le popolazioni, mentre solo il 15% è dovuto alle differenze fra gli individui all'interno delle popolazioni.

b) Variabilità genetica a livello del genoma nucleare

I profili di amplificazione ottenuti tramite metodica RAPD sono stati trasformati in vettori di stato presenza/assenza per cui è stato possibile calcolare una matrice di distanze genetiche utilizzata per un'analisi di varianza molecolare (AMOVA)

L'analisi di varianza ha messo in evidenza una bassa differenziazione tra le popolazioni di faggio analizzate, evidenziando come la maggior parte

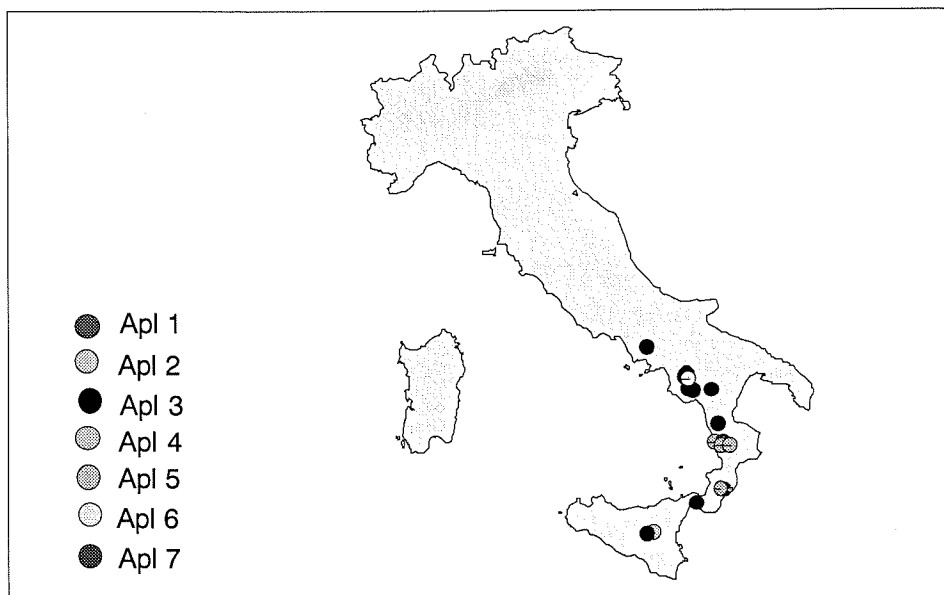


Fig. 3 – Variabilità genetica in popolazioni di faggio dell'Italia meridionale mediante marcatori PCR/RFLP cpDNA: distribuzione geografica degli aplotipi.

della diversità genetica sia imputabile alla componente relativa agli individui (fra individui).

Questo risultato è in accordo con studi effettuati con marcatori allozimici in popolazioni di faggio italiane ed europee (COMPS *et al.*, 1990; LEONARDI & MENOZZI, 1995; BALLETTI & LANTERI, 1996; THIEBAUT *et al.*, 1982; COMPS *et al.*, 1987; COMPS *et al.*, 1991; MULLER-STARCK, 1989; MULLER-STARCK & ZIEHE, 1991; KONNERT, 1995; LARSEN, 1996). In effetti l'ampio range geografico della specie e la lunghezza del ciclo vitale non possono essere sottovalutati in quanto risultano associati ad una alta variabilità genetica (HATTEMER, 1991).

Un'analisi più approfondita condotta locus per locus inter ed intrapopolazione ha permesso di determinare che:

- i) l'alta diversità genetica tra gli individui di una stessa popolazione ovvero l'elevato valore di distanza genetica tra gli individui è determinata da una serie di locus con assortimento allelico variabile;
- ii) l'elevato valore di omozigosi è dovuto ad una serie di locus, 43 su 70 (con una media di 19 su tutte le popolazioni, con valori massimi e minimi rispettivamente di 25 e 13), che all'interno di ogni popolazione si presenta in omozigosi per tutti gli individui che la compongono;

iii) la bassa differenziazione tra le popolazioni è determinata dalla numero di locus in stato di omozigosi condivisi da tutte le popolazioni.

In figura 4 è riportata la distribuzione tra le popolazioni considerate di 6 locus che si presentano frequentemente in omozigosi (almeno 8 popolazioni su 11).

Per quanto riguarda queste indagini si deduce che accanto ad una elevata variabilità genetica tra gli individui, le popolazioni del sud Italia, presentano una serie di locus in stato di omozigosi molto stabile che fa presupporre che l'attuale struttura genetica delle popolazioni sia stata determinata in massima parte dall'azione di una forte selezione.

È chiaro che operando a livelli differenziali di genomi (cloroplasto e genoma totale) emergono strutturazioni diverse della variabilità genetica inter e intrapopolazione. Difatti il genoma plastidiale nelle fagacee è ereditato per via materna e quindi non soggetto a ricombinazione genetica fra individui; questo fatto esalta la diversità genetica tra popolazioni.

L'analisi a livello di genoma cellulare mette in evidenza la variabilità genetica a carico dei tre genomi presenti tra i quali quello nucleare riceve il contributo di ambedue gli individui parentali risentendo degli effetti della ricombinazione.

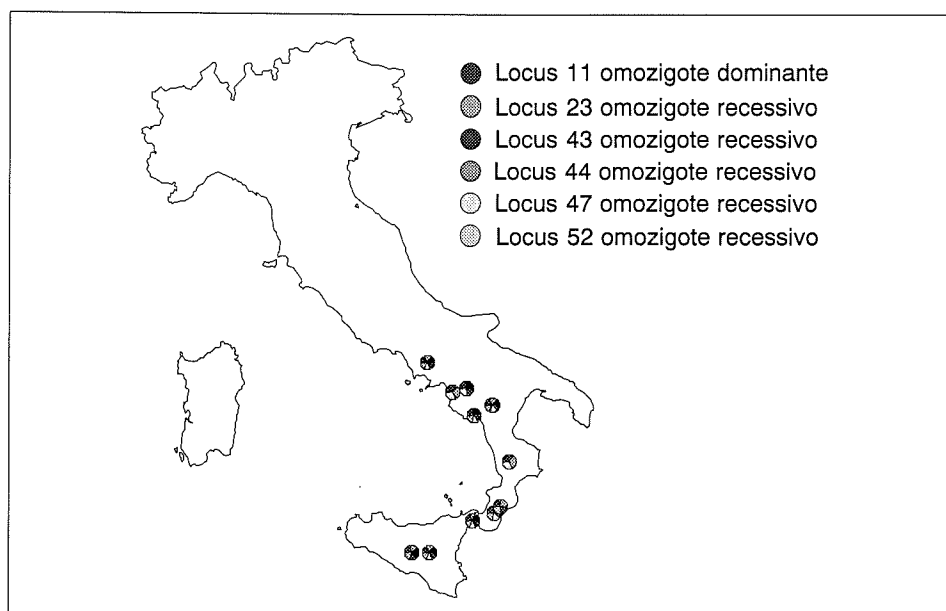


Fig. 4 – Variabilità genetica in popolazioni di faggio dell'Italia meridionale. Marcatori RAPD.

CONSIDERAZIONI FINALI

Mentre per quanto riguarda gli aspetti compositivi e strutturali «macroscopici» la biodiversità ha la possibilità di essere ben documentata – e alcune tecniche statistiche, come quella dell'autocorrelazione spaziale, forniscono ulteriori ausili in tal senso – più difficile è dare risposte circa i quesiti che coinvolgono le interrelazioni tra biodiversità e funzionalità degli ecosistemi forestali. In questo settore siamo di fronte a problemi oggettivi che riguardano sia la carenza di conoscenze sia le difficoltà oggettive dell'operatività sperimentale (TILMAN, 1999).

In generale, i processi ecosistemici tendono ad essere più variabili al decrescere della diversità, ovvero meno stabili e regolari. In altri termini la stabilità funzionale nei diversi ecosistemi è strettamente legata alla struttura e alla biodiversità così come la biodiversità è in stretta connessione con la stabilità e la funzionalità, deponendo a favore di una relazione diretta tra diversità e produttività ecosistemica (SCHULZE & MOONEY, 1994). Nel corso dello sviluppo della cenosi è d'altra parte frequente assistere a momentanee riduzioni della diversità che non si accompagnano a riduzioni di funzionalità. È il caso in cui nell'ambito del medesimo livello trofico (ad esempio lo strato di rinnovazione) le specie entrano in forte competizione e, in funzione della loro norma di reazione alle condizioni ambientali, sopravvivono e si sviluppano oppure regrediscono, senza però che ciò comporti instabilità per la cenosi. L'ecosistema forestale va quindi considerato nella sua dinamica complessiva, all'interno della quale possono configurarsi, per fasi cicliche spazio-temporali, situazioni molto diverse anche con drastiche riduzioni di biodiversità, ma comunque potenzialmente stabili.

È certamente importante tentare di caratterizzare in modo sempre più dettagliato i tratti ecofunzionali e quelli di diversità genetica e strutturale dell'ecosistema forestale nelle sue diverse fasi di sviluppo. A tal fine molto promettenti e potenti appaiono i metodi di indagine genetica fondati sull'uso dei marcatori molecolari e i metodi ecofisiologici che consentono di definire la funzionalità sia a livello di specie sia di popolazione e di cenosi. L'accumularsi di queste informazioni dovrebbe contribuire a mettere a punto modalità di gestione delle risorse forestali in cui l'aspetto della conservazione della biodiversità venga affrontato su basi razionali, evitando approcci puramente emotivi.

SUMMARY

Biodiversity evaluation in the management of forest systems

Some general concepts are presented concerning the forest biodiversity and the importance of its conservation in the frame of the sustainable management of forest

ecosystems. Case studies of biodiversity analysis in forest ecosystems in Southern Italy are also outlined. In particular, both studies on the forest structure and spatial diversity as well as on genetic diversity by molecular methods are presented.

BIBLIOGRAFIA

- BALLETTI P., LANTERI S., 1996 – *Allozyme variation among european beech* (*Fagus sylvatica* L.) *stands in Piedmont, North-Western Italy*. *Silvae Genetica* 45: 33-37.
- BORGHETTI M., GIANNINI R., 1998 – *Alterazioni della foresta*. In: Provini A., Galassi S. & Marchetti R. (Eds). *Ecologia Applicata*, UTET, Torino. 487-503 pp
- COMPS B., LETOUZEY J., SAVOIE J.M., 1987 – *Phénologie du couvert arborescent dans une Chênaie-hêtraie d'Aquitaine*. *Ann. Sci. For.* 44: 153-170.
- COMPS B., THIÉBAUT B., PAULE L., MERZEAU D., LETOUZEY J., 1990 – *Allozymic variability in beechwoods* (*Fagus sylvatica* L.) *over Central Europe: spatial differentiation among and within populations*. *Heredity* 65: 407-417.
- COMPS B., THIÉBAUT B., MERZEAU D., 1991 – *Genetic variation in European beech stands* (*Fagus sylvatica* L.). In: *Genetic variation in European populations of forest trees*. (eds. Müller-Starck G., Ziehe M.J.D.). 110-124.
- DEMESURE B., COMPS B., PETIT R.J., 1996 – *Chloroplast DNA phylogeography of beech* (*Fagus sylvatica* L.) *in Europe*. In: *Genetics ecology and silviculture of beech* (eds. Paule L., Shvadehak J., Gomory D.). Arbora Publishers Zvolen.
- EXCOFFIER L., SMOUSE P.E., QUATTRO J.M., 1992 – *Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data*. *Genetics* 131: 479-491.
- GIANNINI R., PROIETTI PLACIDI A.M., PAFFETTI D., 2001 – *Valutazione della biodiversità dei boschi di abete rosso dell'Alto Cadore*. Atti del Convegno «Boschi del Comelico e della Valle del Gail», Dosoledo, 4 novembre 2000. Tipografia Piave. 61-73.
- GINSBERG J., 1999 – *Global conservation priorities*. *Cons. Biol.* 13, 5
- HATTEMER H.H., 1991 – *Measuring genetic variation*. In: *Genetic variation in European populations of forest trees* (eds. Müller-Starck G., Ziehe M.J.D.). 2-19.
- KAENNEL M., 1998 – *Biodiversity: A diversity in definition*. In: *Assessment of biodiversity for improved forest planning*. (eds. Bachmann P., Köhl P., Päävinen R.). Kluwer Academic Publishers, Dordrecht. 71-81.
- KONNERT M., 1995 – *Investigations on the genetic variation of beech* (*Fagus sylvatica* L.) *in Bavaria*. *Silvae Genetica* 44: 346-351.
- KREBS C.J., 1985 – *Ecology: the experimental analysis of distribution and abundance*. Harper and Row, New York.
- LARSEN A.B., 1996 – *Scandinavian Journal of Forest Research* 11: 220-232.
- LEONARDI S., MENOZZI P., 1995 – *Genetic variability of Fagus sylvatica L. in Italy: the role of post-glacial recolonization*. *Heredity* 75: 35-44.
- MÜLLER-STARCK G., 1989 – *Genetic implications of environmental stress in adult forest stands of Fagus sylvatica L.* In: Scholz F., Gregorius H.R., Rudin D. (eds.) - *Genetic effects of Air Pollutants in Forest Tree Populations*. Springer-Verlag, Berlin.

- MÜLLER-STARCK G., ZIEHE M.J.D., 1991 – *Genetic variation in populations of Fagus sylvatica, Quercus robur L., and Q. petraea Liebl. in Germany*. In: Genetic variation in European populations of forest trees (eds. Müller-Starck G., Ziehe M.J.D.). 125-140.
- MYERS N., 1988 – *Threatened biotas: «hotspots» in tropical forests*. Environmentalist 8: 187-208.
- MYERS N., 1990 – *The biodiversity challenge: expanded hotspots analysis*. Environmentalist 10: 243-256.
- MYERS N., MITTERMEIER R.A., MITTERMEIER C.G., DA FONSECA G.A.B., KENT J., 2000 – *Biodiversity hotspots for conservation priorities*. Nature 403: 853-858.
- NEUMANN M., STARLINGER F., 2001 – *The significance of different indices for stand structure and diversity in forests*. Forest Ecology and Management 145: 91-106.
- OLDEMAN R.A.A., 1990 – *Forests: Elements of Silvology*. Springer-Verlag Berlin Heidelberg, 624 pp.
- PIUSSI P., 1994 – *Selvicoltura generale*. UTET, Torino 417pp.
- PURVIS A., HECTOR A., 2000 – *Getting the measure of biodiversity*. Nature 405: 212-219.
- SCHULZE E.D., MOONEY H.A., 1994 – *Biodiversity and ecosystem function*. Springer-Verlag Berlin. 1-521.
- THIEBAUT B., LUMARET R., VERNET PH., 1982 – *The bud enzymes of beech (Fagus sylvatica L.). Gentic distinction and analysis of polymorphism in several french populations*. Silvae Genetica 31: 51-60.
- TILMANN D., 1999 – *The ecological consequences of changes in biodiversity: a search for general principles*. Ecology 80: 1455-1474.
- WHITTAKER R.H., 1960 – *Vegetation of the Siskiyou Mountains, Oregon and California*. Ecol. Monogr., 30: 279-338.
- WHITTAKER R.H., 1977 – *Evolution of species diversity in land communities*. In: Evolutionary Biology Vol. 10 (eds M.K. Heccht, W.C. Steere and B. Wallace), Plenum, New York pp. 1-67.