COLLANA SICILIA FORESTE

35

Supplemento alla rivista
trimestrale Sicilia Foreste
Direttore Resp. e Red. Dott. A. Gatto
Registrazione Tribunale di Palermo n. 27/1993

A cura di:
Raffaello Giannini

Autori
Cristina Vettori - Anna De Carlo - Anna Maria Proietti - Donatella Paffetti
Giovanni Emiliani - Luciano Saporito - Giuseppe Giaimi - Raffaello Giannini

Collaboratori
Catia Boggi - Fabio Migliacci - Roberta Tupone - Silvia Marsili - Simonetta Bianchi

In copertina
I boschi di faggio di Pian dei Cervi (Madonie) - (Foto: A.M. Proietti).

C.N.R.
ISTITUTO DI GENETICA VEGETALE
SEZIONE DI FIRENZE

VALUTAZIONE E CONSERVAZIONE DELLA VARIABILITÁ DEL GERMOPLASMA FORESTALE IN SICILIA

Indice

Prefazione ... pag. 7
Introduzione ... pag. 9
1. Principali peculiarità della Sicilia ... pag. 17
1.1 Lineamenti geo-morfologici e pedologici ... pag. 17
1.2 Lineamenti climatici ... pag. 19
1.3 Lineamenti vegetazionali ... pag. 21
2. Il patrimonio forestale regionale ... pag. 23
2.1 Il demanio forestale regionale ... pag. 24
3. Caratteristiche strutturali e tipologico-vegetazionali delle principali formazioni forestali ... pag. 27
3.1 Boschi di faggio ... pag. 27
3.2 Boschi di roverella ... pag. 44
3.3 Boschi di sughera ... pag. 53
3.4 Boschi di leccio ... pag. 60
3.5 Tipologia successionale ... pag. 64
4. Caratteristiche genetiche ... pag. 73
4.1 Faggio ... pag. 74
4.2 Querce. Generalità ... pag. 79
4.3 Rovere ... pag. 83
4.4 Roverella ... pag. 84
4.5 Cerro ... pag. 87
4.6 Sughera ... pag. 89
4.7 Leccio ... pag. 92
4.8 Quercia spinosa ... pag. 95
4.9 Orniello ... pag. 97
4.10 Platano ... pag. 101
4.11 Agrifoglio ... pag. 104
4.12 Betulla ... pag. 107
4.13 Zelkova ... pag. 110
4.14 Formazioni del genere Pinus. Generalità ... pag. 113
4.14.1 Identificazione molecolare delle specie del genere *Pinus* ... pag. 114
4.14.2 Pino marittimo ... pag. 116
4.14.3 Pino laricio ... pag. 117
4.14.4 Pino d'Aleppo ... pag. 119
4.15 Abete dei Nebrodi ... pag. 121
4.16 Tasso ... pag. 123
5. Sintesi genetica delle specie forestali siciliane pag. 127
5.1 Faggio ... pag. 127
5.2 Querce ... pag. 127
5.3 Orniello ... pag. 129

5.4 Platano ... pag. 129
5.5 Agrifoglio ... pag. 130
5.6 Betulla ... pag. 130
5.7 Zelkova ... pag. 131
5.8 Boschi del genere *Pinus* ... pag. 131
5.9 Abete dei Nebrodi ... pag. 132
5.10 Tasso ... pag. 133
6. La gestione delle risorse genetiche ... pag. 135
6.1 Strategie di conservazione delle risorse genetiche forestali ... pag. 137
6.2 Le aree di omogeneità ecologica e genetica ... pag. 140
6.3 I boschi da seme ... pag. 147
7. Pianificazione della azioni di salvaguardia e d'impiego del germoplasma degli alberi forestali pag. 149
7.1 Specie forestali endemiche, relitte e marginali di massimo interesse di conservazione ... pag. 153
7.2 Serbatoi genetici e boschi da seme per la produzione di materiale di propagazione da destinare a rimboschimenti ed alle azioni di ripristino ambientale pag. 156
7.2.1 Conifere ... pag. 156
7.2.2 Latifoglie ... pag. 159
8. Conclusioni ... pag. 165
8.1 Metodologie di analisi ... pag. 167
8.2 Struttura del soprassuolo ... pag. 168
8.3 Analisi floristica ... pag. 171
8.4 Variabilità genetica ... pag. 172
9. Bibliografia ... pag. 181
10. Appendice ... pag. 209

Prefazione

Il lavoro che presentiamo in questo volume della Collana Sicilia Foreste, costituisce un esempio unico di studio di carattere genetico applicato alle principali specie forestali della nostra Isola e nasce dalla volontà del Dipartimento Azienda Foreste di portare avanti, in maniera complessiva ed estesa, una attività di carattere gestionale di tipo sostenibile dei boschi siciliani.

Lo studio è stato realizzato nell'ambito delle azioni di supporto alla misura P.O.R. 1.12 *Sistemi integrati ad alta naturalità. Moltiplicazione e conservazione del germoplasma agrario e forestale*, utilizzando altra misura specifica di supporto, la 7.01 *Assistenza tecnica*.

Grazie a tali risorse finanziarie è stato possibile impostare un progetto di ricerca che fosse finalizzato a gettare le basi per una organica e preliminare conoscenza genetica dei popolamenti forestali isolani, che permettesse successivamente di affrontare, in termini scientificamente corretti, la problematica dell'individuazione dei boschi da seme regionale, basata non solo su aspetti del fenotipo ma soprattutto del genotipo.

Il progetto fa parte di una maggiore azione del Dipartimento nella tutela e conservazione delle risorse genetiche regionali, con la creazione di due Centri regionali per il germoplasma, in corso di realizzazione e di altre azioni di ricerca connesse, sia con riferimento al vivaismo forestale che alla conoscenza e conservazione di germoplasma dei sistemi agro-forestali dell'isola.

Il lavoro di ricerca è stato impostato nella metodologia e sviluppato dal C.N.R. - I.G.V. Istituto di genetica vegetale di Firenze, su progetto generale del Dipartimento Azienda e costituisce un esempio di sinergia fra strutture pubbliche dedicate, rispettivamente, alla ricerca ed alla gestione del patrimonio boschivo demaniale.

In tal senso un ringraziamento và, non solo al Prof. Raffaello Giannini, Direttore dell'I.G.V. ed al Dr. Luciano Saporito del Dipartimento, ma a tutti coloro, ricercatori, tecnici e personale del Diparimento, che ne hanno permesso la realizzazione.

Dr. Antonino COLLETTI
Ispettore Generale dell'Azienda Foreste

Introduzione

"VALUTAZIONE E CONSERVAZIONE DELLA VARIABILITÀ DEL GERMOPLASMA FORESTALE IN SICILIA"

Il presente lavoro riferisce sui risultati di alcune indagini riguardanti la biodiversità degli ecosistemi forestali siciliani ed in particolare la caratterizzazione genetica della componente di maggiore valenza, ovvero il soprassuolo arboreo. Queste informazioni sono state impiegate poi per individuare le strategie per la salvaguardia di specie relitte o minacciate e per definire i percorsi operativi in una gestione integrata e sostenibile della foresta.

Tra le varie motivazioni che hanno portato negli ultimi vent'anni a denunciare con forza l'importanza della conservazione della biodiversità, non poche sono scaturite dai risultati sempre più disponibili di ricerche dirette alla comprensione delle relazioni intercorrenti tra funzionalità dell'ecosistema e biodiversità dello stesso. Difatti veniva recepito come l'aumento dell'impatto sul bosco da parte dell'attività antropica, quale risultato di un incremento demografico della popolazione congiunto ad una più diffusa aspirazione di fruizione di maggiore benessere, fosse causa di una corrispondente trasformazione degli ecosistemi naturali verso stadi involutivi e di impoverimento della biodiversità (Loreau *et al.*, 2001).

Nella loro collettività gli ecosistemi terrestri sono responsabili dei cicli bio-geo-ecologici (relazioni tra suolo e vegetazione) che regolano il sistema terra e la cui efficienza è controllata dalla diversità delle fasi successionali degli ecosistemi stessi. In questo contesto, la conseguenza di una perdita di biodiversità si manifesta in modo diretto sulla stabilità degli ecosistemi a causa di deviazioni nel potere tampone di regolazione. L'attenzione che richiedono queste considerazioni deve promuovere e sviluppare un alto senso critico nella valutazione di una eventuale perdita di diversità che, tra l'altro, a livello genetico, non può essere ripristinata (Huston *et al.*, 2000).

L'impatto antropico sull'ambiente, che genera un declino generale della diversità, può dare origine anche ad un'imprevedibile sostituzione delle specie originarie a favore di specie caratterizzate da valenze ecologiche diversificate e da ruoli differenti. Tutto ciò a sua volta può determinare delle variazioni funzionali dell'ecosistema. In effetti nell'ambito di questa tematica tra gli specialisti sussistono anche vedute di pensiero differenti perché non vi è un accordo generalizzato circa il ruolo svolto dalla sostituzione di specie o di quello imputabile all'eventuale riduzione della ricchezza di specie a livello territoriale o come ancora questi co-fattori possano essere determinanti nell'arrecare cambiamenti nella funzionalità stessa. Vi è comunque una opinione condivisa che riconosce come un ampio "pool" di specie sia essenziale per sostenere l'assemblaggio e la potenzialità funzionale degli ecosistemi in uno scenario ambientale sempre più soggetto a forte pressione antropica ed a cambiamenti globali.

La biologia conservazionistica rappresenta forse il più difficile e nello stesso tempo il più importante problema che impegna ecologi, biologi e genetisti.

La difficoltà risiede nel fatto che il tema è molto complesso e non può essere affrontato con metodi semplici. Tra l'altro le soluzioni conservative ritenute più idonee richiedono spesso aggiustamenti di tipo sociale e politico. Non è errato pensare che non vi siano altre sfere di così alta valenza scientifica: di fatto la tematica riguarda la continuità di esistenza degli organismi viventi ed il futuro della biosfera come tale (Pimm *et al.*, 2001; Allendorf e Luikart, 2007).

Anche nel caso in cui alla conservazione venga assegnato un ruolo di carattere generale, è sempre sottointeso che la protezione riguarda comunque la diversità genetica, se non altro come salvaguardia del risultato dell'evoluzione che ha seguito sul nostro pianeta un percorso di 4,5 milioni di anni (Eisner *et al.*, 1995) coinvolgendo differenti livelli gerarchici riguardanti i geni, gli individui, le popolazioni, le specie, i generi, gli ecosistemi (IUCN, 2001).

Se si considera la divergenza genetica come risultato delle relazioni filogenetiche, si possono individuare, ai fini conservativi, alcune priorità per le diverse specie (Mace *et al.*, 2003). Ciò è possibile soprattutto se si analizza con senso critico quanto valore possa essere assegnato all'effettiva distinzione tassonomica (Vane-Wright *et al.*, 1991) ovvero se oltre alla diversità genetica tra i taxa si debba prendere in considerazione anche quella tra ed entro le specie.

D'altra parte la conservazione ha molteplici sfaccettature spesso dicotomiche. Ciò si intuisce nel momento in cui si discute circa la conservazione dei centri di biodiversità e quella che coinvolge specie filogeneticamente distanti, nonché quella di habitat ed ecosiste-

mi (Soulè e Mills 1992). Si deve comunque convenire che sulla conservazione a più ampio rango, ecosistemi e/o ambienti, l'aspetto protettivo è certamente di maggiore intensità e di più alto valore, essendo coinvolti, come già indicato, i processi fondamentali dell'evoluzione ovvero la dinamica della biodiversità a tutti i livelli (Templeton *et al.*, 2001).

Una critica che ha trovato recentemente motivo di riflessioni e di consensi riguarda il fatto che, mentre molto è stato indagato per stabilire una linea diretta tra diversità di specie e efficienza funzionale degli ecosistemi, altrettanto non è stato fatto per conoscere (descrizione) e comprendere (analisi di processo) la struttura biologica che contribuisce al mantenimento della funzionalità.

Difatti è la rete ("network") delle interazioni tra gli organismi in un contesto stazionale e non la sola diversità degli organismi di per sé, che conferisce vita entro gli ecosistemi. Per comprendere le implicazioni della perdita di biodiversità, è cruciale quindi monitorare i cambiamenti a livello di "biostruttura di processo" (McCann, 2007).

Forse la principale ragione del perché il mondo scientifico si è focalizzato sugli aspetti descrittivi della diversità sta nel fatto che è più facile contare le specie che analizzarne le interazioni.

Gli studi sulle catene alimentari naturali arrivano a risultati altamente dettagliati nel caso della descrizione dei vari step; pochi o assenti sono stati invece gli sforzi per quantificare il flusso energetico che pulsa attraverso uno step ed il successivo.

Potrebbe essere di interesse conoscere se queste relazioni a livello di "rete" possano essere utilizzate per comprendere l'azione dell'impatto dell'attività umana sulla funzionalità degli ecosistemi. In questo caso si dovrebbe individuare una soglia di partenza e abbozzare reti ecologiche variabili secondo un gradiente di diversità relato all'impatto dell'uomo.

In questo caso il quesito dovrebbe riguardare come le proprietà strutturali di una rete ecologica soggetta ad impatto potrebbero cambiare nella tipologia (aspetto deduttivo) e nel flusso energetico (aspetto funzionale). Come metro di misura per la collocazione degli organismi nelle catene si potrebbe fare ricorso agli isotopi stabili, N15 per gli organismi animali e C13 per quelli vegetali (McCann, 2007).

E' prevedibile che con l'aumento della popolazione umana si raggiunga una situazione in cui i sistemi vengano ad essere alterati, frammentati e ridotti ad habitat molto omogenei con conseguente estinzione di molti componenti viventi a cominciare da quelli così detti più nobili (ad esempio a valenza autoecologica di alta specializzazione).

Purtroppo sono noti esempi negativi dovuti agli effetti da antropizzazione ovvero all'introduzione di specie invasive, all'urbanizzazione, ecc.

Alcuni studiosi si sono impegnati nell'individuare le azioni di maggiore deterioramento strutturale per la funzione dell'ecosistema e la sua sostenibilità. Nel caso delle catene alimentari che sovrintendono le reti degli organismi animali, l'estinzione della componente di maggiore mobilità e dimensione rappresenta solo un primo livello di alterazione, ma con effetto di manomissione altissimo rispetto alle dimensioni delle popolazioni degli animali dei livelli più bassi (McCann, 2007).

L'organizzazione gerarchica della componente genetica, tra individui, popolazioni e specie ha dato origine a valutazioni differenziate circa la priorità di conservazione da assegnare in relazione ad eventi di erosione e di estinzione. Alla conservazione di molte popolazioni viene dato spesso significato prioritario anche perché è riconosciuto che con questa strategia è minimo il rischio di estinzione di una specie nel lungo periodo. Nello stesso tempo la protezione può divenire urgente nei casi di uniche singole popolazioni minacciate e quindi, in tal senso, il grado di priorità maggiore è la preservazione di quelle specifiche entità.

E' stato stimato che annualmente decine di milioni di popolazioni locali (biotipi) di organismi viventi si estinguano: ciò è particolarmente acuto nelle foreste tropicali, per molte delle quali, tra l'altro, sono incomplete le conoscenze di quale sia l'effettiva presenza specifica (Hughes *et al*., 1997).

Ricerche specifiche di (Luck *et al*., 2003) assegnano alla diversità genetica tra ed entro le popolazioni nell'ambito delle specie la funzione di "servizio ecosistemico" ("ecosystem service"). Il significato di ciò va ricercato nel tentativo di sintetizzare, con poche parole, un effetto di vasta portata che sottolinea quanto la conservazione della diversità richieda l'individuazione di strategie che considerino un approccio di globalità protettiva nei confronti della componente genetica.

Il processo demografico dell'estinzione, che rappresenta l'incapacità di una generazione (intesa come insieme di individui caratterizzati da un determinato "gene pool") a ricollocarsi nella sua interezza e complessità in quella successiva, ha rappresentato e rappresenta il punto di più elevata partecipazione nei confronti della conservazione. Le specie e le popolazioni sono soggette a fattori demografici di estinzione di natura stocastica che possono manifestarsi inizialmente con una riduzione della dimensione di popolazione alla quale spesso segue un cambiamento di natura casuale nella struttura genetica con un aumento di consanguineità, perdita di variazione

genotipica ed allelica, ma anche con un aumento delle frequenze di geni deleteri. In altri casi è l'azione di determinati fattori, quali la distruzione, lo sfruttamento, l'inquinamento, il "global change" che in modo deterministico sono i responsabili dell'eliminazione di specie e popolazioni. E' plausibile quindi che il processo demografico sia, in alcune circostanze, influenzato da effetti genetici. La strategia di conservazione perciò deve pervenire alla conoscenza di quali sono i parametri genetici che influenzano in modo efficace la persistenza delle popolazioni (Nunney e Campbell, 1993).

Ad esempio, gli sforzi che a livello globale sono in atto nei confronti della conservazione degli ecosistemi sono fortemente determinati dalla disponibilità di una più ampia conoscenza dei pattern di distribuzione, spesso molto eterogenea, della diversità specifica sul nostro pianeta. L'individuazione e la documentazione di "hot-spot" di diversità ne è la dimostrazione più evidente (Myers *et al.*, 2000a) anche se resta controversa la risposta da dare alla domanda fino a qual punto i differenti tipi di questi siano effettivi (Orme *et al.*, 2005). Tra l'altro, le differenze di pensiero sono state evidenziate dalla piena consapevolezza dell'alta valenza posseduta dalla valutazione della diversità intraspecifica nella salvaguardia di singole specie. Attraverso modelli genealogici e genecologici è stato possibile indicare come la variabilità, a livello di entità sottospecifiche, sia caratterizzata da un alto tasso diffusionale tanto da supportare l'idea che questa componente di natura anche genetica possa rappresentare "target" di distinzione distributivo-filogeografico (Rauch e Bar-Yam, 2004).

E' noto che nell'ambito di piccole popolazioni, biologicamente differenziate, si può concentrare una ricchezza di diversità di dimensioni sproporzionata, per cui queste, nel loro insieme, sono capaci di contribuire in modo sensibile alla variabilità a livello di singola specie che si distingueranno per un'ampia diversità ma diffusa nello spazio. Si deve concludere che, poiché piccole entità rivestono alto valore nell'ambito di una diversità globale specifica, si potrebbero verificare anche fluttuazioni in negativo dei valori di variabilità nel caso di una eventuale estinzione, per cui sarà necessario individuare gli approcci più appropriati per una efficace conservazione molto puntuale.

Gli alberi forestali per le loro caratteristiche (lunghi cicli vitali, immobilità, ecc.) sono sottoposti a condizioni ambientali eterogenee e suscettibili anche di forti modificazioni nel tempo. La capacità di adattamento e di sopravvivenza di tali specie è strettamente legata alla ricchezza del loro patrimonio genetico che non è rappresentata dalla sola componente allelica del singolo individuo, ma dalla ricchezza allelica di tutti gli individui che compongono le singole popolazioni.

Appare evidente nel nostro caso come l'analisi della variabilità inter ed intra-popolazione risulti punto di riferimento essenziale per qualsiasi attività ecologico-selvicolturale, ma soprattutto per tutte quelle azioni finalizzate alla conservazione della diversità stessa.

In questo settore è determinante conoscere e definire per ciascuna specie:

- la caratterizzazione genetica nel tempo e nello spazio (tipicizzazione e delimitazione dell'areale, strutturazione delle frequenze alleliche e genotipiche) e la sua variabilità;
- il livello di pericolo di erosione (fuoco, pascolo, urbanizzazione, inquinamento e "global change") e/o di sopravvivenza;
- le strategie di conservazione *in situ* ed *ex situ*.

Relativamente a questo ultimo punto si deve sottolineare il fatto che poiché l'assemblaggio di struttura e i processi di riferimento funzionale seguono in natura un percorso dinamico, anche la conservazione deve seguire strategie di gestione diversificate, pensate e valutate nelle differenti situazioni nello spazio e nel tempo.

Disporre di un alto tasso di variabilità e quindi di potenzialità evolutiva è particolarmente importante in questa fase epocale in cui sempre più evidenti risultano i cambiamenti globali per cui un aspetto fondamentale della conservazione riguarda il raggiungimento ed il mantenimento di condizioni favorevoli per l'evoluzione futura.

Le strategie conservative nei confronti della biodiversità a livello di ecosistema forestale coinvolgono spesso vari aspetti tra cui ad esempio la strutturazione spaziale delle popolazioni ovvero la frammentazione delle specie e/o la loro rarità.

Spesso queste caratteristiche trovano punto di riferimento sulle conoscenze emerse da indagini di studio finalizzate e puntuali sulle peculiarità naturali degli ecosistemi stessi. Difatti il riferimento alla strutturazione dell'ecosistema naturale nello spazio e nel tempo consente una valutazione degli scostamenti delle situazioni reali presenti nonché una più ampia comprensione dell'effetto delle cause che ne sono responsabili.

Ad esempio, per i consorzi misti di faggio ed abete bianco presenti sul nostro Appennino, è possibile valutare lo stato attuale della consistenza e della partecipazione della conifera (numero e omogeneità di popolazioni, di gruppi di alberi, ecc.), ma anche di comprendere le cause e gli effetti di erosione che è stata esercitata su questa specie e quindi disporre di informazioni utili per la definizione delle strategie di conservazione.

Tra queste ultime ruolo dominante viene assegnato all'adozione di sistemi di gestione forestale che prevedano un uso sostenibile degli ecosistemi forestali, facendo ricorso ed adottando una selvicoltura più vicina possibile ai processi dinamici e successionali che si

verificano in natura ("*close to nature sylviculture*"), ma che in essa possa ritrovarsi anche una dimensione di natura economica.

Le risorse genetiche sono legate alla rinnovabilità delle risorse forestali ed al grado di efficienza funzionale di queste (capacità riproduttive, efficienza del ciclo seme – semenzali – rinnovazione). Se correttamente gestite, possono essere usate e nello stesso tempo conservate.

Assai diversa è la situazione in cui fattori di minaccia o di pericolo possono risultare determinanti per la sopravvivenza. In questo caso la raccolta di materiale di propagazione, la sua conservazione e il suo nuovo impiego appaiono necessari.

Per pervenire a disporre delle informazioni per la definizione delle strategie di conservazione della biodiversità a livello di ecosistema forestale, è stata progettata questa ricerca tesa a fornire una prima messe di informazioni sulla caratterizzazione strutturale, sulla tipologia vegetazionale e sulle caratteristiche genetiche delle specie e delle entità sottospecifiche presenti nei Comprensori Forestali in gestione all'Azienda Foreste Demaniali della Regione Sicilia. In particolare tra gli obiettivi non ultimi erano quelli di:

- individuare le specie forestali oggetto di particolare conservazione, nonché di descriverne la distribuzione e la caratterizzazione tipologica-strutturale;
- analizzare i fattori causa di erosione genetica e/o di estinzione;
- realizzare una banca dati sul germoplasma forestale;
- individuare e definire le procedure di raccolta del germoplasma e delle possibilità di impiego del materiale di propagazione da esso derivante.

1. Principali peculiarità della Sicilia

1.1 -Lineamenti geo-morfolici e pedologici

Con oltre 2,5 milioni di ettari di superficie, la Sicilia, distante dalla penisola italica poco più di 3 Km e 140 Km dall'Africa, è, al tempo stesso, l'isola più grande del Mediterraneo e la Regione più vasta d'Italia. Ad essa fanno corona l'arcipelago eoliano a nord-est, l'Isola di Ustica a nord-ovest, le Isole Egadi ad occidente, l'Isola di Pantelleria a sud-ovest, le Isole Pelagie a meridione.

Tutta la porzione settentrionale dell'Isola, dallo Stretto di Messina a Trapani, è occupata dal così detto "Appennino siculo", nelle sue diverse articolazioni: i Peloritani ad est, caratterizzati da rilievi modesti (non oltre i 1400 m), prevalenza di rocce metamorfiche paleozoiche a struttura scistoso-cristallina, morfologia accidentata, dissesto idrogeologico diffuso; i Nebrodi nella parte mediana, differenti dai primi per la maggiore massa orografica, quote più elevate (1400-1600 m in media, fino ai 1847 m di monte Soro), predominanza di rocce sedimentarie arenaceo-argillose del Terzario, profili regolari, valli aperte; le Madonie a seguire, contrassegnate da potenti massicci calcarei mesozoici più o meno compatti, emergenti da formazioni sedimentarie di tipo argilloso, che si elevano fino a sfiorare i 2000 m di altitudine; infine, i rilievi nord-occidentali, anch'essi a struttura carbonatica, almeno nelle parti dominanti, irregolarmente distribuiti a sud di Palermo, Castellammare del Golfo e Trapani, culminanti nella Rocca Busambra (1613 m).

La porzione sud-occidentale e centro-meridionale dell'Isola, comprendente per intero le province di Caltanissetta e Agrigento e buona parte delle province di Trapani ed Enna, ospita rispettivamente i complessi montuosi dei Sicani e degli Erei. Il panorama è caratterizzato da blande forme collinari e ampie valli, dominio incontrastato di formazioni argilloso-marmose e gessoso-solfifere, su cui

emergono piccoli rilievi calcarei, gessosi o conglomerato-arenacei. monte Cammarata (1578 m) è la vetta principale dei Sicani, monte Altesina (1192 m) quella degli Erei.

Buona parte della Sicilia centro-orientale è occupata dall'area pianeggiante più vasta dell'Isola (la Piana di Catania) e, allo stesso tempo, dal suo maggiore edificio montuoso, l'Etna, il vulcano attivo più grande d'Europa, alto oltre 3300 m.

Il Tavolato Ibleo, infine, impronta l'angolo sud-orientale dell'Isola, tra le province di Siracusa e Ragusa. Esso si presenta come un robusto basamento carbonatico, sormontato da modesti edifici vulcanici, da cui si originano, a raggiera, numerosi corsi d'acqua, stretti e fortemente incassati, le così dette "cave", dove hanno sede spesso pregevoli formazioni vegetali riparie. La vetta maggiore qui presente (monte Lauro) non oltrepassa i 1000 m.

Ambienti a se stanti, ma tutt'altro che uniformi sotto vari aspetti, risultano le Isole minori. Basti ricordare, ad esempio, che Egadi e Pelagie sono costituite da rocce calcaree compatte, del tutto simili a quelle delle terre emerse nella vicina Provincia di Trapani, mentre le restanti isole, pur essendo tutte di origine vulcanica, presentano fisionomie diverse a causa delle differenti epoche di formazione.

Il reticolo idrografico è costituito da alcune centinaia di corsi d'acqua, molto eterogenei per estensione del bacino, portata idrica, trasporto solido, profilo prevalente, presenza di vegetazione. I torrenti che sboccano nel Mar Tirreno, prendendo avvio dalla vicina catena montuosa settentrionale, hanno sviluppo ridotto, elevato trasporto solido, brevi tempi di corrivazione. Essi corrono dapprima entro valli fortemente incassate, che nel tratto finale si aprono nelle classiche "fiumare". Meno numerosi, ma assai più importanti per superficie drenata, sono i corsi d'acqua meridionali, tra cui spiccano per ampiezza di bacino l'Imera meridionale (200 Km2), il Platani (178 Km2), il Belice (96 Km2), il Gela (59 Km2). Sul versante orientale ricadono il fiume più grande in assoluto (il Simeto, 400 Km2) e l'Alcantara (portata media 9 m3/sec circa).

Secondo dati ISTAT, il 14,2% della superficie regionale ricade sotto i 300 m di quota, il 61,4% tra i 300 e i 700 m, il 24,4% oltre i 700. La Provincia più montuosa è Messina (40% di territorio montano), seguita da Palermo (28%), Catania (24%), Enna (22%). I valori inferiori si registrano a Siracusa (2%) e Ragusa (1%).

La ripartizione in classi di pendenza percentuali vede attribuito il 68% del territorio alla prima classe (da 0 al 20%), il 24% alla seconda (20-40%), il restante 8% alle classi superiori. Se si pone come discrimine la pendenza del 20%, oltre la quale è poco praticabile un'agricoltura competitiva moderna e impedito l'uso massiccio di mezzi meccanici pesanti, le province a maggiore vocazione silvana

o silvo-pastorale sono da considerare, nell'ordine: Messina, con l'83% del territorio al di sopra di tale soglia, Palermo (50%), Enna (36%), Caltanissetta (24%), Agrigento (23%), Catania (21%).

Significativa è l'alta incidenza assunta dai terreni assoggettati al vincolo per scopi idrogeologici, che in Sicilia investe, in tutto o in parte, il territorio di ben 349 comuni su 390, per complessivi 1252000 ha circa, pari al 48,7% della superficie totale. A livello locale, tale percentuale sale fino al 49,8% in Provincia di Agrigento, 54,5% in Provincia di Enna, 63,3% in Provincia di Palermo, 79,6% in Provincia di Messina (Saporito *et al.*, 2003).

In generale, sotto l'aspetto pedologico, il panorama è assai complesso essendo questi il risultato diretto non solo del substrato geologico e della morfologia, ma anche dei fattori climatici, della vegetazione spontanea, della forte e prolungata presenza dell'uomo. Si va dai depositi superficiali incoerenti, ai conglomerati e alle brecce poco cementate, alle arenarie più o meno compatte; ai terreni argillosi, argilloso-marnosi, argilloso-arenarii, arenari-marnosi; ai terreni d'origine vulcanica. Suoli più o meno spessi, più o meno stratificati, più o meno fertili. E' indubbio, tuttavia, che le aree boschive, per dislocazione geografica e/o destinazione colturale, vedano la predominanza di terreni scadenti, sia per caratteristiche fisiche (potenza limitata, orizzonti assenti o poco differenziati, abbondanza di scheletro, capacità di ritenzione idrica ridotta, ecc.), sia per dotazione di sostanza organica e di elementi minerali. Ciò riduce la capacità produttiva dei complessi boscati, ne limita le forme di gestione e rende l'intervento forestale sempre difficile e aleatorio.

1.2 - Lineamenti climatici

I parametri termo-pluviometrici medi dell'Isola, riferiti ad oltre un trentennio, configurano un clima tipicamente mediterraneo, caratterizzato da prolungate estati calde e siccitose, cui fanno riscontro inverni miti, piovosi e di breve durata. Ma esaminando la variabilità interna dei valori elementari, emergono differenze notevoli da caso a caso, in relazione alla latitudine, alla distanza dal mare, alla quota, all'esposizione, alla presenza di estesi complessi boschivi.

Con riferimento ai dati elaborati dall'Assessorato Agricoltura e Foreste della Regione Siciliana (1998, 2000) si possono sinteticamente riportare le seguenti indicazioni. La temperatura media annua dell'Isola si attesta attorno ai 14-15°C, ma con ampie oscillazioni da zona a zona. Lungo i litorali sud-orientali e nelle pianure interne essa sale a 18-19°C, toccando a Lampedusa e Linosa i 19-20°C. Per contro, valori più contenuti si registrano in corrispondenza dei mag-

giori rilievi montuosi: 12-13°C su Peloritani, Erei e Monti di Palermo; 8-9°C su Madonie e Nebrodi; 4-5°C alle quote maggiori dell'Etna. I mesi più caldi sono sempre luglio e/o agosto, quando le temperature medie massime regionali toccano i 28-30°C, con estremi di 32-34°C nelle aree interne di media e bassa collina e di 16-18°C sull'Etna. Andamento simile hanno le temperature minime del mese più freddo (gennaio o febbraio): 8-10°C lungo i litorali, 2-4°C nelle zone collinari interne, qualche grado sotto lo zero sulle alture della catena montuosa settentrionale e dell'Etna.

La variabilità ora evidenziata per le temperature si ripete nel caso delle precipitazioni, sia pure con minore regolarità spazio-temporale. Infatti, a fronte di una precipitazione media regionale di 637 mm di pioggia all'anno, si giunge, da un lato, fino ai 1400-1600 mm registrate sulle vette più alte dei Nebrodi e delle Madonie - con punte di 1800-2000 mm alle quote maggiori dell'Etna – e, dall'altro, ai 300-400 mm delle zone litoranee meridionali e sud-orientali. Occorre evidenziare però che la distribuzione della pioggia annua, più ancora che la temperatura, non risulta regolata soltanto dalla latitudine e dalla quota, ma anche - e, a volte, soprattutto - dall'esposizione. In proposito viene spesso riportato il caso di Zafferana e Bronte, due centri etnei siti in pari condizioni di altitudine e di latitudine, ma con piovosità assai difforme a motivo, appunto, della diversa esposizione: la prima, infatti, adagiata sul versante orientale del vulcano, riceve quasi 1200 mm di pioggia all'anno, contro i 550 mm circa della seconda, che si trova sul versante opposto.

I dati sopra riportati, esclusi quelli delle zone più aride, potrebbero indurre a ritenere la pioggia caduta nell'anno sufficiente al normale esercizio delle attività agro-forestali. Così purtroppo non è, considerato che i 4/5 della pioggia annua cadono in autunno-inverno (ottobre-marzo), quando minime sono le esigenze idriche della vegetazione, mentre la lunga stagione secca coincide con la piena attività biologica delle piante. Tale scompenso, d'altra parte, è pienamente testimoniato dagli alti valori di evapotraspirazione, sia pure teorica, calcolata pari a 800-900 mm di acqua in media per l'intera Isola, con punte di 900-1000 per le zone più calde e di 600-800 per quelle più fresche. Basta confrontare tali dati ipotetici con quelli della piovosità reale per ricavare, per differenza algebrica, il divario esistente tra l'acqua disponibile e quella necessaria per ciascuna zona.

Va in ultimo specificato che se molte sono le varianti climatiche che si riscontrano nell'Isola, altrettanto vari sono i reciproci rapporti quantitativi. Infatti, con riferimento alla classificazione fitoclimatica del Pavari, si stima che l'80% del territorio è attribuibile al Lauretum, il 15% al Castanetum, il 3% al Fagetum e il restante 2% al deserto lavico d'altura.

1.3 - Lineamenti vegetazionali

La vegetazione attuale della Sicilia, compresa quella degli ambienti a più basso impatto antropico, differisce non poco, sotto l'aspetto quantitativo e qualitativo, dalla vegetazione originaria. Gran parte delle formazioni primigenie hanno dovuto cedere il passo nel corso dei secoli a seminativi, colture agricole legnose e pascoli, mentre i boschi residui sono stati piegati alle mutevoli esigenze, produttive e gestionali, delle popolazioni residenti. A conferma di tali profonde trasformazioni, basti ricordare che l'indice di boscosità della Sicilia, nel periodo compreso tra le due guerre mondiali e prima che iniziassero i grandi programmi di rimboschimento, non superava il 3% e che lo stato di conservazione degli stessi popolamenti superstiti lasciava molto a desiderare. Per avere un'idea del panorama vegetazionale dell'Isola, dunque, occorre considerare non solo la vegetazione reale, ma anche quella potenziale.

Secondo Raimondo (1999), dal livello del mare fino ai limiti massimi altitudinali, si possono distinguere in Sicilia sette diverse fasce di vegetazione, di cui soltanto quattro di interesse forestale, riguardando la prima, le piante alofite delle coste alte e delle spiagge sabbiose prossime al mare; le ultime due, rinvenibili soltanto sull'Etna oltre la vegetazione arborea, comprendenti le specie arbustive spinose e le rade piante erbacee.

Le fasce di interesse forestale, i cui limiti altitudinali variano in funzione della latitudine, dell'esposizione e del substrato geologico, sono nell'ordine: *Oleo-ceratonion, Quercion ilicis, Quercetalia pubescenti-petraea, Geranio versicoloris-fagion*.

L'*Oleo-ceratonion* comprende le formazioni a macchia o macchia-foresta della fascia basale, costituite da arbusti ed alberelli sempreverdi a foglia rigida, perfettamente adattate alle lunghe estati calde e siccitose. Nelle zone centro-meridionali ed orientali, tra le specie più diffuse figurano il timo (*Thymus capitatus* (L.) Hofmgg. e LK.), il rosmarino (*Rosmarinus officinalis* L.), la palma nana (*Chamaerops humilis* L.), l'oleastro (*Olea europea* var. *sylvestris* Brot.), alcuni ginepri (*Juniperus phoenicea* L., *J. macrocarpa* (S. et S.) Ball), la quercia spinosa (*Quercus calliprinos* Webb.), il carrubo (*Ceratonia siliqua* L.); nel versante settentrionale, più fresco, ricorrono maggiormente l'ilatro (*Phillyrea sp. pl.*), il mirto (*Myrtus communis* L.), il corbezzolo (*Arbutus unedo* L.), il citiso (*Cytisus sp. pl.*), l'alaterno (*Rhamnus alaternus* L.), il bupleuro (*Bupleurum fruticosum* L.).

La fascia altimetrica immediatamente superiore è contrassegnata dalla presenza massiccia delle specie arboree sempreverdi: leccio (*Quercus ilex* L.), sughera (*Quercus suber* L.), pini mediterranei (*Pinus halepensis* Miller; *P. pinaster* Aiton; *P. pinea* L.), alle quali si

associano localmente la roverella (*Quercus pubescens s.l.*), il frassino minore (*Fraxinus ornus* L.), l'acero campestre (*Acer campestre* L.), la carpinella (*Ostrya carpinifolia* Scop.), il bagolaro (*Celtis australis* L.), l'alloro (*Laurus nobilis* L.).

Alla *Quercetalia pubescenti-petraeae* viene annessa la fascia submontana – limiti inferiori 700-800 m nei versanti settentrionali, 900-1000 m in quelli opposti; limiti superiori, rispettivamente, 1200-1400 m e 1400-1600 m - fisionomizzata in prevalenza dalle querce decidue – roverella, rovere (*Quercus petraea* (Matt.) Liebl.), cerro (*Quercus cerris* L.) – e, in misura minore, dal castagno (*Castanea sativa* Miller). Allo stato sporadico, a queste specie si uniscono l'acero campestre, l'orniello, l'acero minore (*Acer monspessulanum* L.), il ciavardello (*Sorbus torminalis* (L.) Crantz.), la carpinella (*Ostrya carpinifolia* Scop.). Tra le piante del sottobosco figurano elementi arbustivi termofili, quali: *Pyrus pyraster* Brugsd., *Prunus spinosa* L., *Rosa canina* L. *sensu* Bouleng., *Asparagus acutifolius* L., *Ruscus aculeatus* L., *Osyris alba* L., *Euphorbia characias* L.

Al di sopra delle quote prima indicate e fino al limite della vegetazione arborea (2000 m circa, presente solo sull'Etna) ricade la fascia caratterizzata dalla presenza del faggio (*Fagus sylvatica* L.), cui si aggregano localmente il cerro, l'acero montano (*Acer pseudoplatanus* L.), il sorbo montano *(Sorbus aria* (L.) Crantz.), l'acero minore. Sull'Etna, nella stessa area di vegetazione, si riscontrano le tipiche formazioni di pino laricio (*Pinus laricio* Poiret), betulla (*Betula aetnensis* Raf.) e pioppo tremulo (*Populus tremula* L.). Verso i limiti inferiori della fascia figurano elementi relittuali di grandissimo valore naturalistico e scientifico quali *Abies nebrodensis* (Lojac.) Mattei, *Taxus baccata* L., *Ulmus glabra* Hudson, *Ilex aquifolium* L.

Accanto alle forme di macrovegetazione di cui sopra, vanno annoverate le formazioni di tipo azonale, legate a situazioni edafiche e climatiche particolari: costoni rocciosi, suoli di nuova formazione, ambienti umidi, terreni abbandonati, ecc. Tra esse si ricordano le formazioni rupestri a base di *Euphorbia dendroides* L. e *Artemisia arborescens* L.; la vegetazione arbustiva a *Genista aetnensis* (Biv.) DC sulle lave meno evolute; le boscaglie a *Prunus spinosa* L., *Cistus sp. pl.*, *Calicotome spinosa* (L.) Link, *Erica arborea* L.; la vegetazione ripariale dei corsi d'acqua a base di pioppi (*Populus sp. pl.*), platano orientale (*Platanus orientalis* L.), ontano nero (*Alnus glutinosa* (L.) Gaertner), frassino meridionale (*Fraxinus oxycarpa* Bieb.), tamerici (*Tamarix gallica* L., *T. africana* Poiret).

2. Il patrimonio forestale regionale

Dati univoci sulla consistenza del patrimonio boschivo dell'Isola, purtroppo, non esistono, differendo essi da caso a caso a seconda dell'ente accertatore e dell'epoca di rilevamento. Il primo Inventario Forestale Nazionale (anno 1985) ha stimato la superficie regionale a bosco in 267.000 ha (118.000 ha d'alto fusto, 63.000 ha di bosco ceduo e 68000 ha di formazioni particolari); il Corpo Forestale Regionale (anno 1996), in 283.000 ha (di cui 66.293 ha con copertura inferiore al 50%); l'ISTAT (anno 2001), in 221.492 ha (112.653 ha in montagna, 101.273 ha in collina e 7.566 ha in pianura), Corine Land-Cover (anno 2001) in 357.000 ha (boschi veri e propri 135.000 ha, vegetazione sclerofilla 93.000 ha, vegetazione in evoluzione 130.000 ha). Di fronte a tale situazione, in attesa che siano disponibili i risultati del secondo Inventario Forestale Nazionale, già espletato, e quelli dell'Inventario Forestale Regionale, programmato, si farà riferimento ai dati forniti dal Corpo Forestale Regionale di cui prima si è detto.

Di grande interesse è la serie storico-statistica ricostruita a partire dal 1947, anno in cui la Sicilia divenne Regione a statuto speciale. Come si evince dalla Tab. 1, nel 1947 i boschi occupavano poco più di 100.000 ha di superficie, costituiti per l'80% dalle residue formazioni naturali di specie quercine, castagno e faggio e per il restante 20% da giovani impianti di sole conifere o misti di conifere e latifoglie. Dopo circa mezzo secolo tale patrimonio si è quasi triplicato, facendo registrare un incremento medio annuo di circa 4000 ha.

La ripartizione percentuale della superficie boscata per gruppi di specie legnose vede in testa i boschi di sole latifoglie (40% circa), seguiti dai boschi misti (20%) e dai boschi puri di conifere (17%). Il restante 23% è composto da soprassuoli fortemente degradati, con copertura inferiore al 50%. Tra le conifere maggiormente impiegate nei rimboschimenti figurano in primo luogo i pini mediterranei, seguiti dal pino nero d'Austria, pino laricio, cedro dell'Atlante e cipresso; tra le latifoglie, il frassino minore, l'ontano napoletano, la roverella, l'acero e l'olmo campestre, il castagno, il cerro. Largo

impiego, sia pure in ambienti particolari, hanno trovato il pino insigne, la robinia e gli eucalitti.

Tab. 1. Variazioni della superficie boscata della Regione siciliana nel periodo 1947-1996, espressa in ettari, distinta per grado di copertura.

ANNO	COPERTURA Inferiore al 50%	Superiore al 50%	TOTALE
1947	51502	89176	101678
1966	N.D.	168114	N.D.
1976	67306	188389	255695
1985	66806	191240	258046
1996	66293	216787	283080

Fonte: Azienda Regionale Foreste Demaniali

Quanto alle forme di governo, si stima che il 55% dei boschi sia allevato a fustaia, il 35% a ceduo semplice e solo il 10% a ceduo composto.

Il 60% della superficie boscata appartiene alla Regione, il 15% ai Comuni e il 25% ai privati.

In presenza di tale situazione, i problemi più importanti da affrontare nel prossimo futuro si possono così sintetizzare:

1. Conservazione, miglioramento e recupero dei superstiti boschi naturali (circa il 30% del patrimonio complessivo), sottoposti per secoli a sfruttamento eccessivo e assoggettati a forme di governo e di trattamento non sempre idonee al temperamento della specie;
2. Conservazione e miglioramento mediante rinaturalizzazione dei boschi artificiali di resinose, biologicamente poco stabili e troppo esposti ai pericoli degli incendi;
3. Razionale utilizzazione e/o riconversione dei soprassuoli di eucalitti impiantati negli anni ’50 per scopi industriali (circa 35000 ha), trascurati per molto tempo dopo la crisi del settore;
4. Recupero a bosco dei tanti terreni marginali dell’agricoltura ormai in abbandono.

2.1 - Il Demanio Forestale Regionale

La consistenza attuale del Demanio Forestale Regionale, ripartito per Provincia, grado di copertura e composizione specifica prevalente, è riportata nelle Tabb. 2 e 3.

Com'è facile riscontrare, la dislocazione territoriale vede in testa la Provincia di Palermo (Distretti geografici delle Madonie, Monti di Palermo, Conca d'oro), seguita dalla Provincia di Catania (Etna, Nebrodi, Calatino, Vizzinese), di Messina (Peloritani e Nebrodi). Seguono a distanza Agrigento (Sicani, aree costiere, foce del Platani); Enna (monti Erei, propaggini meridionali dei Nebrodi; eucalitteti di Aidone, Enna, Piazza Armerina); Caltanissetta (sughereta di Niscemi, eucalitteti di Bufera, Caltanissetta, Mazzarino, San Cataldo); Trapani (monte Inici, Montagna Grande, Erice, Calatafimi, Pantelleria); Siracusa (Buccheri, Giarratana, Noto); Ragusa (Altopiano Ibleo, Monterosso Almo, Chiaramonte Gulfi).

L'alta incidenza dei popolamenti con grado di copertura inferiore al 20% sono da attribuire a fattori di natura diversa, ad azione separata o sinergica: mancanza di interventi manutentori tempestivi, pascolo eccessivo, incendi ricorrenti, stazioni poco idonee.

Tab. 2. Demanio Forestale Regionale. Superfici distinte per Provincia e per grado di copertura.

Provincia	Copertura < 20%	Copertura 20 -50%	Copertura 51-80%	Copertura > 80%	Totale (ha)
Agrigento	2383	3408	6770	3969	**16531**
Caltanissetta	886	4132	6773	2113	**13903**
Catania	18264	2785	6344	5363	**32755**
Enna	3322	1020	4755	5193	**14290**
Messina	5012	2868	2045	9432	**19356**
Palermo	17700	5721	7877	13363	**44661**
Ragusa	780	928	3616	2689	**8012**
Siracusa	2487	1865	2690	2190	**9232**
Trapani	2550	1099	2202	3959	**9810**
Totale (ha)	**53384**	**23826**	**43071**	**48271**	**168552**

Fonte: Sistema Informativo Territoriale Dipartimento Azienda Regionale Foreste Demaniali. Anno 2002.

Nei popolamenti d'origine artificiale, data la massiccia presenza di conifere impiegate, prevale nettamente la forma di governo a fustaia; i soprassuoli naturali, invece, sono tenuti soprattutto a ceduo semplice, con o senza matricine, anche se per molti di essi è in atto l'avviamento ad alto fusto.

Sorprendente è l'incremento subito dalla superficie demaniale nel tempo, passata da appena 4248 ha degli anni '40 ai quasi 170.000 attuali, con un aumento medio annuo di circa 2500 ha. Trattasi in genere di popolamenti di grande interesse naturalistico e scientifico, come testimonia il fatto che oltre l'80% di essi ricade all'interno delle aree naturali protette istituite a partire dal 1981: Parchi e Riserve regionali, Siti d'Interesse Comunitario, Zone di Protezione Speciale.

I popolamenti naturali sono concentrati soprattutto all'interno dei maggiori complessi montuosi dell'Isola e, in particolare, di quelli compresi nelle province di Palermo, Catania e Messina. Secondo ricerche recenti (Saporito *et al.*, 2003), al primo posto figurano le formazioni di sclerofille sempreverdi a prevalenza di leccio (9.254 ha) e di sughera (4.100 ha), cui seguono i boschi di specie decidue con dominanza di roverella (8.890 ha), cerro (5.528 ha), faggio (5.332 ha), latifoglie mesofile miste (3.261 ha), pino laricio dell'Etna (2.991 ha), castagno (1.522 ha). Un posto notevole occupa, infine, la macchia mediterranea (1.180 ha).

Nella composizione dei popolamenti artificiali, prevalgono nettamente le resinose (45000 ha), rappresentate in prevalenza dai pini mediterranei (pino d'Aleppo, domestico e marittimo, nell'ordine) e, in misura minore, dal pino nero d'Austria, i cipressi, i cedri, il pino insigne. Tra le latifoglie ricorrono maggiormente i frassini, la roverella, il cerro, il castagno, gli aceri, la robinia, i pioppi, le acacie, il noce. Un posto notevole occupano gli eucalitti ricadenti principalmente nelle province di Enna, Caltanissetta e Catania, la cui superficie ammonta ad oltre 25000 ha.

Molto diverso da caso a caso è lo stato di conservazione delle formazioni boschive. La loro ripartizione in base al grado di copertura (Tab. 2) mostra che soltanto il 28% presenta copertura piena, mentre il 45% denota carenze sensibili in fatto di densità e di provvigione.

Tab. 3. Demanio Forestale Regionale distinto per Provincia, per composizione specifica e densità.

Provincia	Boschi con copertura < 20%	Boschi di Conifere	Boschi di Latifoglie	Totali (ha)	%
Agrigento	2383	9586	4560	16529	9,81
Caltanissetta	886	2825	10191	13902	8,25
Catania	18263	4162	10328	32753	19,43
Enna	3321	2528	8397	14246	8,45
Messina	5011	2264	12122	19357	11.50
Palermo	17699	11367	15593	44659	26,50
Ragusa	779	6697	535	8011	4,75
Siracusa	2487	4012	2731	9230	5,49
Trapani	2550	5137	2122	9809	5,82
Totali (ha)	**53379**	**48578**	**66579**	**168536**	**100,00**

Fonte: Azienda Regionale Foreste Demaniali.

3. Caratteristiche strutturali e tipologico-vegetazionali delle principali formazioni forestali

3.1 - Boschi di faggio

Il faggio è presente in Sicilia esclusivamente sui tre gruppi montuosi più elevati dell'Isola (Madonie, Nebrodi ed Etna) costituendo una fascia di vegetazione arborea più o meno frammentata in relazione alle caratteristiche stazionali ed all'azione passata dell'attività antropica. Le faggete, di cui il 40% sono popolamenti puri, occupano una superficie di circa 13000 ha, l'80% dei quali è presente sui Nebrodi, il 15% sulle Madonie, il 5% sull'Etna. Il governo a ceduo è ancora oggi dominante (70%).

La presenza del faggio in Sicilia viene fatta risalire alla glaciazione mindeliana (470.000 anni fa) (Hofmann, 1960). Le glaciazioni e periodi interglaciali ne hanno favorito il dinamismo spaziale temporale. Nel periodo fra l'800 e il 500 a.c. si può collocare la massima espansione nell'isola (Hofmann, 1960). A partire da questo periodo l'areale comincia ad essere condizionato dall'azione antropica con conseguenti variazioni anche nella tipologia vegetazionale.

Madonie

Sulle Madonie il faggio è presente sui suoli più evoluti derivanti da rocce calcaree che ricadono in prevalenza nei territori del Demanio Forestale Regionale. Si valutano oggi circa 2778 ha (Comuni di Castelbuono, Castellana Sicula, Isnello, Petralia Sottana, Polizzi Generosa e Scillato) (Saporito *et al.*, 2003) (Tab. 4). Questo nucleo rappresenta circa il 15% della superficie dell'areale insulare della specie, ma in realtà l'areale è fortemente frammentato e discontinuo: spesso si tratta di piccoli gruppi di alberi o singoli alberi. Le maggiori formazioni, molto spesso in purezza, sono attualmente rappresentate da cedui semplici invecchiati, mentre pochi sono i soprassuoli a fustaia.

Le principali associazioni risultano con il leccio, l'acero di monte e l'acero minore.

Da un punto di vista conservazionistico e paesaggistico i nuclei più interessanti sono quelli di monte dei Cervi (1794 m), Pizzo Antenna Grande (1950 m), Piano Battaglia (1580 m), monte Mufara (1860 m).

La faggeta di *monte dei Cervi* occupa la sommità del monte nei versanti nord. Dagli ultimi tagli a raso effettuati negli anni '50 la faggeta non è più stata soggetta ad utilizzazioni: oggi il soprassuolo è assimilabile ad un ceduo invecchiato.

Tab. 4. Boschi a prevalenza di faggio nel Demanio Forestale Regionale (Saporito *et. al*., 2003).

Provincia	Comune	Superficie (ha)
Catania	Bronte	326
	Randazzo	90
	Zafferana Etnea	114
	Totale	**530**
Messina	Alcara Li Fusi	74
	Caronia	234
	Cesarò	831
	Longi	128
	Militello Rosmarino	312
	Tortorici	421
	Totale	**2000**
Palermo	Castelbuono	162
	Castellana Sicula	367
	Isnello	927
	Petralia Sottana	1.374
	Polizzi Generosa	332
	Scillato	96
	Totale	**2778**
	TOTALE SICILIA	**5308**

A *Piano Battaglia* il bosco di faggio è caratterizzato dallo stadio di sviluppo di maturità, con esemplari di notevoli dimensioni. In questa area ancora oggi il pascolo è assai diffuso. Altro nucleo assimilabile alla tipologia dei boschi vetusti è presente presso Piano Pomo.

Nell'area di *Pizzo Antenna Grande* la faggeta si incunea nei compluvi fino alle quote più elevate su terreni rocciosi.

Nebrodi

Il nucleo di faggete presente sui monti Nebrodi (80% della superficie dell'intero areale) è il più vasto della Sicilia. Tali faggete,

spesso ricche di un sottobosco di specie sempreverdi tra le quali dominano agrifoglio e pungitopo, sono ubicate su substrati siliceo-argillosi di arenarie terziarie ad alta capacità di trattenuta idrica; ciò rende possibile la presenza del faggio anche a quote relativamente basse. Difatti il limite inferiore del faggio sui Nebrodi si aggira attorno ai 1.200 m, 200 m meno che sulle Madonie. Le associazioni più frequenti qui sono con cerro, acero di monte, acero campestre, leccio, sorbo, carpino e tasso.

ETNA

Le faggete dell'Etna costituiscono oggi un relitto di elevato interesse naturalistico la cui estensione è condizionata dall'attività eruttiva del vulcano[1]. Sono le uniche a vegetare sull'isola, su substrato lavico. Le specie che si associano al faggio in questo complesso sono: il pino laricio, il pioppo tremulo, la betulla, la roverella ed il castagno.

I rilievi effettuati hanno messo in luce (Tab. 5) come oggi, sebbene da anni si sia seguita una politica gestionale di conservazione e miglioramento, sia evidente ancora l'azione del fattore antropico che ha pesato in modo determinante sulla diffusione e tipicizzazione delle strutture.

Tab. 5. "Test-site" nei boschi di faggio.

"Test-site" N°	Località	Comune	Lat. (N)	Long. (E)	Quota (m s.l.m.)	Pendenza (%)	Esposizione
1	Pian dei Cervi a	Polizzi G. (PA)	37°53'	13°58'	1560	18	S-SE
2	Pian dei Cervi b	Polizzi G. (PA)	37°53'	13°58'	1510	4 - 5	E
3	Pian dei Cervi c	Polizzi G. (PA)	37°53'	13°59'	1550	12	N-NE
4	Piano Battaglia	Petralia S. (PA)	37°52'	14°01'	1580	10 - 15	N-NE
5	Monte Soro	Cesarò (ME)	37°55'	14°40'	1680	3 - 13	E-SE
6	Malabotta	Tripi (ME)	37°58'	15°03'	1200	35	N-E
7	Biviere	Cesarò (ME)	37°57'	14°40'	1290	6	N
8	Tassita	Caronia (ME)	37°57'	14°28'	1290	6	N

In generale i soprassuoli sono assai irregolari e discontinui in quanto forte è la presenza di vuoti nella copertura per accidentalità della stazione, per azione ed intensità del pascolo per diversità storica di trattamento.

[1] L'ultima eruzione del 2002 ha inciso in modo violento sulle popolazioni relitte presenti alle quote più elevate.

Come già riportava Hofmann (1960) rari sono i popolamenti in fase di maturità avanzata mentre dominano soprassuoli in fasi differenziate di transizione da cedui semplici e diversamente matricinati a fustaia (Tabb. 6 e 7). Le stesse tecniche colturali applicate (diradamento dal basso, diradamento selettivo) non sempre hanno seguito criteri omogenei per cui si possono riscontrare, indipendentemente dalle condizioni stazionali, valori divergenti di densità, area basimetrica ed altezza media dei fusti.

Non è stato possibile reperire informazioni circa la lunghezza temporale dei probabili stadi di sviluppo della faggeta. Sono dominanti comunque le fasi di perticaia e di soprassuolo maturo giovane che corrispondono ai tempi di ripristino e di conversione adottati (60–100 anni).

Tab. 6. Parametri dendro-strutturali (Fs = Faggio; Ag = Agrifoglio; Ac = Acero; Ce = Cerro; Ta = Tasso; Bi = Biancospino) rilevati nei boschi di faggio.

"Test-site" N°	Località	Specie	Piante/ha (N.)	Area basim./ha	D. medio (cm)	H. media (m)	H. dom. (m)	Caratteristiche
1	Piano dei Cervi a	Fs	800	15,7	14,9	11,3	15,5	Ceduo invecchiato
		Ag	33	0,1	7,0	3,5		
		Totale	**833**	**15,8**				
2	Piano dei Cervi b	Fs	900	18,9	15,0	12,7	16,7	Ceduo matricinato invecchiato
3	Piano dei Cervi c	Fs	1233	26,6	15,0	12,4	16,1	Ceduo avviato ad alto fusto
4	Piano Battaglia	Fs	360	40,8	34,3	17,7	25,2	Fustaia matura
5	Monte Soro	Fs	1800	26,3	13,0	13,7	18,3	Ceduo invecchiato
6	Malabotta	Fs	770	24,9	18,4	12,7	17,3	Ceduo invecchiato
		Ac	33	0,3	11,0	12,5		
		Ce	33	1,6	26,0	11,5		
		Totale	**836**	**26,8**				
7	Biviere	Fs	260	35,0	39,0	18,4	22,0	Fustaia matura
8	Tassita	Fs	435	20,3	19,8	17,8	25,8	Fustaia mista a prevalenza faggio
		Ag	33	0,1	6,0	6,0		
		Ac	66	6,3	35,0	11,0		
		Ta	166	1,9	11,0	4,9		
		Bi	33	0,3	12,0	3,5		
		Ce	100	2,6	18,1	15,1		
		Totale	**833**	**31,2**				

E' comunque osservabile una tendenza, più o meno diffusa, diretta alla formazione di soprassuoli monostratificati che dimostra un'evoluzione lenta verso fasi naturali di maturità del popolamento. Del resto la letteratura indica che il movimento delle chiome nello spazio inizia nella fase finale dello stadio di maturità (stadio

di maturità avanzato), di biostasi e di degradazione (Bagnaresi *et al.*, 1999). La fase di decrepitezza per la faggeta non è prevedibile che in natura possa avvenire prima di cicli temporali di 3-400 anni (Figg. 1, 2 e 3).

Merita sottolineare l'importanza di alcune situazioni di particolare eccezionalità (popolamenti a monte di Piano Battaglia o in prossimità di Piano Pomo sulle Madonie, quelle di Biviere e di Tassita sui monti Nebrodi).

Per quanto riguarda densità e dimensione degli alberi, dovrebbero essere considerate come punto di riferimento in una gestione sia a carattere prevalentemente conservativo che a carattere selvicolturale-naturalistico.

Tab. 7. Caratteristiche descrittive dei "test-site" nei boschi di faggio.

"Test-site" N°	Località	Descrizione	Copertura (%)	Indici di biodiversità del soprassuolo		
				Brillouin	Simpson	Shannon
1	Piano dei Cervi a	Bosco ubicato sul versante sud di una conca molto ampia. Nel margine superiore del bosco, dove abbonda la presenza di rocce, è presente il leccio, altrove l'agrifoglio a piccoli gruppi. Il suolo si presenta poco evoluto e superficiale. La struttura è caratterizzata da un piano dominante, rappresentato da matricine e da polloni invecchiati di maggiori dimensioni (circa 16 m in altezza e 20 cm di diametro), e un piano dominato costituito da polloni sottoposti. Il popolamento è in fase di passaggio alla fase matura. L'evoluzione successionale è comunque assai lenta anche a causa delle caratteristiche dei suoli in genere superficiali.	80	0,13	0,08	0,17
2	Piano dei Cervi b	Il bosco ha una struttura biplana formata da un piano dominante rappresentato da vecchie matricine e da polloni invecchiati, un piano dominato rappresentato da polloni sottoposti. Sono rappresentate strutture più mosse della precedente forse a causa delle matricine di maggiori dimensioni. La rinnovazione è presente a tratti, nei punti più illuminati. Il sottobosco arboreo è rappresentato da agrifoglio; lo strato erbaceo è molto ricco.	86	0,00	0,00	0,00
3	Piano dei Cervi c	Bosco di faggio consociato all'acero di monte. Sono ancora evidenti le ceppaie con polloni (3-4) e piante sparse con diametro di 20-30 cm risultanti dal rilascio di vecchie utilizzazioni; la copertura è pressoché totale. In generale domina una struttura biplana. Nel sottobosco è presente l'agrifoglio. Rinnovazione scarsa o assente. Il soprassuolo è in fase evolutiva dinamica verso lo stadio di sviluppo di maturità.	90	0,00	0,00	0,00

4	Piano Battaglia	Tutta l'area di Piano Battaglia è caratterizzata da aree boscate che si alternano ad aree infraperte (pascoli arborati), ad aree pascolative. Nelle aree boscate è dominante un soprassuolo di faggio in fase di maturità e quindi monoplano con discreta vitalità con la maggior parte delle chiome posizionate su circa 22 m (si veda la correlazione diametro/altezza delle piante). Il popolamento è d'interesse scientifico per indagini sulla dinamica delle fasi successionali. Sottobosco pressoché inesistente per effetto del pascolo ma anche per elevata copertura.	91	0,00	0,00	0,00
5	Monte Soro	La faggeta si estende sui fianchi di monte Soro che, con i suoi 1847 m s.l.m. è la vetta più alta, dei monti Nebrodi. Le faggete del monte Soro rappresentano la prima fase evolutiva di boschi cedui coetanei. Sono caratterizzati da uniformità nella struttura e nella densità (altezza media dominante: 15 m). Le differenze più vistose sono imputabili all'età del popolamento ed alla diversità degli interventi effettuati (diradamenti dal basso). La scarsa rinnovazione è condizionata dalla forte copertura e quindi è presente soltanto nelle aree più aperte o ai bordi di queste.	86	0,00	0,00	0,00
6	Malabotta	La faggeta fa parte dei boschi ricadenti nella Riserva di Malabotta, ubicata nella zona di transizione tra i monti Peloritani e i monti Nebrodi. La Riserva si estende su di un'area caratterizzata da morfologia assai variabile; nella parte centro settentrionale prevalgono i sedimenti argilloso-arenacei e i profili sono dolci e regolari, mentre nella parte meridionale sono presenti agglomerati e calcarei che formano picchi e dirupi come Pizzo Castelluzzo, Pizzo Daniele e Serra Castagna. La vegetazione è molto differenziata: sono presenti pregevoli popolamenti di nocciolo, frassino, aceri, pioppo nero. Nel sottobosco abbondano biancospino, rosa comune, citiso trifloro, sparzio spinoso che stanno ad indicare la presenza di una fase evolutiva in recupero verso stadi di sviluppo a più ampia funzionalità forestale. L'area oggetto di studio è rappresentata da un ceduo di faggio invecchiato su crinale con pendenza accentuata che rappresenta la tipologia dominante per questo tipo di bosco. Nell'area sono presenti sporadici cerri ed aceri. Anche questo soprassuolo è in fase dinamica verso lo stadio di maturità. E' evidente dalla struttura gli effetti delle utilizzazioni passate che, congiuntamente alle più variabili condizioni microstazionali, in parte dovute alla pendenza del versante, influenzano in questo momento una certa irregolarità nella posizione spaziale delle chiome.	87	0,26	0,16	0,33
7	Biviere	Nell'area del Parco dei Nebrodi, nel versante Nord che scende da monte Soro si trova il lago delle Biviere di Cesarò, considerato centro del Parco, è contornato da fustaie di faggio mature con strutture in prevalenza monoplane, ma anche più mosse ed	85	0,00	0,00	0,00

		infraperte. L'area oggetto di studio è rappresentata da una faggeta, a tratti anche rada, ma con piante di grosse dimensioni e chiome espanse. Il piano dominante delle chiome è pressoché uniforme e si sviluppa ad altezze di 20-23 m. In conclusione, si tratta di boschi di faggio in una fase evolutiva di maturità avanzata. D'interesse la loro conservazione integrale rappresentando, per questa specie, situazioni uniche in Sicilia.				
8	Tassita	Bosco a prevalenza di faggio. Sono presenti acero campestre, cerro, tasso. Il sottobosco è composto da macchie molto dense di agrifoglio e qualche biancospino. La rinnovazione di faggio è presente nei punti del bosco più aperti e nelle poche chiarie. La struttura si presenta molto mossa, vengono individuati tre piani: il dominante costituito da faggi maturi, un secondo, intermedio, con cerro ed acero ed un piano sottoposto rappresentato prevalentemente da tasso. Anche in questo caso gli aspetti conservativi sono di grande interesse e quindi devono essere favoriti.	87	1,13	0,69	1,38

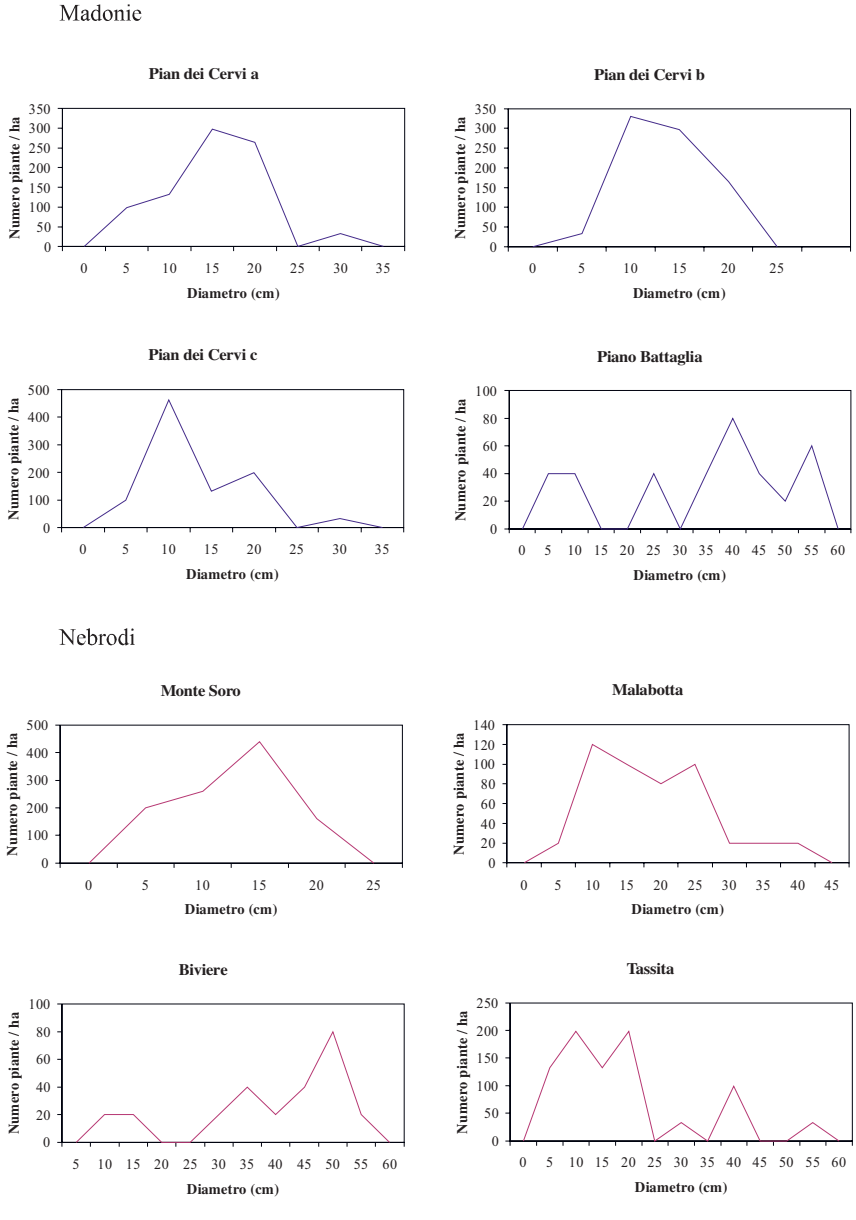


Fig. 1. Ripartizione diametrica dei fusti nei "test-site" realizzati nei boschi di faggio.

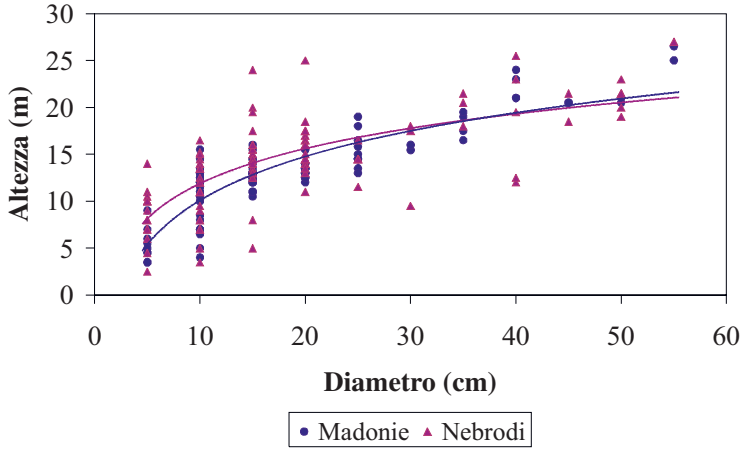
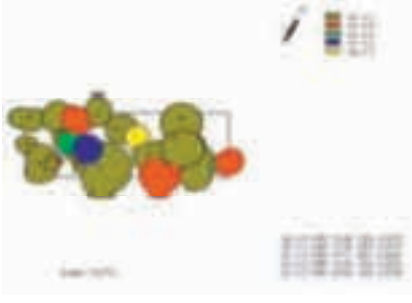
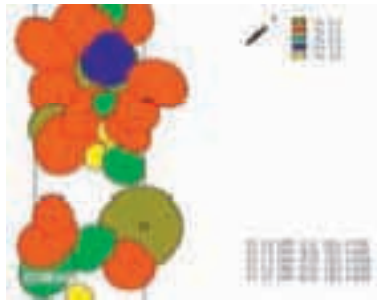


Fig. 2. Relazione tra diametro ed altezza nei soprassuoli di faggio.

Piano Cervi a

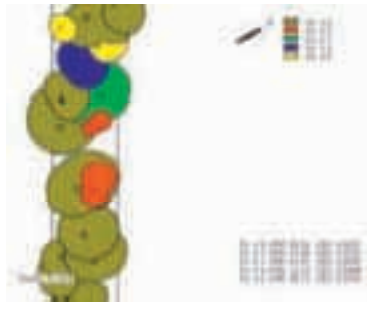


Piano Cervi b

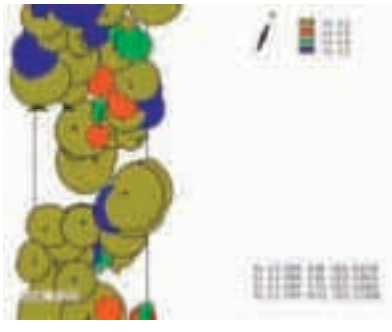


Piano Cervi c

Piano Battaglia



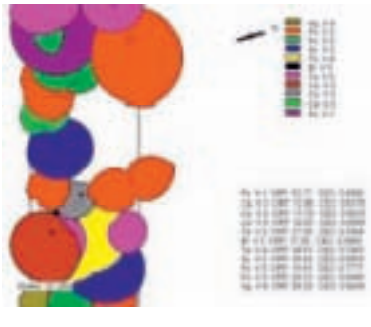
Monte Soro



Malabotta

Biviere

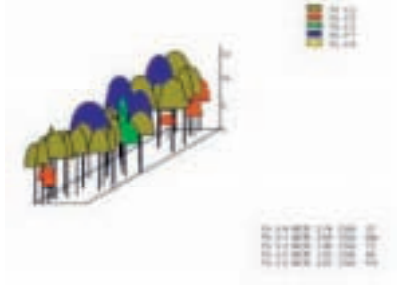
Tassita



Piano Cervi a

Piano Cervi b

Piano Cervi c



Piano Battaglia

Fig. 3. Caratteristiche strutturali dei soprasuoli caratterizzanti i "test-site" nei boschi di faggio (Specie: Fs = faggio; Ag = agrifoglio; Ce = cerro; Ac = acero; Ta = Tasso; Bi = biancospino; Posizione sociale: V1 = dominante, V2 = codominante, V3 = intermedia con chioma in luce, V4 = intermedia senza chioma in luce, V5 = dominata).

Si ricorda che la caratterizzazione vegetazionale si è avvalsa di analisi floristiche che hanno riguardato:

i) spazialmente l'area vegetazionale del soprassuolo considerato;
ii) temporalmente il momento in cui è stato effettuato il rilievo strutturale del bosco.

Nei boschi di faggio sono state identificate in totale 48 specie eterogeneamente distribuite. Il "test-site" di Biviere presenta il maggior numero di specie, mentre per il sito di Piano Battaglia il valore è zero (Fig. 4).

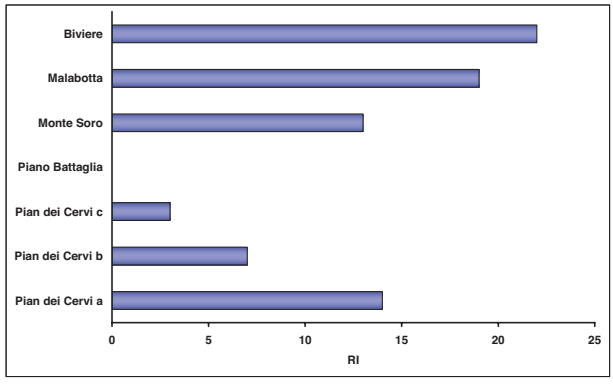


Fig. 4. RI (Ricchezza di specie) rilevata nei "test-site".

In Tab. 8 si riportano in modo dettagliato le specie individuate in ogni "test-site".

In effetti, poiché la biodiversità non è determinata solo dal numero di specie presenti in un territorio, ma anche dalla loro abbondanza relativa (Magurran, 1983), le aree con i più alti livelli di biodiversità risultano essere quelle di Pian dei Cervi a e di Biviere, rispettivamente con valori di H' uguali a 2,40 e 2,37; quelle con i valori di biodiversità più bassi risultano quelli di Piano dei Cervi e Piano Battaglia (rispettivamente H' = 0,35 e H' = 0) (Fig. 5).

Considerando che i valori dell'indice di diversità di Shannon usualmente variano tra 1,5 e 3,5, e solo raramente superano il valore di 4,5 come riportato da Margalef (1972), in generale si sono riscontrati bassi livelli di diversità vegetazionale.

Tab. 8. Specie identificate in ogni area dei boschi di faggio.

Specie	1	2	3	4	5	6	7
Acer campestre L.	X						
Agrostis stolonifera L. Dubbia camp senza spiga							X
Anthemis cupaniana Tod ex Loiac.(= *A. punctata* Vahl subsp. *Cupaniana* Fernandes: *A. punct. var. sicula Guss.: A. incana Guss.)*					X		X
Asperula levigata L.		X	X				
Brachypodium distachyum (L.) Beauv.						X	
Cachrys ferulacea (L.) Calestani	X						
Crepis vesicaria L. (= *C. scariosa* Willd.; *Barkhausia purpurea* Bivona; *C. purp.* Strudel.)					X		
Cyclamen hederifolium Aiton		X			X		
Daphne oleoides Schreber (= *D. glandulosa* Bertol.; *D. jasminea* S. et S.)						X	
Daucus carota L.						X	
Euphorbia melanopetala Gasparr.						X	X
Fagus sylvatica L.	X	X					X
Festuca heterophylla Lam.	X	X			X	X	
Fragaria vesca L.						X	X
Galium album Miller						X	
Geranium purpureum Will.						X	
Graminacee spp.			X				
Ilex acquifolium L.	X						X
Lactuca serriola L.					X		
Lamium flexuosum Ten.		X			X		
Lathyrus venetus (Miller) Wohlf.						X	
Leontodon tuberosus L.	X						
Lolium perenne L.	X						
Luzula campestris (L.) DC	X				X	X	X
Melica uniflora Retz.							X
Melittis melissophyllum L.						X	
Muschi spp.			X		X	X	X
Myosotis sylvatica Hoffm.					X		X
Orobanche chironii Lojac.					X		X
Primula vulgaris Hudson							X
Pteridium aquilinum (L.) Kuhn (= *Pteris aq.* L.)						X	
Pyrus piraster Burgsd.							X
Quercus cerris L.						X	
Ranunculus ficara L. (= *Ficara verna* Hudson, *Ficara ranunculoides* Roth)	X						
Ranunculus lanuginosus L.							X
Ranunculus rupestris Guss.	X	X					
Reichardia picroides (L.) Roth					X		X
Rubia peregrina L.							
Rubus silvatici spp. P.J.Muller (=*R. canescens* DC. (= *R. siculus* Presl.); *R. ulmifolius* Schott						X	X
Ruscus aculeatus L.							X
Sanicula europaea (L.)							X
Saxifraga rotundifolia L.						X	
Sedum tenuifolium (S. et S.) Strobl							X
Silene sicula Ucria (= *S. italica* v. *pauciflora* Guss. Non salzm.)	X						
Stellaria media (L.) Will.	X				X	X	X
Trifolium pratense L.	X	X					X
Viola odorata L.						X	X
Vulparia myuros (L.) Gmelin	X				X	X	X

(I numeri indicano i siti analizzati così come riportati in Tab. 5).

Nella foresta di Piano Cervi (Polizzi Generosa, Palermo) sono state riscontrate tipologie strutturali che presentano indici di diversità molto variabili. Gli indici di Shannon variano da valori medio alti a valori estremamente bassi (Fig. 5).

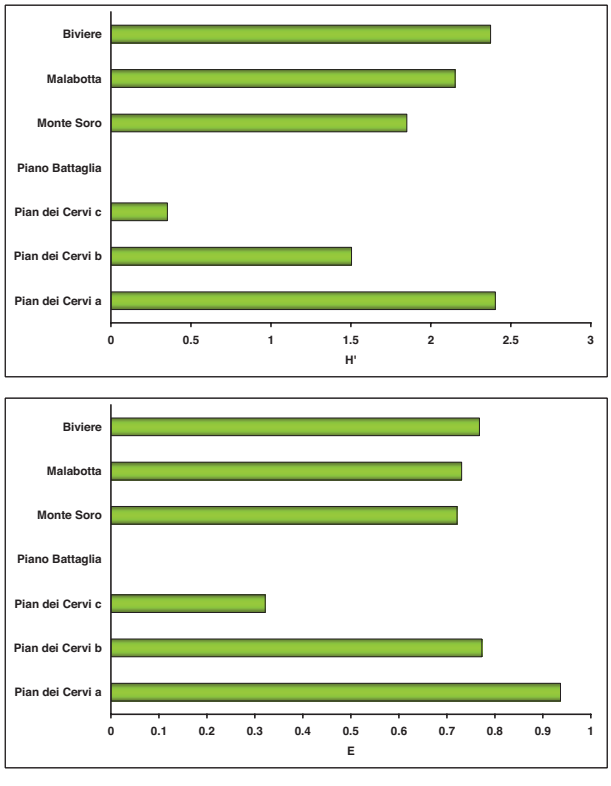


Fig. 5. Valori H' (indice di diversità) e E (indice di abbondanza relativa) di Shannon nei boschi di faggio.

Tali variazioni sono imputabili alla copertura del soprassuolo, sempre molto alta nel caso di faggete a densità colma:

- Pian dei Cervi a, è la tipologia caratterizzata dai più alti valori dell'indice di Shannon, ed il valore di copertura più basso (circa l'80%) associato ad una pendenza del 18%. In effetti il popolamento nelle sue caratteristiche stazionali e strutturali indica la situazione che più facilmente permette il passaggio della luce, fattore che condiziona lo sviluppo del sottosuolo.
- La copertura del "test-site" Pian dei Cervi b (85-90%) risulta maggiore rispetto al "test-site" precedente. L'indice di eterogeneità nelle sottoaree considerate (Fig. 6 - β_W) è più alto di quello presentato dall'area precedente, anche se l'abbondan-

za relativa delle specie è più omogenea (Fig. 6 - β_C). In effetti il soprassuolo arboreo presenta ampie chiare nelle quali è favorito lo sviluppo del sottobosco.

- L'area Piano Cervi c è quella che presenta i valori più bassi degli indici. In questo soprassuolo la copertura delle chiome raggiunge un valore superiore al 90%.

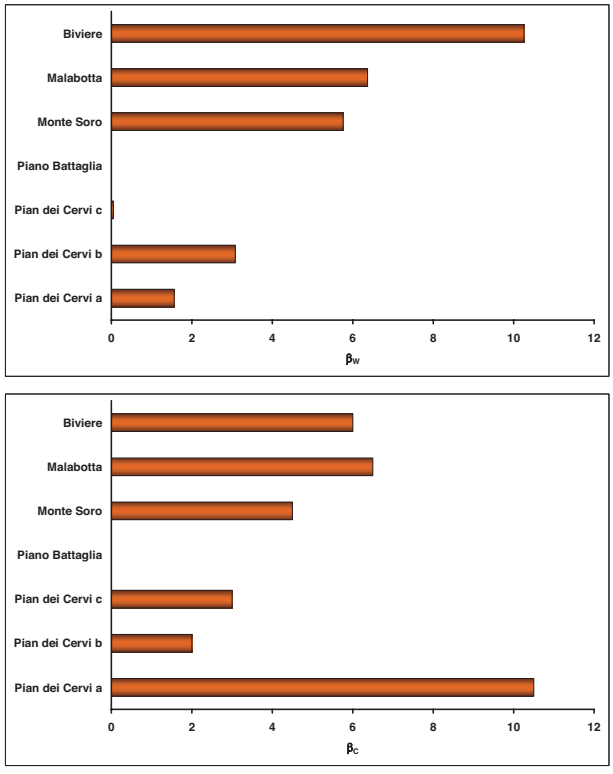


Fig. 6. Valori dell'indice di "β diversity" nei boschi di faggio.

La faggeta di monte Soro (Cesarò, Messina) presenta valori dell'indice di Shannon molto simili a quelli del test site di Pian dei Cervi b (H'=1,85 e 1,50 ed E=0,77 e 0,72). In effetti questi due soprassuoli presentano lo stesso valore di copertura 85-90%. È da rilevare che comunque nella faggeta di monte Soro la biodiversità del sottobosco è più eterogeneamente distribuita. Probabilmente ciò è da imputare alla variabilità di pendenza di questo sito (3-13%).

Le ultime due faggete considerate: Malabotta (Tripli, Messina) e Biviere (Cesarò, Messina) pur avendo livelli di copertura simili alle due aree precedenti presentano livelli di biodiversità medio alti (H' = 2,15 e 2,37 ed E = 0,73 e 0,76). Ciò è imputabile nel primo caso ad una pendenza del sito molto accentuata (35%).

La foresta di Biviere è costituita da una faggeta stramatura a tratti rada che permette la permanenza di uno strato erbaceo. Ovviamente questa struttura fa sì che la situazione del bosco sia molto più variabile e questo si riflette in una più eterogenea distribuzione delle specie. L'indice β_W (Fig. 6) è medio alto nel caso di Malabotta (6,5) ed alto nel caso di Biviere (10); alti i valori di abbondanza relativa (Fig. 6 - β_C).

3.2 - Boschi di Roverella

In Sicilia la roverella è assai diffusa su tutto il territorio formando popolamenti puri o in consocaiazione ad altre specie (Tab. 9). Occupa una superficie di circa 15000 ha e le principali formazioni si trovano nelle province di Palermo (47%), Catania (27%) e Messina (16%). I boschi più pregevoli sono localizzati sui complessi delle Madonie, dei Nebrodi, sui monti Sicani; presenza più contenuta è quella dell'Etna e dei Peloritani. Le formazioni di più elevato interesse occupano la sottozona fredda del *Lauretum* e la sottozona calda del *Castanetum* cioè nelle zone comprese tra i 400 e i 1200 m di quota, anche se la roverella (spesso con piante isolate) è presente a quote molto basse. In queste stazioni la roverella si associa al leccio ed alla sughera, mentre alle quote più alte la troviamo insieme al cerro, al castagno e talvolta al faggio e al pino laricio (Etna).

Anche in Sicilia la roverella si dimostra specie molto plastica.

Per esempio, l'alta plasticità edafica è dimostrata dal fatto che la roverella è presente i) sui monti Nebrodi, su marne, arenarie e scisti argillosi del Cenozoico; ii) sull'Etna dove i suoli principali si sono formati su lave, ceneri e lapilli vulcanici di epoca antica; iii) sulle Madonie dove i suoli predominanti hanno come base geologica il calcare del Mesozoico.

A causa delle incertezze sistematiche (Di Noto *et al.*, 1995; 1998), in questo studio si sono considerati i popolamenti le cui piante erano rappresentate in netta prevalenza da tipi con caratteri morfologici (foglie e cupole) riferibili alla descrizione riportata in Flora Europea (Tutin *et al.*, 1993). D'altra parte la grande variabilità presente a livello di singola popolazione (tra gli individui) lascia spesso intravedere più o meno ampi scostamenti dagli standard di riferimento per cui sarebbe opportuno parlare di ***Quercus pubescens complex***.

Con ciò non possiamo escludere la possibilità dell'effettiva presenza di entità vicarianti, di forme intraspecifiche, nonchè di forme ibride anche con *Quercus petraea* (Matt.) Liebl. così come descritto in letteratura.

Tab. 9. Boschi a prevalenza di roverella nel Demanio Forestale Regionale (da Saporito *et al*., 2003).

Provincia	Comune	Superficie (ha)	Provincia	Comune	Superficie (ha)
Agrigento	Bivona	10	Messina	Saponara	32
	Burgio	811		**TOTALE**	**1376**
	Cammarata	42	Palermo	Caccamo	169
	Santo Stefano di Q.	137		Castelbuono	14
	TOTALE	**1001**		Castronuovo	105
Caltanisetta	Mazzarino	24		Cefalù	69
	TOTALE	**24**		Chiusa Sclafani	301
Catania	Bronte	606		Contessa Entellina	123
	Linguaglossa	177		Godrano	666
	Maletto	343		Lascari	35
	Milo	182		Mezzojuso	74
	Pedara	6		Monreale	1256
	Piedimonte Etneo	9		Palazzo Adriano	593
	Randazzo	112		Petralia Sottana	58
	Sant'Alfio	0.3		Polizzi Generosa	181
	Zafferana Etnea	23		Scillato	24
	TOTALE	**1458**		Trabia	48
Enna	Cerami	35		**TOTALE**	**3716**
	TOTALE	**35**	Ragusa	Giarratana	23
Messina	Barcellona	122		Monterosso Almo	27
	Casalvecchio S.	279		**TOTALE**	**50**
	Castroreale	429	Siracusa	Buccheri	185
	Francavilla di S.	21		Ferla	65
	Furci S.	212		Noto	31
	Malvagna	17		Sortino	6
	Messina	64		**TOTALE**	**287**
	Monforte S. Giorgio	13	Trapani	Gibellina	13
	San Pier Niceto	37		Partanna	21
	S. Lucia del Mela	150		**TOTALE**	**34**
				TOTALE SICILIA	**7981**

Come già indicato la roverella è assai diffusa nel terrirorio gestito dall'Azienda Demaniale. Occupa varie fasce altitudinali e condizioni stazionali anche molto differenti. Ciò permette la formazione di soprassuoli a netta prevalenza di questa specie ma anche complessi ad elevata mescolanza di specie.

Le caratteristiche vegetazionali e strutturali riflettono anche in questo caso la storia passata del popolamento ed in particolare l'azione di ripristino attuata dalla gestione dell'Azienda stessa.

Tab. 12. Caratteristiche descrittive dei "test-site" nei boschi di roverella.

"Test-site" N°	Località	Descrizione	Copertura (%)	Indici di biodiversità del soprassuolo		
				Brillouin	Simpson	Shannon
9	Ficuzza	Bosco di roverella paracoetaneo di circa 100 anni, pascolato. Sottobosco con *facies* differenziate: si intercalano aree a pascolo polifita ed aree con suffruttici dense di rovi, ortica, rosa canica, pruno spinoso, pungitopo, peonia e dafne. (A tratti il popolamento potrebbe essere di origine artificiale a causa della disposizione regolare delle piante). Una osservazione più accurata ed ampia ed un'indagine storica della Foresta potrebbe essere di aiuto per comprendere meglio le caratteristiche strutturali odierne di questi boschi.	88	0,00	0,00	0,00
10	Piano Sempria	Il vasto complesso boscato che sovrasta il versante di Castelbuono rappresenta un esempio di documentazione forestale vivente di grande interesse. Si assiste ad una distribuzione, in senso altitudinale, di fasce con dominanza, in basso, del leccio quindi, all'aumento della quota, quella delle querce caducifoglie e quella del faggio. Tra l'altro la variabilità delle condizioni stazionali determina aree di occupazione di più specie, per cui non sono rare le situazioni di boschi misti. Infine le differenti modalità d'uso del passato hanno contribuito in modo sostanziale a determinare quella biodiversità vegetazionale che arreca all'area un forte valore anche sotto l'aspetto paesaggistico. Il "test-site" ha interessato un tratto di fustaia adulta di roverella con presenza sporadica di cerro e leccio. Il sottobosco è rappresentato da macchie di agrifoglio più o meno estese e dense. Lo strato erbaceo presente quasi esclusivamente su chiarie, è molto ricco di specie nitrofile (rovo) e varie graminacee. Sotto copertura il suolo è riccamente organicato, con orizzonti indistinguibili a causa della forte presenza di selvaggina. In generale la struttura appare assai irregolare essendo frequente la compenetrazione di aree, anche ristrette, con popolamenti monostratificati di diverse altezze, con quelle a struttura pluriplanari ed ancora con tratti di ceduo (spesso dove domina il leccio). Tra l'altro sono presenti piante vetuste di notevoli dimensioni (leccio e roverella).	90	0,65	0,37	0,74
11	Piano Pomo	Bosco misto a prevalenza di roverella con presenza di esemplari ultra-centenari ubicato su di un versante piuttosto accidentato sopra Piano Pomo. Nella parte bassa, più pianeggiante, un'ampia area è occupata da un gruppo di agrifogli secolari, mentre aceri sparsi si riscontrato nella parte più alta in cui il faggio è dominante. Un gruppo di roverella in fase di perticaia, con altezze di 10-12 m, si affianca al boschetto di agrifoglio. Nel caso del "test-site" la struttura è tendenzialmente biplana, un piano dominante costituito dalle chiome degli esemplari maturi di grandi dimensioni e un piano dominato costituito da rinnovazione affermata di querce e faggio. Nel complesso la struttura del popolamento è molto mossa ed irregolare (disetanea). La presenza di piante di dimensioni e sviluppo eccezionali giustificano ampiamente l'inserimento di tutta la cenosi di Piano Pomo in una riserva naturale.	84	0,61	0,41	0,70

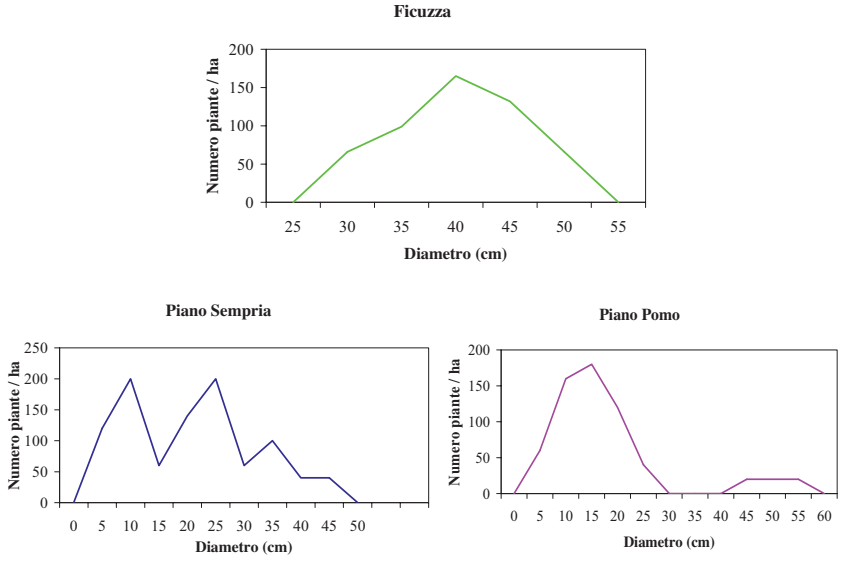


Fig. 7. Ripartizione diametrica dei fusti nei "test-site" realizzati nei boschi di roverella.

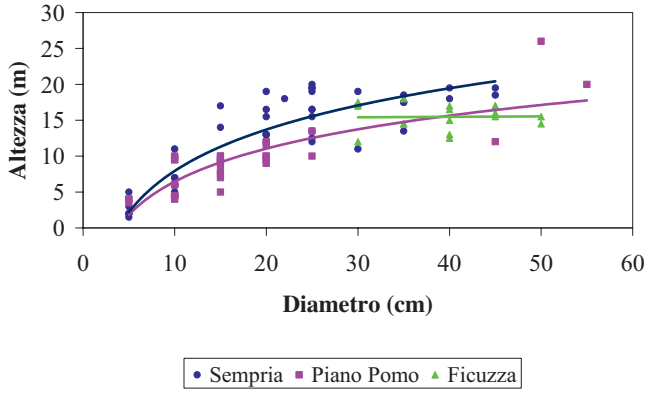
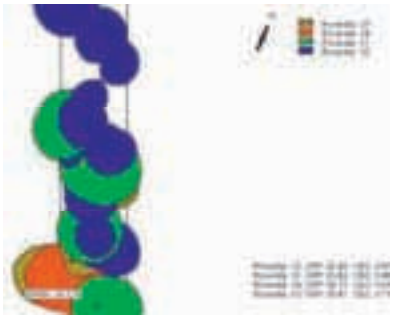
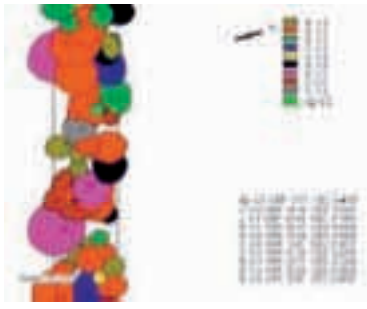


Fig. 8. Relazione tra diametro ed altezza nei soprassuoli di roverella.

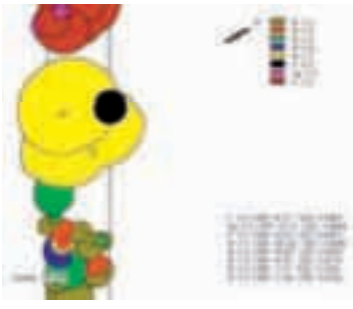
Ficuzza



Piano Sempria

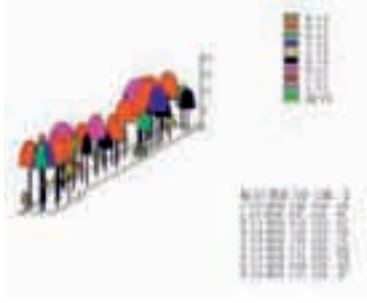


Piano Pomo



Ficuzza

Piano Sempria



Piano Pomo

Fig. 9. Caratteristiche strutturali dei soprasuoli caratterizzanti i "test-site" nei boschi di roverella (Specie: R = roverella; C = cerro; L = leccio; F = faggio; Ag = agrifoglio; Posizione sociale: V1 = dominante, V2 = codominante, V3 = intermedia con chioma in luce, V4 = intermedia senza chioma in luce, V5 = dominata).

Le analisi floristiche sono state effettuate nei "test-site" di Ficuzza, Piano Sempria e Piano Pomo nei quali sono state individuate in totale 46 specie (Tab. 13).

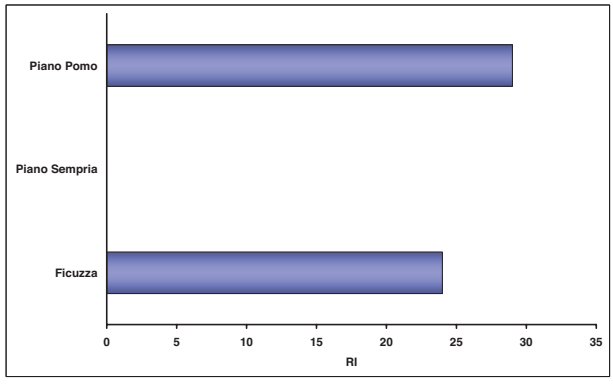


Fig. 10. RI (Ricchezza di specie) nei "test-site".

Il "test-site" di Piano Pomo presenta il maggior numero di specie, mentre il sito di Piano Sempria, a causa dell'intenso pascolo, è privo di sottobosco (Fig. 10).

In Tab. 13 si riportano in modo dettagliato le specie identificate in ogni area.

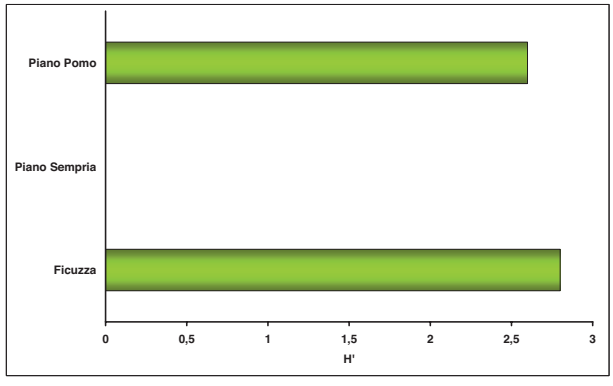
L'area con i più alti livelli di biodiversità risulta essere quella di Ficuzza con un valore di H' uguale a 2,80 (Fig. 11).

In generale considerando i valori dell'indice di diversità di Shannon, le aree sono caratterizzate da livelli medio-alti di diversità vegetazionale.

Tab. 13. Specie identificate in ogni area dei boschi di roverella.

Specie	**9**	**10**	**11**
Acer campestre L.			X
Acer pseudoplatanus L.			X
Anthemis cupaniana Tod ex Loiac.(= A. punctata Vahl subsp. Cupaniana Fernandes: *A. punct. var. sicula Guss.: A. incana Guss.)*	X		
Asperula aristata L.			X
Asphodelus microcarpus Salzm. Et Viv.			X
Bellis perennis L.	X		
Bromus ramosus Hudson	X		X
Calamintha nepeta (L) Savi			X
Carduus argyroa Biv.	X		
Crategus monogyna Jacq.			X
Crepis vesicaria L. (subsp. *Hyemalis* Biv.)	X		
Daphne oleoides Schreber (= *D. glandulosa* Bertol.; *D. jasminea* S. et S.)	X		X
Daucus carota L.			X
Festuca heterophylla Lam.			X
Galium parisiense L.			X
Geranium purpureum Will.	X		
Graminacee spp.	X		
Hedera helix L.	X		
Ilex aquifolium L.			X
Lactuca serriola L.			X
Lamium flexuosum Ten.			
Lathyrus nissolia L.			X
Luzula forsteri (Sm.) DC.			X
Nardus halleri (Viv.) Fiori (= *Festuca festucoides* (Bertol) Becherer			X
Notobasis sicula (L.) Cass. (= *Cirsium syr.* Gaertner)	X		
Paeonia mascula (L.) Miller	X		
Peucedanum carvifolia Vill. (= *P. chabraei* Rchb.)	X		
Poa sylvicola Guss.			X
Prunus spinosa L.	X		X
Pteridium aquilinum (L.) Kuhn (= *Pteris aq.* L.)			X
Pyrus piraster Burgsd.			X
Quercus ilex L.			X
Quercus pubescens Will.	X		X
Ranunculus lanuginosus L.	X		X
Rosa canina L.	X		X
Rubus silvatici spp. P.J.Muller (=*R. canescens* DC. (= *R. siculus* Presl.); *R. ulmifolius* Schott)	X		X
Ruscus aculeatus L.	X		
Sherardia arvensis L.	X		
Silene sicula Ucria (= *S. italica* v. *pauciflora* Guss. Non salzm.)			X
Smyrnium perfoliatum L.	X		
Stellaria media (L.) Will.	X		
Taraxacum officinale Weber	X		
Trifolium pratense L.			X
Trifolium repens L.	X		X
Viola odorata L.			X
Vulparia myuros (L.) Gmelin	X		X

(I numeri indicano i siti analizzati così come riportati in Tab. 10).



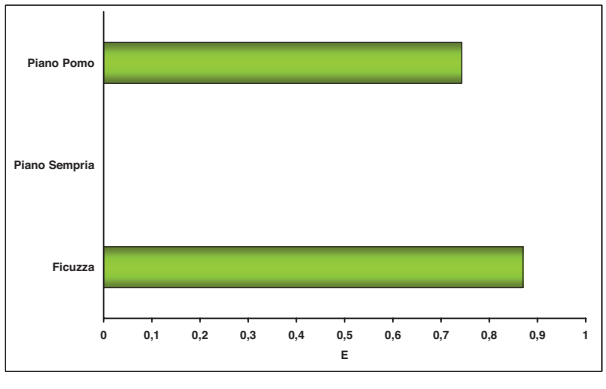


Fig. 11. Valori H' (indice di diversità) e E (indice di abbondanza relativa) di Shannon nei boschi di roverella.

Ficuzza presenta livelli di diversità più alti sia come numero di specie (H') che di abbondanza relativa (E) anche se più eterogeneamente distribuita nelle sottoaree, come indicato dagli indici di "? diversity" (Fig. 12). Ciò è da imputare, ancora, ad una più alta luminosità presente all'interno del popolamento.

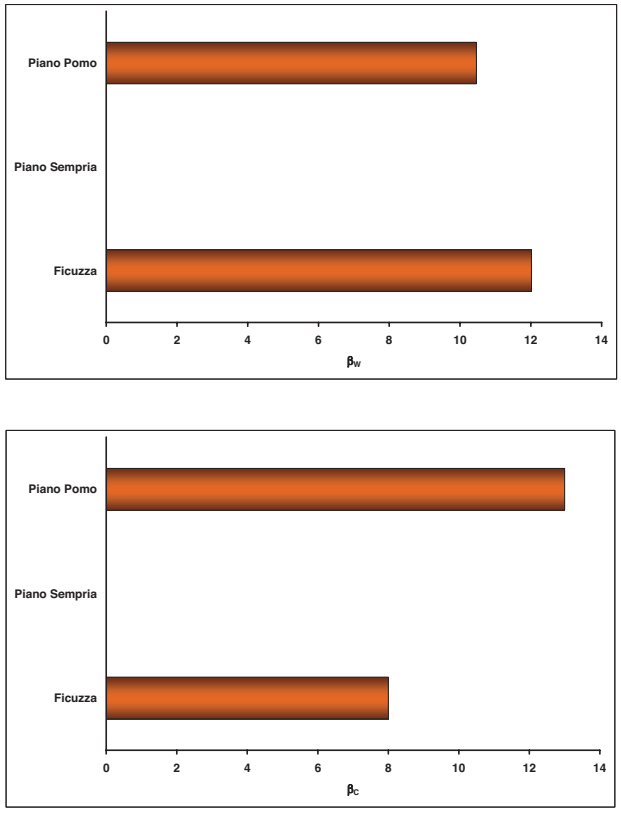


Fig. 12. Valori dell'indice di "β diversity" nei boschi di roverella.

3.3 - Boschi di Sughera

La sughera (*Quercus suber* L.) in Sicilia trova ambiente di vegetazione ottimale favorito dal clima e dalle caratteristiche dei suoli.
Nel complesso si stima che le sugherete pure e miste si estendano su una superficie di oltre 16000 ha. I popolamenti più importanti, spesso riferibili alle associazioni *Genisto aristato-Quercus suber, Doronico-Quercetum ilicis, Stipo bromoideis-Quercetum suberis* (Mercurio e Spampinato, 2001), sono concentrati su una fascia altitudinale che dal livello del mare arriva a 700 m e localizzati sui versanti settentrionali delle Madonie (Comuni di Collesano, Geraci S., Pollina, Cefalù) e dei Nebrodi (*Erico-Quercetum ilicis*) (Comune di Caronia). In Provincia di Palermo sono presenti anche i boschi misti con sughera nell'area del bosco di Ficuzza, ai margini del lago

Scansano. Nell'area meridionale e centro-occidentale dell'Isola la sughera si riscontra nelle province di Catania (Comune di Caltagirone), Caltanissetta (Comune di Niscemi) e Siracusa (Comune di Buccheri) (Tab. 14).
Nel Comune di Caltagirone è presente la sughereta forse più nota della Sicilia, quella del Bosco di Santo Pietro che in passato si estendeva su un'area molto vasta. L'azione antropica ne ha drasticamente ridotto la superficie per incrementare l'area agricola. Grossi esemplari si riscontrano oggi sparsi nei coltivi a testimonianza dell'antico soprassuolo. Nel Comune di Niscemi della sughereta originaria, purtroppo, oggi restano pochi gruppi di piante e non sempre in condizioni soddisfacenti. Nel Comune di Buccheri sono presenti due belle sugherete: la prima conosciuta come Bosco Pisano, molto estesa, la seconda è ubicata in località "Frassino" sulla strada per Ferla dove sono presenti piante di notevoli dimensioni.
In generale, le sugherete sono caratterizzate da parametri strutturali molto variabili (Tabb. 15, 16 e 17): densità, diametro, altezza ed età possono cambiare notevolmente anche nell'ambito di superficie relativamente ristrette (Figg. 13, 14 e 15).
Questa situazione è ben comprensibile se si considera con attenzione la storia del soprassuolo ed i rapporti che si sono instaurati nel tempo tra questo e l'attività antropica.
Spesso le sugherete vengono indicate come un tipico modello gestionale riferibile all'"Agroforestry". Difatti alla produzione legnosa e subericola vi è stato sempre associato il pascolo (del cotico erboso, ma anche della produzione di ghiande di sughera, leccio e roverella). La sostituzione (rinnovazione) delle piante di sughera era ed è effettuata nei casi estremi di deperimento o di morte (incendio) di queste. Poiché l'estrazione del sughero è condizionata dalla presenza di un fusto, pratica diffusa era ed è (almeno in Italia) il rilascio e la salvaguardia delle piante durante l'utilizzazione legnosa (boschi misti) che portava alla sopravvivenza anche di piante vetuste, in quanto potevano essere sottoposte a decortica di sughero gentile[2].

[2]Si ricorda che la prima estrazione (sugherone) delle piante di rinnovazione (piante da seme e/o polloni) si realizza quasi sempre dopo 50-70 anni.

Tab. 15. "Test-site" nei boschi di sughera.

"Test-site" N°	Località	Comune	Lat. (N)	Long. (E)	Quota (m s.l.m.)	Pendenza (%)	Esposizione
12	Geraci	Geraci Siculo (PA)	37°53'	14°08'	70	5 - 10	N-O
13	Rascata a	Collesano (PA)	37°55'	13°56'	480	5 - 10	NE - E
14	Rascata b	Collesano (PA)	37°55'	13°56'	490	0	N-O

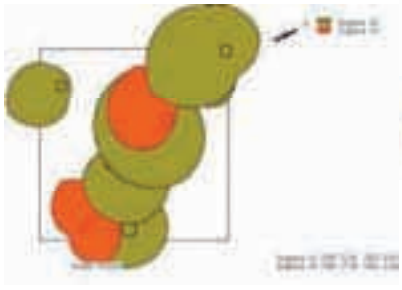
Tab. 16. Parametri dendro-strutturali (S = Sughera; R = Roverella) rilevati nei boschi di sughera.

"Test-site" N°	Località	Specie	Piante/ha (N°)	Area basim./ha	D. medio (cm)	H. media (m)	H. dom. (m)	Caratteristiche
12	Geraci	S	**800**	**70**	33,7	8,7	9,2	Sughereta paracoetanea
13	Rascata a	S	700	27,6	20,8	5,6	8,2	Bosco misto
		R	670	6,9	11,2	5,8	7,7	
		TOT.	**1370**	**34,5**				
14	Rascata b	S	340	37,6	27,7	8,6	12,8	Bosco maturo irregolare
		R	160	5,6	15,2	8,2	8,3	
		TOT.	**500**	**43,2**				

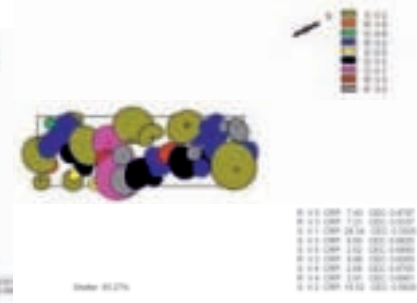
Tab. 17. Caratteristiche descrittive dei "test-site" nei boschi di sughera.

"Test-site" N°	Località	Descrizione	Copertura (%)	Indici di biodiversità del soprassuolo		
				Brillouin	Simpson	Shannon
12	Geraci	Soprassuolo in prevalenza di origine agamica a densità varia, da densa a lacunosa. Probabilmente derivante da una ceduazione effettuata dopo un incendio e recentemente interessata da interventi di diradamento e potatura.	63	0,00	0,00	0,00
13	Rascata a	Bosco misto a prevalenza di sughera. A tratti la sughera si associa alla roverella. Il popolamento presenta una discreta variabilità dovuta alle differenti dimensioni e/o classi di età delle piante così come alla diversa distribuzione spaziale. In generale domina una struttura biplana con un piano discontinuo, rappresentato dalle chiome di piante di età avanzata, e un piano inferiore realizzato da sughere di età inferiori spesso in consociazione alla roverella.	85	0,64	0,51	0,69
14	Rascata b	Bosco misto a prevalenza di sughera costituito da gruppi di piante adulte che si alternano a gruppi di piante di più modeste dimensioni. Il bosco ha una struttura infra-aperta assimilabile a quella biplana, molto articolata e costituita da un piano superiore formato dalle chiome di piante mature ed un piano sottostante formato dalle chiome di alberi con altezza di 3-6 m. Ciò è attribuibile agli interventi di ripristino attuati negli ultimi decenni e finalizzati al rispetto delle piante, anche vetuste, presenti e a favorire (diradamenti, potature, decespugliamenti) i giovani fusti (rinnovazione gamica ed agamica).	86	0,55	0,45	0,62

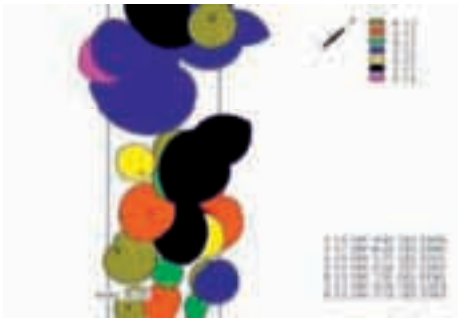
Geraci



Rascata a



Rascata b



Geraci

Rascata a

Rascata b

Fig. 13. Caratteristiche strutturali dei soprassuoli caratterizzanti i "test-site" nei boschi di sughera (Specie: S = sughera; Q = rovere; R = roverella; Posizione sociale: V1 = dominante, V2 = codominante, V3 = intermedia con chioma in luce, V4 = intermedia senza chioma in luce, V5 = dominata).

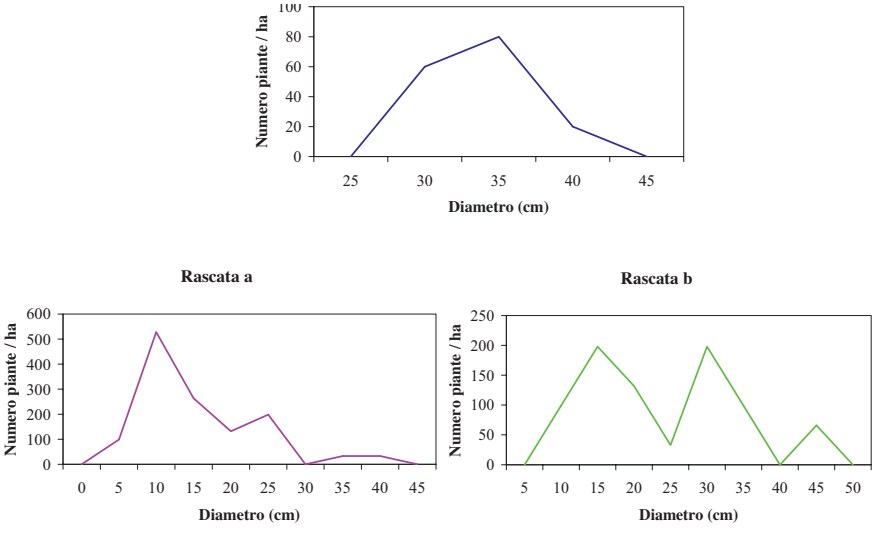


Fig. 14. Ripartizione diametrica dei fusti nei test site-realizzati nei boschi di sughera.

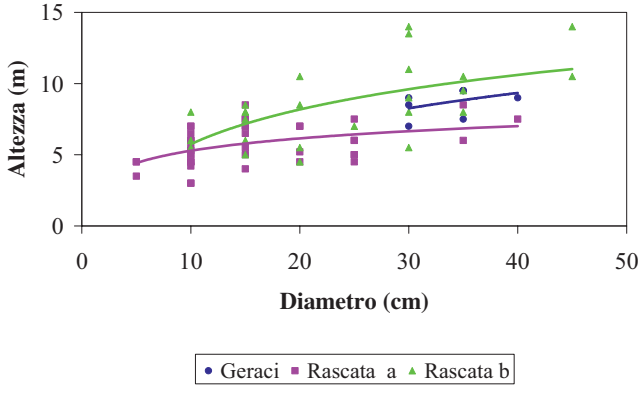


Fig. 15. Relazione tra diametro ed altezza nei soprassuoli di sughera.

Le analisi floristiche sono state effettuate nell'area della sughereta di Geraci. Sono state identificate in totale 17 specie (Tab. 18). Inoltre il popolamento presenta un livello di biodiversità (numero di specie) non molto elevato (Tab. 19) (H') e così pure risultano i valori di abbondanza relativa (E). Inoltre le sottoaree risultano molto omogenee e con una costante alta abbondanza.

Tab. 18. Elenco delle specie rilevate nella sughereta di Geraci.

Specie
Agrimonia eupatoria L.
Asparagus officinalis L.
Bromus ramosus Hudson
Calamintha nepeta (L) Savi
Crategus monogyna Jacq.
Festuca heterophylla Lam.
Fragaria vesca L.
Potentilla caulescens L.
Prunus spinosa L.
Rosa canina L.
Rubia peregrina L.
Ruscus aculeatus L.
Stachys sylvatica L.
Taraxacum officinale Weber
Trifolium pratense L.
Viola odorata L.
Vulparia myuros (L.) Gmelin

Tab. 19. Valori degli indici di biodiversità calcolati sui dati rilevati nella sughereta di Geraci.

H'	E	$ß_W$	$ß_C$
1,96	0,85	0,43	10

3.4 - Boschi di Leccio

Il *Quercetum ilicis* è in Sicilia associazione diffusa nel territorio che occupa un ampio gradiente altitudinale dipartendosi dal livello del mare e spingendosi in alto al limite della vegetazione (gruppi di leccio sono frequenti alle quote di 900-1400 m: nel territorio comunale di Polizzi supera i 1700 m di quota) (Tab. 20).

In Comune di San Fratello (Nebrodi) il leccio occupa la zona fra cerro e faggio formando un'inversione vegetazionale. Sui Peloritani, nelle aree in cui predominano le rocce calcaree, raggiunge le vette e costituisce il limite della vegetazione.

Tab. 20. Boschi a prevalenza di leccio nel Demanio Forestale Regionale (da: Saporito *et al.*, 2003).

Provincia	Superficie (ha)
Agrigento	423
Caltanissetta	172
Catania	962
Enna	98
Messina	646
Palermo	4783
Ragusa	72
Siracusa	1581
Trapani	640
TOTALE	**9382**

E' stato accennato sulla variabilità strutturale dei boschi di leccio e dell'impatto antropico che nel tempo ne ha caratterizzato la fisionomia.

La situazione odierna nel caso delle leccete ubicate nei complessi forestali dell'Azienda è il risultato dell'azione conservativa e di ripristino da questa sviluppata. L'applicazione dei concetti di selvicoltura naturalistica si concretizzano in interventi mirati che conducono ad uno sviluppo lento, ma funzionale del soprassuolo, che raggiunge fasi sempre più avanzate della successione.

Questo fatto porta ad un aumento dell'altezza media del piano delle chiome, ad un aumento della copertura, ad un incremento molto lento delle dimensioni dei diametri dei fusti e della loro area basimetrica, ad una diminuzione della luminosità nell'interno del bosco e ad una riduzione forte della diversità ed abbondanza vegetazionale (Tabb. 21, 22 e 23; Figg. 16, 17 e 18).

Tab. 21. "Test-site" nei boschi di leccio.

"Test-site" N°	Località	Comune	Lat. (N)	Long. (E)	Quota (m s.l.m.)	Pendenza (%)	Esposizione
15	Zirbetto, Str. Km 22	San Fratello (ME)	37°57'	14°37'	1000	11	N-E
16	Zirbetto, Contr. Moglie	San Fratello (ME)	37°57'	14°37'	1100	15-18	N-O

Tab. 22. Parametri dendro-strutturali (Le = Leccio) rilevati nei boschi di leccio.

"Test-site" N°	Località	Specie	Piante/ha (N°)	Area basim./ha	D. medio (cm)	H. media (m)	H. dom. (m)	Caratteristiche
15	Zirbetto, Str. Km 22	Le	1480	50,6	19,3	11,1	15,8	Ceduo invecchiato
16	Zirbetto, Contr. Moglie	Le	700	50,9	28,5	13,5	18,7	Bosco maturo

Tab. 23. Caratteristiche descrittive dei "test-site" dei boschi di leccio.

"Test-site" N°	Località	Descrizione	Copertura (%)	Indici di biodiversità del soprassuolo		
				Brillouin	Simpson	Shannon
15	Zibetto Str. Km 22	Lecceta pressoché pura originata da ceduo non più utilizzato; si riscontrano sporadici cerri. L'interesse della lecceta di Zirbetto è incentrato sul fatto che rappresenta esempio di inversione vegetazionale. L'area "test-site" rappresenta prova documentale per studi successionali dei boschi di questa specie.	72	0,00	0,00	0,00
16	Zibetto Contrada Moglie	Bosco nella fase iniziale di maturità (di origine agamica) con sporadica presenza di cerro. Struttura monoplana e densità variabile. Il sottobosco è rappresentato da gruppi di agrifoglio.	88	0,00	0,00	0,00

Zibetto Str. Km 22 Zibetto Contr. Moglie

Zibetto Str. Km 22 Zibetto Contr. Moglie

Fig. 16. Caratteristiche strutturali dei soprassuoli caratterizzanti i "test-site" nei boschi di leccio (Specie: Le = leccio; Posizione sociale: V1 = dominante, V2 = codominante, V3 = intermedia con chioma in luce, V4 = intermedia senza chioma in luce, V5 = dominata).

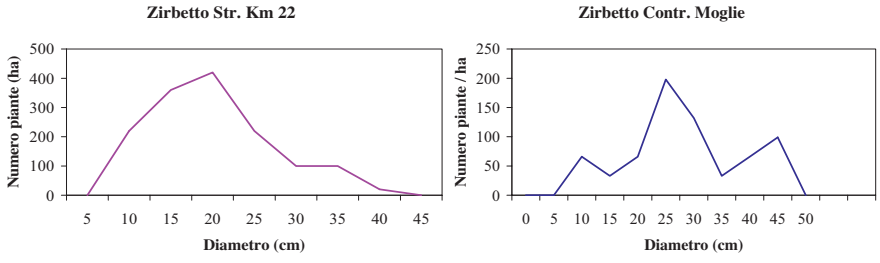


Fig. 17. Ripartizione diametrica dei fusti nei "test-site" realizzati nei boschi di leccio.

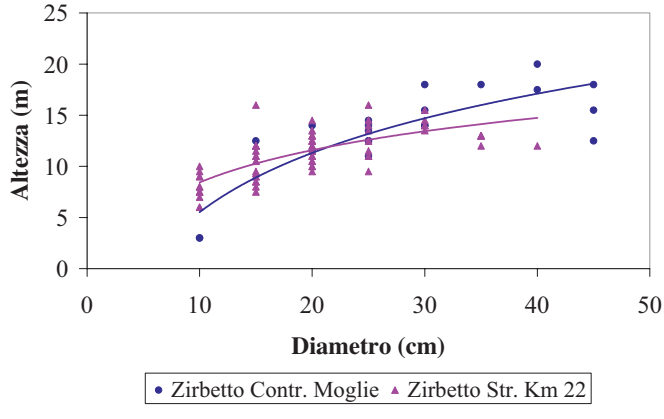


Fig. 18. Relazione tra diametro ed altezza nei soprassuoli di leccio.

Le analisi floristiche hanno evidenziato una bassa presenza di specie (RI: 10) (Tab. 24). Basso è risultato anche il grado di abbondanza relativa (E) (Tab. 25).

D'altra parte il soprassuolo è in fase di evoluzione naturale (da oltre 25 anni sono state abolite le utilizzazioni) con elevati valori di densità ed area basimetrica che conduce ad una maggiore copertura del suolo da parte delle chiome.

Tab. 24. Specie identificate nel lecceta Zirbetto.

Specie
Allium flavum L.
Anthemis cupaniana Tod ex Loiac.
Cistus clusii Dunal
Festuca heterophylla Lam.
Fragaria vesca L.
Lactuca serriola L.
Luzula campestris (L.) DC
Muschi spp.
Viola odorata L.
Vulparia myuros (L) Gmelin

Tab. 25. Valori degli indici di biodiversità calcolati sui dati rilevati nella lecceta Zirbetto.

H'	E	$ß_W$	$ß_C$
1,71	0,72	6,12	5

3.5 - Tipologia successionale

Nel complesso dei "test-site" sono state identificate 79 specie appartenenti agli strati erbacei e suffrutticosi (Tab. 26).

L'area di Piano Pomo (bosco a prevalenza di roverella con struttura mossa a gruppi) presenta il maggior numero di specie, mentre il sito di Piano Sempria a causa dell'intenso pascolo risulta sub-nudo.

Seguendo anche quanto indicato da Magurran (1983), le aree con i più alti livelli di biodiversità vegetazionale risultano essere quelle di Ficuzza e di Piano Pomo, rispettivamente con valori di H' uguali a 2,8 e 2,6; quelle con i valori di biodiversità, escludendo

Piano Sempria, più bassi risultano quelli di Piano dei Cervi b e di Pian dei Cervi c (rispettivamente con H' = 1,5 e 0,3).

Considerando che i valori dell'indice di diversità di Shannon usualmente variano tra 1,5 e 3,5, e solo raramente superano il valore di 4,5 come riportato da Margalef (1972), è possibile indicare che in generale (Tab. 26; Figg. 19 e 20) i soprassuoli analizzati sono caratterizzati da bassi valori di diversità vegetazionale.

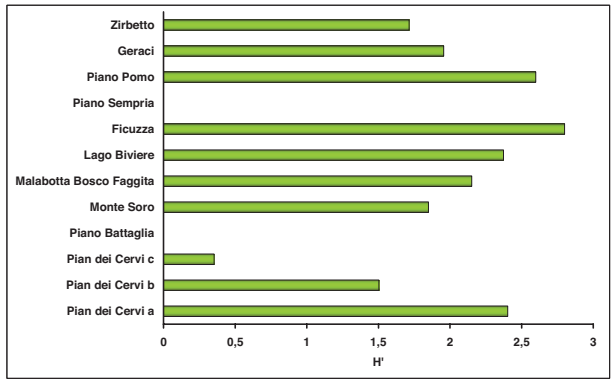
E' importante sottolineare che:

- i risultati fanno riferimento alle caratteristiche (numero, dimensioni, ripetitività, ecc.) del piano sperimentale a suo tempo stabilito;
- i risultati fanno riferimento a rilievi puntuali in aree di saggio rappresentative di situazioni valutate medie;
- la diversità stazionale, spesso su piccole superficie, la storia passata del popolamento ed i differenti impatti relativi all'uso del bosco, determinano oggi una elevata variabilità di situazioni.

In effetti l'azione di ripristino, conservazione e miglioramento, sviluppata da una gestione oculata da parte dell'Azienda Regionale delle Foreste, ha favorito l'instaurarsi di successioni vegetazionali con un tasso di naturalità maggiore.

Tab. 26. Specie identificate in ogni "test-site".

Specie	1	2	3	4	5	6	7	9	10	11	12	16
Acer campestre L.	X									X		
Acer pseudoplatanus L.										X		
Agrimonia eupatoria L.											X	
Agrostis stolonifera L.							X					
Allium flavum L.												X
Anthemis cupaniana Tod ex Loiac.(= *A. punctata* Vahl subsp. *Cupaniana Fernandes: A. punct. var. sicula Guss.: A. incana Guss.)*				X			X	X				X
Asparagus officinalis L.											X	
Asperula aristata L.										X		
Asperula levigata L.		X	X									
Asphodelus microcarpus Salzm. Et Viv.										X		
Bellis perennis L.								X				
Brachypodium distachyum (L.) Beauv.						X						
Bromus ramosus Hudson								X		X	X	
Cachrys ferulacea (L.) Calestani	X											
Calamintha nepeta (L) Savi										X	X	
Carduus argyroa Biv.								X				
Cistus clusii Dunal												X
Crategus monogyna Jacq.										X	X	
Crepis vesicaria L. (= *C. scariosa* Willd.; *Barkhausia purpurea* Bivona; *C. purp.* Strudel.)					X			X				
Cyclamen hederifolium Aiton		X			X							
Daphne oleoides Schreber (= *D. glandulosa* Bertol.; *D. jasminea* S. et S.)						X		X		X		
Daucus carota L.						X				X		
Euphorbia melapetala Gasparr.						X	X					
Fagus sylvatica L.	X	X					X					
Festuca heterophylla Lam.	X	X			X	X				X	X	X
Fragaria vesca L.						X	X				X	X
Galium album Miller						X						
Galium parisiense L.										X		
Geranium purpureum Will.						X		X				
Graminacee spp.			X					X				
Hedera helix L.								X				
Ilex acquifolium L.	X						X			X		
Lactuca serriola L.					X					X		
Lamium flexuosum Ten.		X			X							X
Lathyrus nissolia L.										X		
Lathyrus venetus (Miller) Wohlf.						X						
Leontodon tuberosus L.	X											
Lolium perenne L.	X											
Luzula forsteri (Sm.) DC.										X		
Luzula campestris (L.) DC	X				X	X	X					X
Melica uniflora Retz.							X					
Melittis melissophyllum L.						X						
Muschi spp.			X		X	X	X					X
Myosotis sylvatica Hoffm.					X		X					
Nardus halleri (Viv.) Fiori (= *Festuca festucoides* (Bertol) Becherer)										X		
Notobasis sicula (L.) Cass. (= *Cirsium syr.* Gaertner)								X				
Orobanche chironii Lojac.					X		X					
Paeonia mascula (L.) Miller								X				
Poa sylvicola Guss.										X		
Potentilla caulescens L.											X	
Peucedanum carvifolia Vill. (= *P. chabraei* Rchb.)												
Primula vulgaris Hudson							X					
Prunus spinosa L.								X		X	X	
Pteridium aquilinum (L.) Kuhn (= *Pteris aq.* L.)						X				X		
Pyrus piraster Burgsd.							X			X		
Quercus cerris L.						X						
Quercus ilex L.										X		
Quercus pubescens Will.								X		X		
Ranunculus ficara L. (= *Ficara verna* Hudson, *Ficara ranunculoides* Roth)	X											
Ranunculus lanuginosus L.							X	X		X		
Ranunculus rupestris Guss.	X	X										
Reichardia picroides (L.) Roth					X		X					
Rosa canina L.								X		X	X	
Rubia peregrina L.											X	
Rubus silvatici spp. P.J.Muller (=*R. canescens* DC. (= *R. siculus* Presl.); *R. ulmifolius* Schott)						X	X	X		X		
Ruscus aculeatus L.							X	X			X	
Sanicula europaea (L.)							X					
Saxifraga rotundifolia L.						X						
Sedum tenuifolium (S. et S.) Strobl							X					
Sherardia arvensis L.								X				
Silene sicula Ucria (= *S. italica* v. *pauciflora* Guss. Non salzm.)	X									X		
Smyrnium perfoliatum L.								X				
Stachys sylvatica L.											X	
Stellaria media (L.) Will.	X				X	X	X	X				
Taraxacum officinale Weber								X			X	
Trifolium pratense L.	X	X					X			X	X	
Trifolium repens L.								X		X		
Viola odorata L.						X	X			X	X	X
Vulparia myuros (L.) Gmelin	X				X	X	X	X		X	X	X



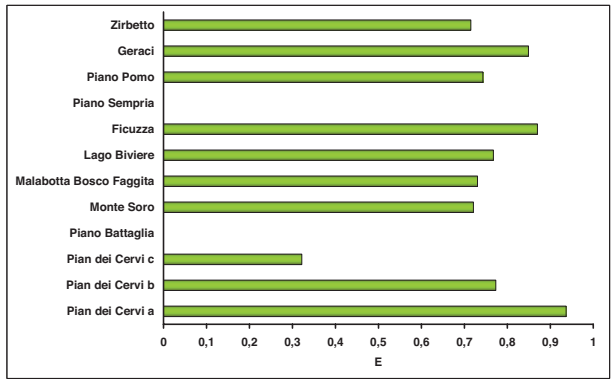
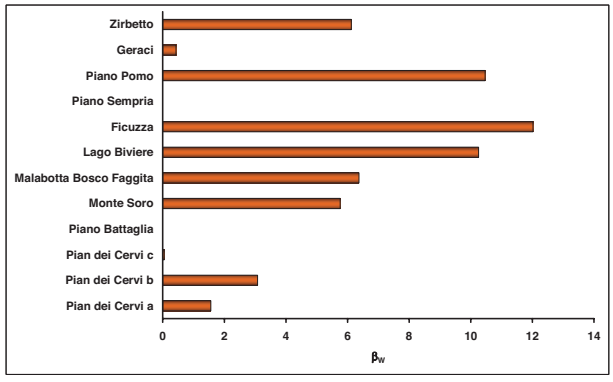


Fig. 19. Valori H' (indice di diversità) e E (indice di abbondanza relativa) di Shannon nei "test-site".

Un'analisi comparativa tra la situazione attuale e quella che potrebbe essere stata attribuita alle caratteristiche strutturali passate dei principali tipi di soprassuoli[3] porta a conclusioni che indicano un aumento della superficie forestale, un incremento della biomassa unitaria dei boschi allora esistenti che determina come conseguenza, in questa fase, una minore variabilità ed abbondanza vegetazionale a causa della riduzione della radiazione solare che raggiunge il suolo sotto copertura.

[3] Riferimenti documentali presso Direzione Azienda Regionale Foreste (dati non pubblicati).



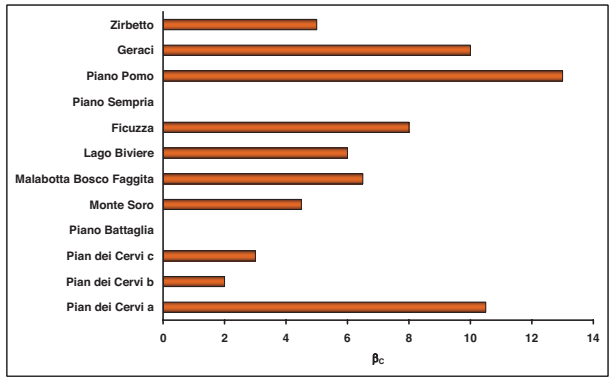


Fig. 20. Valori dell'indice di "β diversity" nei boschi.

Il riferimento ai cicli naturali di successione a livello di singole specie induce a stimare una tendenza negativa tra valori di copertura e valore degli indici di diversità (Tab. 27; Fig. 21).

Il bosco a prevalenza di roverella di Piano Pomo che è caratterizzato da una struttura molto mossa, paragonabile alla fase di decrepitezza di una successione naturale, conferma quanto le "aperture" siano importanti per far arricchire il numero e l'abbondanza di specie e quindi ad innalzare il valore della diversità vegetazionale[4]. Ma questo è di pertinenza dei cicli naturali di successione. L'interesse odierno è la valutazione della potenzialità della ricchezza di specie che potrà estrinsecarsi nei cicli futuri naturali e/o in quelli caratterizzanti sistemi selvicolturali naturalistici.

[4] La ricchezza vegetazionale deve essere comunque rapportata con lo stato di successione durante il quale viene eseguito il rilievo.

Tab. 27. Relazione tra caratteristiche dendro-strutturali e indici di diversità vegetazionale (Ac = Acero; Ag = Agrifoglio; Bi = Biancospino; Ca = Castagno; Ce = Cerro; Fs = Faggio; Le = Leccio; Pn = Pino laricio; Q = Rovere; R = Roverella; S = Sughera; Ta = Tasso). I valori in grassetto si riferiscono ai totali.

"Test-site" N°	Località	Specie	Area basim./ha	Copertura %	H' (Shannon)	E (Shannon)
1	Pian dei Cervi a	Fs	15,7	**80**	**2,40**	**0,94**
		Ag	0,1			
			15,8			
2	Pian dei Cervi b	Fs	**18,9**	**86**	**1,50**	**0,77**
3	Pian dei Cervi c	Fs	**26,6**	**90**	**0,35**	**0,32**
4	Piano Battaglia	Fs	**40,8**	**91**	-	-
5	Monte Soro	Fs	**26,3**	**86**	**1,85**	**0,72**
6	Malabotta	Fs	24,9	87	2,15	0,73
		Ac	0,3			
		Ce	1,6			
			26,8	**87**	**2,15**	**0,73**
7	Biviere	Fs	**35,0**	**85**	**2,37**	**0,77**
8	Tassita	Fs	20,3	87	-	-
		Ag	0,1			
		Ac	6,3			
		Ta	1,9			
		Bi	0,3			
		Ce	2,6			
			31,5	**87**	-	-
9	Ficuzza	Q	**44,2**	**88**	**2,80**	**0,87**
10	Piano Sempria	R	39,0	90	0	0
		Ce	5,0			
		Le	0,4			
		Ag	0,2			
			44,6	**90**	-	-
11	Piano Pomo	R	16,4	84	2,60	0,74
		F	5,8			
		Ag	0,2			
			22,4	**84**	**2,60**	**0,74**
12	Geraci	S	**70**	**63**	**1,95**	**0,85**
13	Rascata a	S	27,6	85	-	-
		R	6,9			
			34,5	**85**		
14	Rascata b	S	37,6	86		
		R	5,6		-	-
			43,2	**86**	-	-
15	Zibetto Str. Km 22	Le	**50,6**	**72**	**1,71**	**0,71**
16	Zibetto Contr. Moglie	Le	**50,9**	**88**	-	-

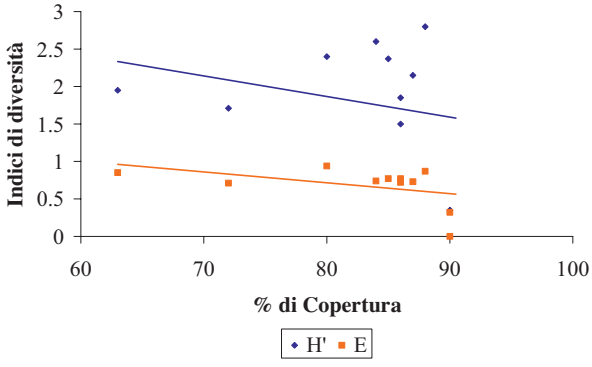


Fig. 21. Relazioni tra copertura delle chiome (%) ed indici di diversità vegetazionali.

L'intenso uso a cui sono stati sottoposti nel passato i soprassuoli forestali presenti in Sicilia per un periodo, che si può stimare in 2500-3000 anni, ha portato a situazioni molto diversificate rispetto alla naturalità, per cui non è possibile oggi valutare pienamente le fasi temporali e di successione naturale.

L'applicazione diffusa di una politica gestionale corretta da parte dell'Azienda Regionale delle Foreste ha creato certamente situazioni, in tutti i principali complessi forestali, in avanzato stato di ripristino, ma i tempi richiesti dai cicli del bosco sono sempre molto lunghi.

D'altra parte per una gestione eco-sostenibile a forte valenza conservativa, non può essere sottovalutato l'aiuto fornito dalla disponibilità di quelle informazioni che consentono una scelta oculata, fondata su base oggettiva, dei turni di utilizzazione ammissibili in un contesto selvicolturale "close-to nature".

Questa si realizza attraverso un confronto continuo dell'analisi della dinamica naturale della foresta (Susmel, 1991; Boot *et al.*, 1993; Broekmeyer e Vos, 1993; Peterken, 1996; Scherzinger, 1996; Emborg 1998; Emborg *et al.,* 2000; Franklin *et al.,* 2002; Grassi *et al.,* 2003; Giannini e Susmel 2006).

I cicli forestali descrivono i continui "shift" successionali (Forcier, 1975) tra una serie sequenziale di fasi descritte come: innovazione (rinnovazione), aggregazione (perticaia, fino alla culminazione dell'incremento corrente di altezza; spesso anche indicata come fase di costruzione iniziale e di costruzione avanzata), biostatica (fase biostatica precoce, fase biostatica tardiva; bosco maturo 1, 2 e 3), di degradazione che confluisce e si sovrappone con quella di innovazione (Fig. 22).

Il ciclo ruota: i) nel tempo, che fa riferimento a centinaia di anni, ii) sulla superficie di ampiezza variabile in relazione alla diversità

macro e microstazionale e alla presenza di fattori di disturbo, in modo asincrono creando un mosaico "alternativo" di fasi successionali di sviluppo (Watt, 1925 e 1947; Bormann e Likens, 1979; Oldemann, 1990; Oliver e Larson, 1990; Remmert, 1991)

Le pochissime informazioni disponibili per i boschi siciliani permettono un primissimo approccio sulla valutazione di alcuni cicli successionali naturali (Susmel *et al.*, 1976; Emborg, 1998) Tab. 28.

Tab. 28. Durata (anni) di alcune successioni naturali.

Boschi	Turni/Anni
Faggio	400 anni
Roverella	500 anni
Leccio	800 anni

Nella fase di degradazione, l'apertuta di chiarie a cui corrisponde la rottura dell'uniformità della copertura delle chiome favorisce la penetrazione di radiazione luminosa al suolo, che permette l'insediamento di una nuova flora e di rinnovazione naturale.

In Sicilia le superfici ascrivibili alla fase biostatica finale (predegradazione) sono risultate di limitata estensione e riguardano alcuni lembi di faggete e di boschi a prevalenza di roverella; questo ci induce a valorizzarne la presenza.

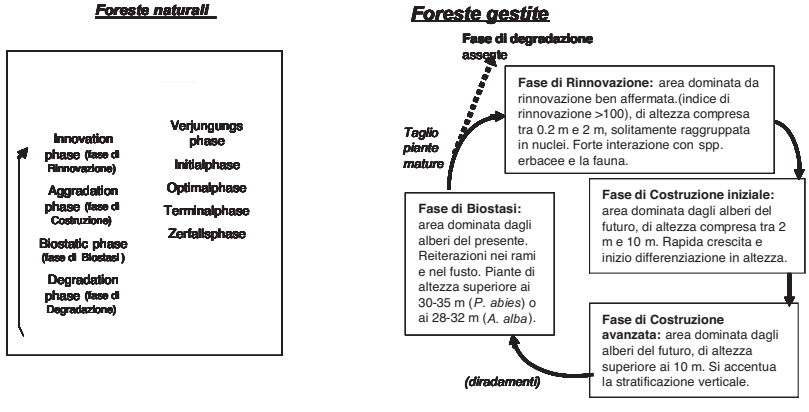


Fig. 22. Fasi evolutive delle eco-unità nelle foreste naturali e quelle adattate per le foreste gestite (da: Leibundgut, 1978; Mayer, 1980; Susmel, 1976; Olderman *et al*., 1990; Bagnaresi *et al*.,2004).

4. Caratteristiche genetiche delle specie forestali siciliane

Per la caratterizzazione genetica dei soprassuoli, il campionamento delle singole specie (Tab. 29) ha riguardato in parte direttamente i "test-site", in parte è stato eseguito in località che fossero ben rappresentative della diffusione delle specie stesse e delle caratteristiche fisionomiche – vegetazionali dei soprassuoli ai quali partecipavano nella composizione[5].

Tab. 29. Specie e popolazioni interessate dall'indagine genetica.

A. Latifoglie

Specie	Località	Comune	Quota (m s.l.m.)	Lat. (N)	Long. (E)
Betula aetnensis Raf.	Rifugio Citelli	Linguaglossa (CT)	1650	37°45	15°03
	Mandria vecchia	Bronte (CT)	1200	37°45'	14°52'
Fagus sylvatica L.	Monte Soro	Cesarò (ME)	1590	37°55'	14°40'
	Pian dei Cervi	Polizzi G. (PA)	1570	37°52'	13°59'
	Bosco Savoca	Isnello (PA)	1800	37°56'	14°05'
	Bella Fontana	Caronia (ME)	1300	37°53'	14°20'
	Portella Creta	Caronia (ME)	1500	37°50'	14°26'
	Cozzo del Filatore	Petralia S. (PA)	1600	37°48'	14°10'
	Bosco Chiuso	Maletto (CT)	1800	37°47'	14°50'
	Faggeta Pirao	Randazzo (CT)	2000	37°53'	14°50'
Fraxinus ornus L.	Piano Pomo	Castelbuono (PA)	1120	37°54'	14°04'
	Zingaro	Castellammare G. (TP)	70	38°05'	12°48'
Ilex aquifolium L.	Biviere	Cesarò (ME)	1326	37°57'	14°43'
	Piano Pomo	Castelbuono (PA)	1409	37°53'	14°04'
Platanus orientalis L.	Valle Irminio	Ragusa (RG)	400	36°57'	14°45'
	Valle Anapo	Sortino (SR)	220	37°08'	15°02'
Quercus petraea (Matt.) Liebl.	Pomieri	Petralia S. (PA)	1325	37°51'	14°04'

[5] Vedi Appendice.

Quercus pubescens Willd.	Piano Pomo	Castelbuono (PA)	200-1420	37°53'	14°03'
	Ficuzza	Ficuzza (PA)	920	37°52'	13°25'
	Malabotta	Montalbano E. (ME)	1200	37°57'	15°03'
	Frassino	Buccheri (RG)	419	37°10'	14°53'
Quercus cerris L.	Malabotta	Montalbano E. (ME)	1160	37°58'	15°03'
	Mangalaviti	Longi (ME)	1340	37°57'	14°46'
	Cerrita	Linguaglossa (CT)	1340	37°44'	15°05'
Quercus suber L.	Ficuzza	Ficuzza (PA)	562	37°55'	13°22'
	San Pietro	Caltagirone (CT)	232 - 392	37°07'	14°29'
	Caronia	Caronia (ME)	325 - 597	37°49'	14°27'
	Collesano	Collesano (PA)	68 - 690	38°00'	13°55'
	Nicosia	Nicosia (EN)	674	37°44'	14°24'
	Calatafimi	Calatafimi (TP)	360	37°56'	12°52'
	Bosco Pisano	Buccheri (RG)	334	37°10'	14°52'
Quercus ilex L.	Zirbetto	S. Fratello (ME)	800 - 1100	37°57'	14°37'
	Piano Pomo	Castelbuono (PA)	1000 - 1280	37°54'	14°04'
	Etna	Bronte (CT)	1200	37°45'	14°52'
Quercus calliprinos Webb	Valle Ippari	Vittoria (RG)	64	37°56'	14°31'
	Gorghi Tondi	Mazara V. (TP)	30	37°37'	12°38'
	Monte Catalfano	Bagheria (PA)	115	38°06'	13°30'
Zelkova sicula Di Pasquale, Garfì e Quezel	Bosco Pisano	Buccheri (SR)	394	37°11'	14°52'

B. Conifere

Specie	Località	Comune	Quota (m s.l.m.)	Latit. (N)	Long. (E)
Abies nebrodensis (Lojac) Mattei	Madonna A.	Polizzi G. (PA)	1570	37°50'	14°01'
Pinus halepensis Miller	Pineta Vittoria	Vittoria (RG)	148	36°57'	14°33'
Pinus laricio Poiret	Etna	Linguaglossa (CT)	1307 - 1809	37°48'	15°05'
Pinus pinaster Aiton	Montagna Grande	Pantelleria (TP)	780	36°46'	12°00'
	Monte Gibele		353	36°46'	12°01'
Taxus baccata L.	Tassita	Caronia (ME)	1510	37°53'	14°29'
	Mangalaviti	Longi (ME)	1480	37°57'	14°46'
	Biviere	Cesarò (ME)	1332	37°57'	14°43'

4.1 - Faggio

Nella letteratura si rileva che la variabilità genetica intraspecifica del faggio in Europa è stata analizzata mediante lo studio di loci allozimici (Comps *et al.*, 1990, 2001; Müller-Starck e Ziehe, 1991; Leonardi e Menozzi, 1995; Vysny *et al.*, 1995; Gomory *et al.* 1999; Sander *et al.*, 2000; Priod *et al.*, 2002; Gomory *et al.*, 2003; Emiliani *et al.*, 2004; Magri *et al.*, 2006) e attraverso lo studio di marcatori molecolari, sia a livello plastidiale (Demesure *et al.*, 1996; Petit *et al.*, 2003; Emiliani *et al.*,

2004; Vettori *et al.*, 2004b; Vornam *et al.*, 2004; Aguinagalde *et al.*, 2005; Magri *et al.*, 2006) che nucleare (Troggio *et al.*, 1996; Pastorelli *et al.*, 2003; Jump *et al.*, 2006; Jump e Penuelas, 2007). Le indagini che hanno riguardato l'intero areale di distribuzione della specie hanno evidenziato una maggiore ricchezza allelica caratterizzante le popolazioni dell'Italia meridionale e quelle della penisola balcanica.

Queste località sono indicate come possibili zone rifugio durante l'ultima glaciazione e da cui sono ripartite le vie di ricolonizzazione della penisola italiana e del resto dell'Europa. Tuttavia, studi recenti ipotizzano la presenza di ulteriori zone rifugio localizzate nella penisola iberica, nel sud della Francia, in Slovenia e nel centro e sud Italia (Vettori *et al*, 2004b; Magri *et al.*, 2006).

Lo studio dei boschi siciliani ha riguardato otto popolazioni (Tab.29) che sono state analizzate con marcatori plastidiali (PCR/RFLP) e nucleari (SSR).

Nel caso delle analisi condotte con i marcatori del cloroplasto (cpDNA) è stato operato combinando l'analisi PCR/RFLP delle regioni nella regione intergenica tra *trn*D e *trn*T (DT) e tra orf184 e *pet*A (OA) del cpDNA.

Nei boschi di faggio siciliani sono stati individuati due aplotipi[6] (Apl) ottenuti dalla combinazione dei frammenti polimorfici DT_2 e OA_2 (Tab. 30).

Tab. 30. Descrizione dei 2 aplotipi derivanti dalla combinazione dei frammenti polimorfici[7] ottenuti con PCR/RFLP delle regioni DT ed OA del cpDNA.

Aplotipi	**Frammenti polimorfici**	
	DT_2	**OA_2**
3	1	4
5	2	5

La distribuzione geografica degli aplotipi è illustrata nella Fig. 23, da cui si può notare che l'Apl 5 è quello più frequente. L'Apl 3 risulta esclusivo della popolazione Faggeta Pirao (Randazzo) dell'Etna. Questo fatto contribuisce in modo determinante ad elevare la variabilità di questa specie in Sicilia.

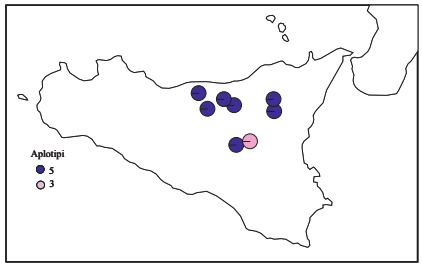


Fig. 23. Distribuzione geografica degli aplotipi nelle popolazioni di faggio della Sicilia.

In un contesto più generale che comprende gran parte dell'areale del faggio, le ricerche di Vettori *et al.* (2004b) indicano come l'Apl 5 sia tipico delle popolazioni appenniniche: esso è distribuito su tutta la dorsale montana dalla Sicilia alla Liguria (Fig. 24).

L'attuale distribuzione (Vettori *et al.*, 2004b) della variabilità aplotipica italiana è la conseguenza di eventi di "past fragmentation" avvenuti nel Pleistocene dovuti ai bruschi cambiamenti climatici conseguenti all'alternarsi di periodi glaciali ed interglaciali. In conseguenza di tali eventi e della particolare orografia del territorio, in varie zone del centro e del sud Italia si sono formate diverse aree rifugio cioè aree "climaticamente abitabili", in cui le popolazioni di faggio durante le successive generazioni accumulavano mutazioni in maniera indipendente determinando una differenziazione genetica tra le popolazioni (Hudson, 1990; Hey, 1991).

Da questi nuclei rifugio del centro-sud dopo l'ultimo periodo glaciale del Quaternario sarebbe ripartita la via di ricolonizzazione della penisola italiana.

---

[6] Aplotipo: variante allelica ad ogni *"locus"* in un genoma aploide. Si ricorda che in un genoma diploide per ogni *"locus"* abbiamo due varianti alleliche.

[7] Per ogni regione il frammento polimorfico viene numerato in ordine decrescente del proprio peso molecolare, cioè partendo dal frammento più grande a quello più piccolo, che sono rispettivamente: 1 e 2 per il frammento DT_2 e 2 e 6 per il frammento OA_2.

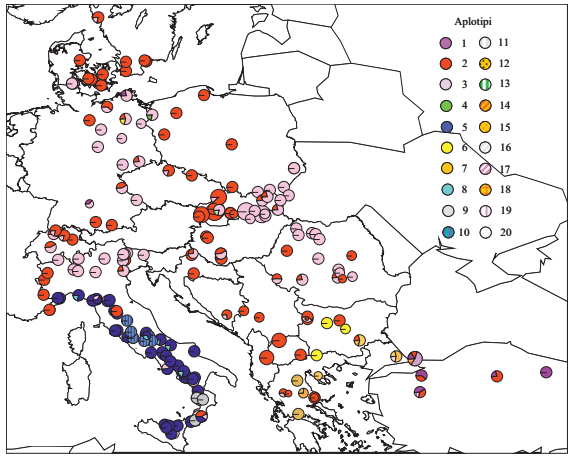


Fig. 24. Distribuzione geografica degli aplotipi delle popolazioni di faggio in Italia e nell'Europa centro-orientale (modificata da Vettori *et al*., 2004b; EU project FAIR3 CT96 1464).

La presenza dell'Apl 3 presente sull'Etna, tipico del nord Italia ed Europa e delle popolazioni balcaniche (altra area rifugio del faggio, Huntley e Birks, 1983), potrebbe rappresentare un relitto della popolazione ancestrale presente durante l'ultima glaciazione. Questa considerazione confermerebbe quanto già intuito da Hofmann (1960) su basi vegetazionali e fitosociologiche.

Nel caso dell'analisi a livello nucleare si sono analizzate la popolazione di Isnello (Madonie), di monte Soro (Nebrodi) e di Pirao (monte Etna) mediante quattro loci microsatelliti precedentemente identificati da Pastorelli *et al.* (2003).

La variabilità genetica è dovuta principalmente alla componente di varianza entro gli individui (76%), mentre quella tra gli individui all'interno delle popolazioni è risultata pari al 17%. La componente di variazione tra le popolazioni è risultata la più bassa (7%). Il valore di F_{st} è stato stimato pari a 0,07[8].

Il valore di F_{is}, risultando pari a 0,183 indica un eccesso di omozigoti.

Tutti i loci sono risultati altamente polimorfici con un totale di 63 varianti alleliche di lunghezza compresa fra 76 pb e 384 pb (Fig. 25).

Il numero di varianti alleliche per ciascun locus per le tre popolazioni varia da un massimo di 21 per il locus FS4-46 ad un minimo di 12 per il locus FS1-15.

In questo caso la faggeta presente sull'Etna (Pirao) è risultata meno variabile con solo 24 varianti alleliche totali fra tutti e 4 i loci rispetto al

[8] Per il significato degli indici si rimanda al capitolo dei Materiali e Metodi.

numero di varianti trovate per le popolazioni dei Nebrodi (monte Soro) e delle Madonie (Isnello), rispettivamente 38 e 37. Si tratta comunque di un alto valore di variabilità che è in accordo con quanto riportato da Comps *et al.* (2001) e da Emiliani *et al.* (2004) che hanno fatto ricorso agli allozimi. Tali Autori, difatti, individuano nelle popolazioni del sud Italia e dei Balcani, limiti meridionali dell'areale del faggio, la più alta ricchezza allelica a testimonianza del ruolo di aree rifugio in queste regioni durante l'ultima glaciazione.

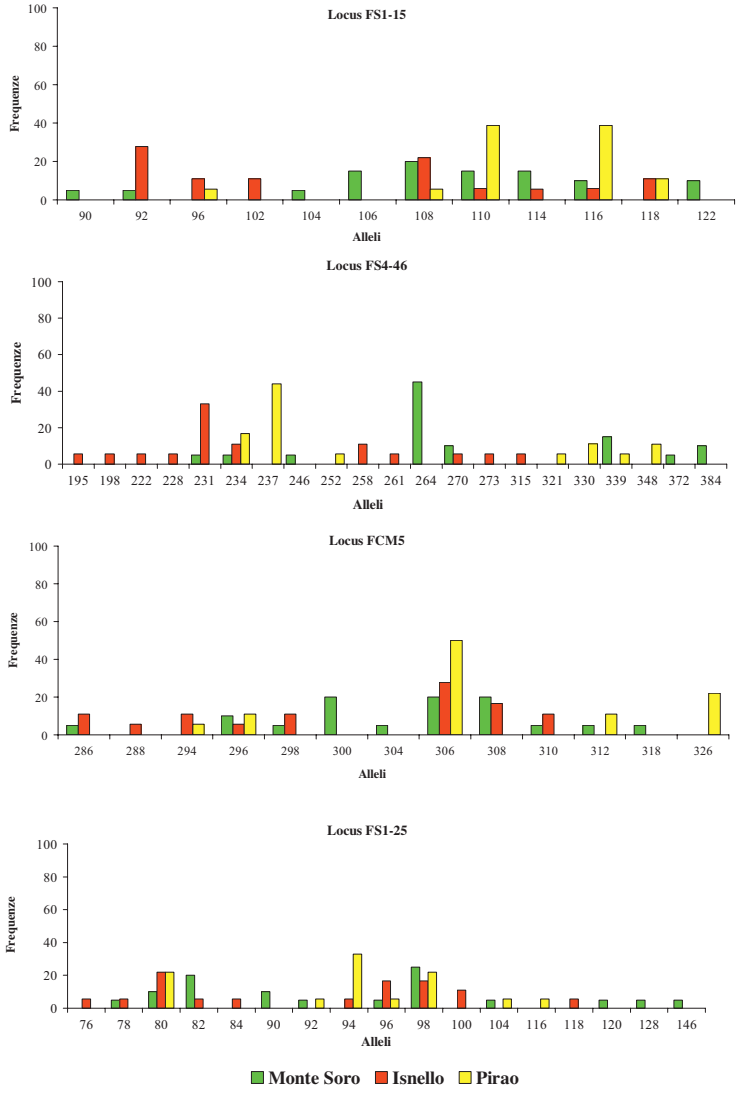


Fig. 25. Distribuzione delle frequenze (%) alleliche nelle popolazioni di *F. sylvatica*.

4.2 - Querce. Generalità

Le indagini sulla variabilità inter- ed intra-specifica e di filogenesi nel genere *Quercus* condotte mediante marcatori sono numerose (Manos *et al.*, 1999; Toumi e Lumaret, 2001; Mayol e Rossello, 2001; Paffetti *et al.*, 2001; Bellarosa *et al.*, 2005; Valbuena-Carabana *et al.*, 2005; Mir *et al.*, 2006). In particolare, ampiamente documentati sono gli studi condotti sulla struttura genetica e le vie di ricolonizzazione post-glaciazione (Petit *et al.*, 1993, 1997b, 2002a e b; Dumolin-Lapègue *et al.*, 1997, 1998; Kremer e Zanetto, 1997; Fineschi *et al.*, 1998, 2002b; Le Corre *et al.*, 1997, 1998; Streiff *et al.*, 1998; Jimènez *et al.*, 1999; Finkeldey, 2001a,b; Mátyás e Sperisen, 2001; Bordacs *et al.*, 2002; Brewer *et al.*, 2002; Cottrell *et al.*, 2002; Csaikl *et al.*, 2002a,b; Jensen *et al.*, 2002; Konig *et al.*, 2002; Kremer *et al.*, 2002; Lumaret *et al.*, 2002; Olalde *et al.*, 2002; Finkeldey e Mátyás, 2003; Fineschi e Vendramin, 2004; Aldrich *et al.*, 2005; Grivet *et al.*, 2006; Valbuena-Carabana *et al.*, 2007). Complessivamente, queste ricerche hanno dimostrato una bassa diversità genetica tra le popolazioni esaminate ed una riduzione della ricchezza allelica procedendo da sud verso il nord Europa. Si ipotizza, quindi, una via di migrazione post-glaciazione verso nord a partire da tre aree rifugio situate nelle penisole iberica, italiana e balcanica.

Il genere *Quercus* è caratterizzato da fenomeni di ibridazione interspecifica, introgressione ed alto polimorfismo intraspecifico suscitando spesso accese discussioni tra i sistematici. Fin dai primi anni '70 sono stati condotti ampi studi sulle relazioni esistenti tra *Q. petraea* e *Q. robur* attraverso indagini a livello morfologico, ecologico e fisiologico. Kremer *et al.* (1991) e Bacilieri *et al.* (1995, 1996) hanno affronato per primi queste problematiche con marcatori molecolari senza però individuare un marcatore specie-specifico. Il controverso problema è stato affrontato anche da altri Autori (Whittemore e Schaal, 1991; Ferris *et al.*, 1993, 1998; Petit *et al.*, 1993; Bodénès *et al.*, 1997; Bruschi *et al.*, 2000; Csaikl *et al.*, 2002a e b; Gerber *et al.*, 2000; Muir *et al.*, 2000, 2001; Finkeldey, 2001a,b; Gomory *et al.*, 2001; Coart *et al.*, 2002; Fineschi *et al.*, 2002b; Scotti-Saintagne *et al.*, 2004; Kelleher *et al.*, 2005; Muir *et al.*, 2005) le cui ricerche hanno evidenziato che, nonostante l'elevato numero di alleli condivisi (in comune tra le due specie), la combinazione di più marcatori polimorfici indicherebbe che le due entità siano geneticamente separate e quindi possiamo considerarle specie separate (Muir *et al.*, 2005).

Per quanto concerne la *Q. suber* rimane controversa l'assegnazione del luogo d'origine della specie. Infatti alcuni Autori indicano la penisola iberica come luogo di differenziamento della specie motivando questo dall'elevata diversità genetica individuata con marcatori allozimici nelle popolazioni spagnole rispetto a quello riscontrato nel nord Africa, in Italia e nel sud-est della Francia (Toumi e Lumaret, 1998; 2001), mentre Zhou (1992) indica come area ancestrale la Cina che risulta centro di origine delle Fagaceae. Successivamente, Lumaret *et al.* (2005), rivedendo i dati della prima ricerca, suggeriscono che l'origine della specie sia avvenuta nell'area medio-orientale del Mediterraneo e durante il Terziario sia avvenuta una diffusione verso ovest della specie.

Un altro aspetto dibattuto è la sistematica e la distribuzione geografica di *Q. coccifera* e *Q. calliprinos*. Talvolta le due entità sono state considerate facenti parte di un unico "horny oak complex" (complesso delle querce spinose), altre volte sono considerate due specie separate: *Q. calliprinos* presente a est del bacino del Mediterraneo, *Q. coccifera* distribuita ad ovest (Camus 1936-1938). Paffetti *et al.* (2001) hanno identificato con marcatori molecolari plastidiali le due specie classificandole come *Q. calliprinos* le popolazioni relitte della Sardegna e della Sicilia, che rappresentano quindi i gruppi isolati della specie ubicati nel bacino del Mediterraneo occidentale, mentre come *Q. coccifera* le popolazioni di quercia spinosa della Puglia e della Provenza.

La variabilità genetica della *Q. suber*, *Q. ilex* e *Q. coccifera* è stata oggetto d'indagine da parte di Jiménez *et al.* (2004) che, analizzando numerose popolazioni dell'intero areale occidentale del Mediterraneo ed utilizzando marcatori PCR-RFLP del cloroplasto, hanno confermato la presenza di un elevato livello di variabilità che talvolta può essere imputabile a fenomeni di ibridazione interspecifica.

Identificazione molecolare delle specie di querce

In via preliminare è stato condotto uno studio di filogenesi nel genere *Quercus* al fine di caratterizzare le specie oggetto di studio (Tab. 29). In tale indagine sono state considerate: *F. sylvatica* come specie outgrup, alcune specie del genere *Quercus* ed individui delle popolazioni di riferimento *Q. calliprinos* e *Q. coccifera* (Tab. 31).

In allineamento l'intera regione *trn*L-*trn*F del cpDNA è lunga

976 pb. Il faggio presenta un'inserzione di 40 pb tra il sito 414 e il sito 454 nella regione intronica ed una delezione di 165 pb tra il sito 811 ed il sito 976 nella regione intergenica come già dimostrato da Paffetti *et al*. (2001, 2007) e Vettori *et al*. (2004a).

Tab. 31. Specie utilizzate nell'analisi di filogenesi.

Taxa	Località
Subfamily *Fagoideae*	
Fagus sylvatica L.	P.sso S. Boldo (Veneto)
Subfamily *Quercideae*	
Quercus pubescens Willd.	Gennargentu (Sardegna)
Quercus cerris L.	Bosco Fontana (Lombardia)
Quercus coccifera L.	Avignone (Francia)
Quercus calliprinos Webb.	Haifa (Israele)

In Fig. 26 sono riportati i siti parsimoniosi (siti di mutazione) che caratterizzano le diverse specie di quercia. In particolare *Q. coccifera* (Avignone) e *Q. calliprinos* (Haifa) si differenziano per una delezione di 4 pb dal sito 323 al sito 327 nella regione intronica, una transizione (G/A) nel sito 771 ed una trasversione (A/C) nel sito 938, come già riportato da Paffetti *et al*. (2001). Le tre popolazioni di quercia spinosa oggetto della nostra indagine, campionate nella Valle Ippari (Pineta Vittora, RG), sul monte Catalfano (PA) e nella località di Gorghi Tondi (TP), presentano le mutazioni caratteristiche della *Q. calliprinos*. Quindi, è possibile ascrivere a tale entità specifica gli individui analizzati. La delezione di 4 bp è caratteristica anche di *Q. ilex* che si differenzia dalla *Q. calliprinos* per una trasversione (A/C) al sito 404 nell'introne e per una trasversione (C/A) al sito 938 nell'intergenica.

```
Transizione (N)                    N   NNNN
Trasversione (V)                    VVV    V
                                   134667779
                                   210461783
                                   104539188
F. sylvatica                       AGACGCGC-
Q. cerris Lombardia                GC.A..ATA
Q. cerris Sicilia                  GC.A..ATA
Q. coccifera (Avignone)            G.CA.-..A
Q. calliprinos (Haifa)             GC.A.-A.C
Q. calliprinos Sicilia             GC.A.TA.C
Q. ilex Sicilia                    GCCA.TA.A
Q. petraea Sicilia                 .C.AATA.A
Q. pubescens Sardegna              .C...TA.A
Q. pubescens Sicilia               .C.  TA.A
Q. suber Sicilia                   .C.A..ATA
```

Fig. 26. Siti parsimoniosi della regione del cloroplasto *trn*L-*trn*F di sette specie di *Quercus* e di *F. sylvatica* considerato come "outgroup".

Le relazioni esistenti tra le sette specie del genere *Quercus*, gli individui di riferimento e il *F. sylvatica,* utilizzato come "outgroup", sono state rappresentate nel dendrogramma (Fig. 27).

In conclusione, i dati mettono in evidenza che attraverso lo studio di questa regione del cloroplasto è stato possibile: i) distinguere le varie specie di quercia analizzate, ii) identificare la *Q. calliprinos* e la *Q. coccifera* come due entità specifiche distinte così come descritto da Camus (1936-1938), e iii) considerare le popolazioni siciliane di quercia spinosa di Valle Ippari (RG), Gorghi Tondi (TP) e monte Catalfano (PA) ascrivibili alla *Q. calliprinos*.

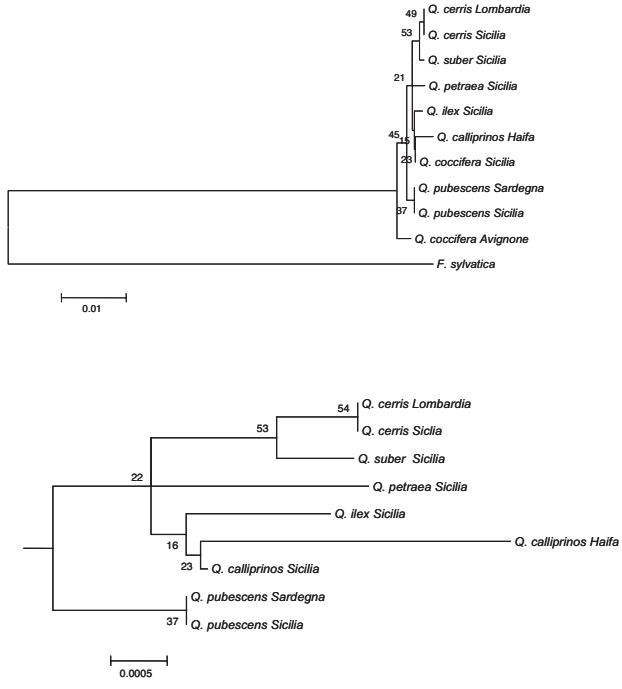


Fig. 27. Dendrogramma ottenuto utilizzando la distanza "Kimura 2-parameter" ed il metodo "Neighbor–Joining" della sequenza della regione *trn*L-*trn*F del cpDNA. Il numero sui rami dell'albero indica il valore di "bootstrap" ottenuto con 500 replicazioni (in %).

4.3 - Rovere

Per questa specie è stata considerata solo la popolazione di Pomieri (Madonie).

L'allineamento delle sequenze della regione *trn*L-*trn*F (Tab. 32) del cpDNA in *Q. petraea* ha evidenziato un solo aplotipo (Fig. 28).

Tab. 32. Lunghezza della regione *trn*L-*trn*F.

Regione	Lunghezza (pb)
Introne *trnL*	465
Secondo esone *trnL*	50
Intergenica	393
***trn*L-*trn*F**	908

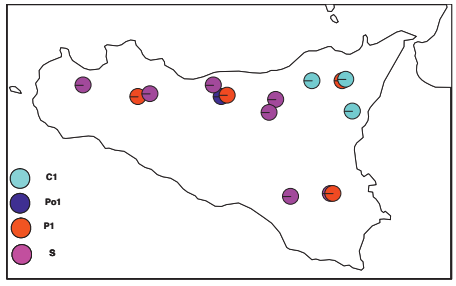


Fig. 28. Distribuzione geografica degli aplotipi individuati nelle popolazioni siciliane del genere Q*uercus*: *Q. cerris* (aplotipo C1), *Q. petraea* (aplotipo Po1), *Q. pubescens* (aplotipo P1) e *Q. suber* (aplotipo S).

Tale risultato è in accordo con uno studio condotto su popolamenti della toscana da Bruschi e Vendramin (1998). In un lavoro successivo Bruschi *et al.*, (2003) hanno messo in evidenza, attraverso l'impiego di marcatori plastidiali, un basso livello di polimorfismo nella popolazione siciliana di Piano Costantino (Madonie), ed una elevata differenziazione genetica tra la popolazione di rovere della Sicilia e quelle delle Marche (monte Corona), Toscana (Tatti e Monterufoli) ed Emilia Romagna (Carrega). La bassa differenziazione genetica presente all'interno della popolazione siciliana conferma quanto trovato da Fineschi *et al.* (2002a) per le specie *Q. petraea* e *Q. pubescens* che presentano uno o due aplotipi originatosi nell'isola e solo uno di questi si è successivamente diffuso nel resto della penisola.

Le analisi a livello nucleare sono state condotte con microsatelliti precedentemente identificati in altre specie di querce da Dow *et al.*

(1995) e da Steinkellner *et al.* (1997). I quattro loci microsatelliti analizzati sono risultati polimorfici con un totale di 22 varianti alleliche con dimensioni comprese fra 105 pb e 226 pb (Fig. 29). Il locus ssrQpZAG36 risulta essere il più polimorfico con 9 varianti alleliche.

L'eterozigosità media osservata (H_O) per questa popolazione è pari a 0,78 e risulta comparabile a quella ottenuta per una popolazione di rovere situata nel nord-ovest della Francia da Streiff *et al.* (1998) analizzata con sei loci microsatelliti. Due di questi loci, MSQ4 e ssrQpZAG36, sono gli stessi utilizzati in questo lavoro. Il numero di alleli osservato nella popolazione francese risulta superiore (23 e 18, rispettivamente per MSQ4 e per ssrQpZAG36) rispetto a quello osservato nella popolazione siciliana.

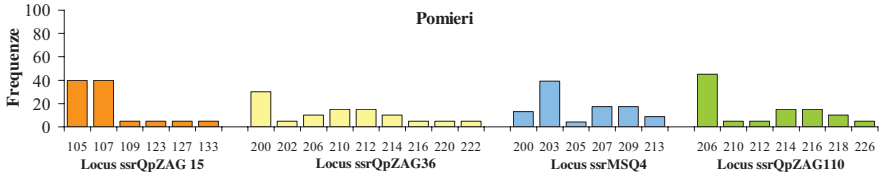


Fig. 29. Distribuzione delle frequenze (%) alleliche all'interno della popolazioni di *Q. petraea*.

Nella popolazione di rovere siciliana, sia la diversità genetica (h_k = 1) che la ricchezza allelica (P_b = 4) calcolate per i quattro loci microsatelliti risultano elevate.

4.4 - Roverella

Lo studio sulla roverella ha considerato, come "out-group", la popolazione di Tempio Pausania (Sardegna) (Paffetti *et al.*, 2001). L'analisi di sequenza della regione *trn*L-*trn*F del cpDNA di *Q. pubescens* (Tab. 33) ha permesso l'identificazione di un unico aplotipo che differisce da quello riscontrato in Sardegna, utilizzato come "outgroup", per una trasversione G/C al sito 879 nella regione intergenica (Tab. 34 e Fig. 28).

Tab. 33. Lunghezza della regione *trn*L-*trn*F.

Regione	Lunghezza (pb)
Introne *trnL*	465
Secondo esone *trnL*	50
Intergenica	383
***trn*L-*trn*F**	898

Le indagini molecolari a livello nucleare sono state condotte con 4 coppie di primer precedentemente identificati in altre specie di quercia da Dow *et al.* (1995) e da Steinkellner *et al.* (1997).

Al contrario di quanto riscontrato a livello plastidiale, i marcatori microsatelliti nucleari hanno messo in evidenza che le popolazioni di *Q. pubescens* in Sicilia presentano un elevato livello di diversità genetica. I 4 loci microsatelliti analizzati sono caratterizzati in totale da 42 varianti alleliche con dimensione compresa fra 109 pb e 240 pb (Fig. 30). In particolare, i loci MSQ4 e ssrQpZAG36 sono risultati altamente polimorfici (Fig. 30).

Tab. 34. Sito variabile e aplotipi identificati nelle quattro popolazioni siciliane (Malabotta, N; Ficuzza, Fic; Piano Pomo, P e Frassino, I) e nella popolazione sarda di riferimento.

Campione	Sito variabile* 8 7 9	Aplotipo
Q. pubescens N8	G	P1
Q. pubescens N4	.	P1
Q. pubescens N10	.	P1
Q. pubescens N12	.	P1
Q. pubescens N1	.	P1
Q. pubescens Fic5	.	P1
Q. pubescens Fic1	.	P1
Q. pubescens Fic2	.	P1
Q. pubescens Fic3	.	P1
Q. pubescens Fic4	.	P1
Q. pubescens P1	.	P1
Q. pubescens P10	.	P1
Q. pubescens P18	.	P1
Q. pubescens P19	.	P1
Q. pubescens P25	.	P1
Q. pubescens I1	.	P1
Q. pubescens I5	.	P1
Q. pubescens I17	.	P1
Q. pubescens I19	.	P1
Q. pubescens I11	.	P1
Q. pubescens Sardegna	C	S1

*Sito mutazionale.

L'analisi molecolare di varianza (AMOVA) ha mostrato che: il 97% della diversità genetica totale è imputabile all'errore (variabilità entro gli individui), il 2% è attribuibile alla componente dovuta agli individui nelle popolazioni, e l'1% è dovuto alla componente di varianza tra le popolazioni.

La stima di divergenza genetica fra le popolazioni (F_{st}), pari a 0,0074, indica una bassa differenziazione tra le popolazioni e l'indice F_{is}, pari a 0,0165, indica un eccesso di omozigoti.

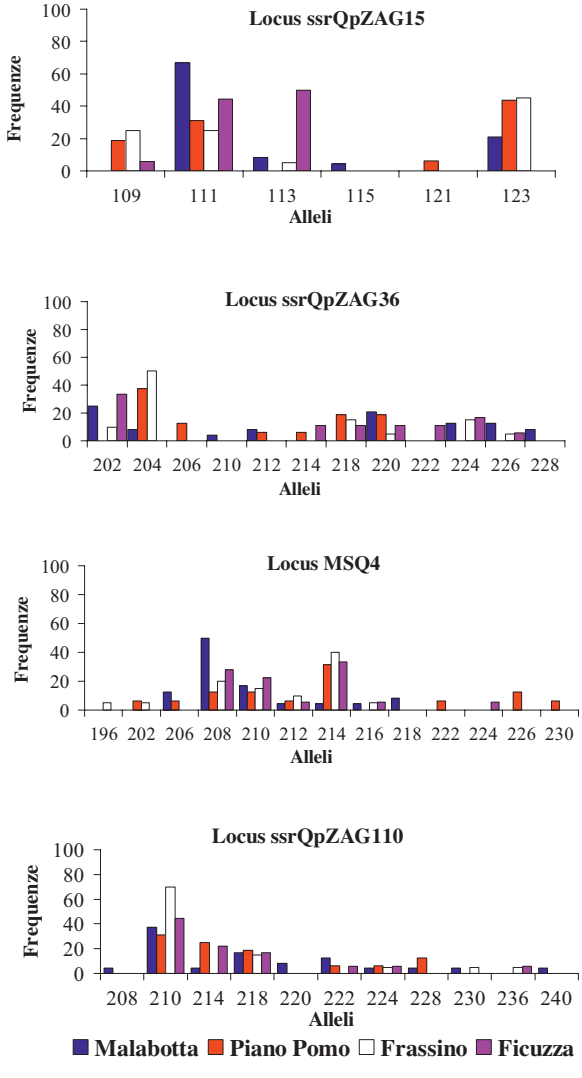


Fig. 30. Distribuzione delle frequenze (%) alleliche nelle popolazioni di *Q. pubescens*.

L'alta variabilità tra gli individui all'interno delle popolazioni di questa specie è stata già segnalata da altri Autori (Dumolin-Lapègue *et al.* 1997; Bruschi e Vendramin, 1998; Fineschi *et al.* 2002a). In particolare fra le popolazioni siciliane quella di Malabotta sembra essere la più variabile mostrando il più alto numero di varianti alleliche (29) e il più alto valore di F_{st}. La distribuzione della frequenza allelica ha messo in evidenza in tutte le popolazioni la presenza di alcuni alleli

popolazione-specifici: per esempio, la popolazione di Pomieri è caratterizzata dagli alleli 220, 226 e 230 al locus MSQ4, dall'allele 206 al locus QpZAG36, e dall'allele 121 al locus QpZAG15 (Fig. 30).

4.5 - Cerro

L'analisi di sequenza della regione *trn*L-*trn*F (Tab. 35) del cloroplasto ha messo in evidenza un solo aplotipo nelle tre popolazioni di *Q. cerris* (Malabotta, ME; Mangalaviti, ME; Cerrita, CT) (Fig. 28).

Tab. 35. Lunghezza della regione *trn*L-*trn*F.

Regione	Lunghezza (pb)
Introne *trnL*	469
Secondo esone *trnL*	50
Intergenica	386
***trn*L-*trn*F**	905

Le indagini molecolari a livello nucleare sono state condotte con 4 coppie di primer precedentemente identificati in altre specie di quercia da Dow *et al.* (1995) e da Steinkellner *et al.* (1997).

Anche queste popolazioni di cerro, come le precedenti querce analizzate, hanno evidenziato un elevato grado di polimorfismo a livello delle regioni microsatelliti. L'analisi di varianza molecolare (AMOVA) ha mostrato che: il 96% della diversità genetica è imputabile all'errore (variabilità entro gli individui), lo 0,05% è attribuibile alla componente dovuta agli individui nelle popolazioni, e il 3,95% è dovuto alla componente tra le popolazioni. La stima di differenziazione tra le popolazioni (F_{st}) è pari a 0,04. Il valore di F_{is} calcolato (0,0005) è il più vicino a zero riscontrato fra tutte le querce analizzate, indicando che la popolazione è pressoché in equilibrio secondo Hardey e Weinberg.

Per i quattro loci microsatelliti analizzati, ssrQpZAG36, ssrQpZAG15, MSQ4 e ssrQpZAG110, nelle tre popolazioni sono stati individuati un totale di 34 varianti alleliche con dimensioni comprese tra 103 pb e 259 pb (Fig. 31).

In particolare, il locus ssrQpZAG110 sembra essere caratterizzato da un elevato polimorfismo con ben 18 varianti, delle quali cinque presenti esclusivamente nella sola popolazione di Malabotta e altre sei specifiche della popolazione di Mangalaviti. Il locus MSQ4 presenta sei varianti, mentre i loci ssrQpZAG36 e ssrQpZAG15 solo cinque varianti alleliche.

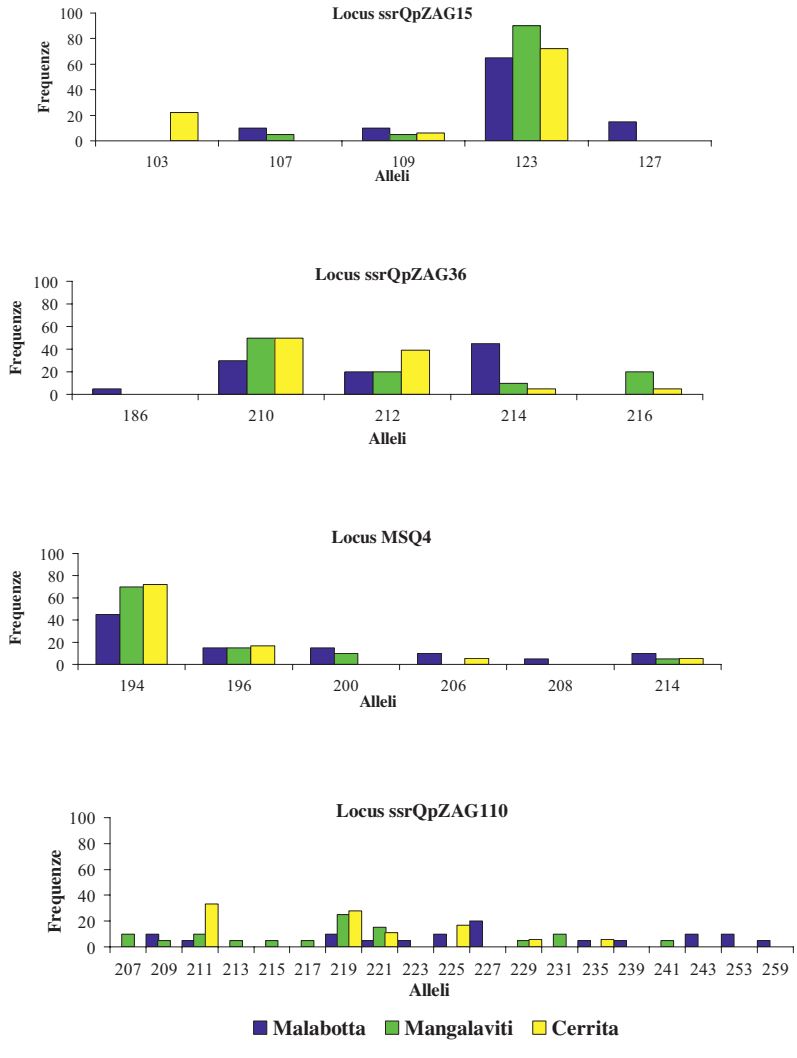


Fig. 31. Distribuzione delle frequenze (%) alleliche nelle popolazioni di *Q. cerris*.

Dalle analisi condotte, le popolazioni di cerro situate a Mangalaviti (Nebrodi) ed a Malabotta mostrano la più alta variabilità genetica; in particolar modo, considerando i quattro locus analizzati, la popolazione Malabotta presenta un totale di 26 varianti alleliche, mentre quella di Mangalaviti 22.

4.6 - Sughera

Anche in questo caso si è considerata una popolazione sarda (Tempio Pausania) come "outgroup" (Paffeti *et al.*, 2001). L'allineamento della sequenza della regione *trn*L-*trn*F del genoma plastidiale (cpDNA) in *Q. suber* (Tab. 36) ha evidenziato che le sette popolazioni siciliane di sughera (Tab. 37) sono caratterizzate da un unico aplotipo, indicato con Su2, che si distingue dall'aplotipo Su1, presente nella popolazione sarda di Tempio Pausania per due transizioni localizzate nella zona intergenica (Tab. 37 e Fig. 28).

Tab. 36. Lunghezza della regione *trn*L-*trn*F.

Regione	Lunghezza (pb)
Introne *trnL*	470
Secondo esone *trnL*	50
Intergenica	385
***trn*L-*trn*F**	905

Tab. 37. Siti variabili e aplotipi identificati nelle sette popolazioni siciliane e nelle popolazioni sarde di *Q. suber*.

Campione	Sito variabile*	Aplotipo
	77	
	01	
	18	
Q. suber Sardegna	GC	Su1
Q. suber Sicilia	AT	Su2

*Sito mutazionale.

Le indagini molecolari a livello nucleare sono state condotte con 4 coppie di primer precedentemente identificati in altre specie di quercia da Dow *et al.* (1995) e da Steinkellner *et al.* (1997).

In aggiunta alle popolazioni riportate in Tab. 29, sono state analizzate ulteriori 12 popolazioni di *Q. suber* per un totale di 19 popolazioni di cui, due in Francia e dieci in Italia (1 della Liguria, 3 della Sardegna, 4 della Toscana, 1 della Calabria, e 1 della Puglia).

In *Q. suber* queste coppie di primer hanno presentato i seguenti "range" di variazione allelica:

- ssrQpZAG15: 106-126 pb;
- ssrQpZAG9: 224-252 pb;
- ssrQpZAG36: 204-232 pb;
- MSQ4: 195-217 pb.

Le popolazioni di *Q. suber* mostrano un comune "pool" allelico (Fig. 32) ovvero tutte le varianti alleliche, in totale 33, sono presenti in tutte le popolazioni. Variabile risulta invece la frequenza degli alleli in ciascuna popolazione (Fig. 32).

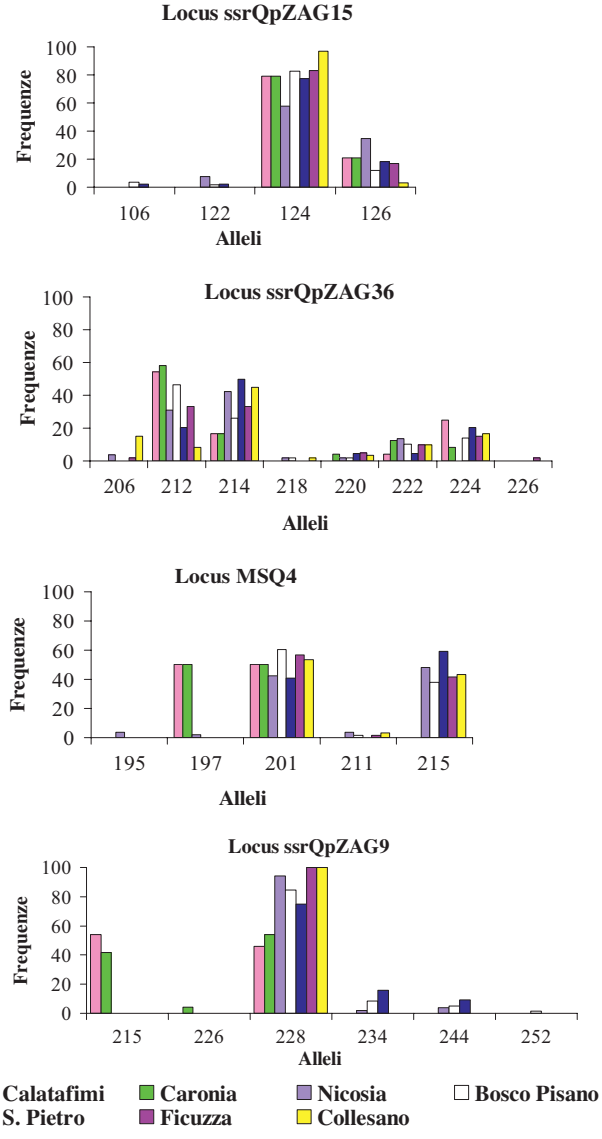


Fig. 32. Distribuzione delle frequenze (%) alleliche all'interno delle popolazioni di *Q. suber*.

L'analisi di varianza molecolare (AMOVA) indica che: il 93% della diversità totale è attribuibile all'errore ovvero alla variabilità entro gli individui, il 4% è dovuto alla componente tra gli individui entro le popolazioni, ed il 3% è attribuibile alla componente tra le popolazioni.

Si sottolinea che la diversità non è dovuta tanto alla ricchezza allelica delle popolazioni, che tra l'altro mostrano pochi alleli rari a ciascun locus (2 su 33), ma alla variabilità con cui questi si combinano a formare i genotipi (Fig. 33). I risultati ottenuti rispecchiano la bassa differenziazione genetica tra le popolazioni trovata in altri lavori condotti nella stessa specie (Elena-Rossellò e Cabrera, 1996).

In una fase successiva è stata condotta un'analisi di varianza suddividendo le popolazioni in aree geografiche, con un criterio eco-stazionale, dalla quale non è emersa una chiara correlazione significativa fra la diversità genetica e la distribuzione geografica delle popolazioni. In prima approssimazione i dati del presente lavoro fanno pensare che le popolazioni italiane appartenessero ad un'unica popolazione che occupava l'intera area di distribuzione della specie sulla penisola. La trasformazione da parte dell'uomo di molti degli habitat occupati dalla sughera in aree agricolo-pastorali ha portato ad una frammentazione della distribuzione di questa specie la quale comunque ha mantenuto in tutte le popolazioni saggiate lo stesso "pool" genico.

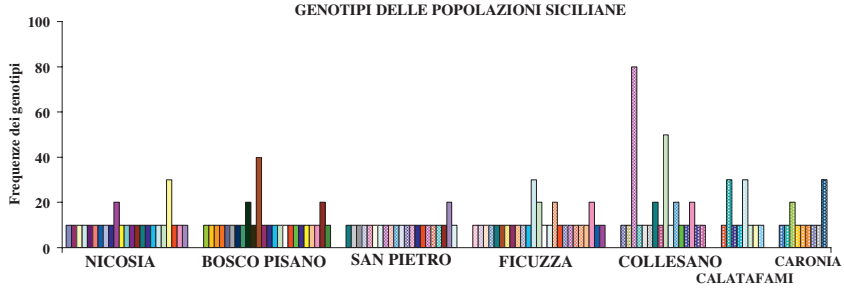


Fig. 33. Distribuzione dei genotipi (%) nelle popolazioni siciliane di *Q. suber* analizzate. Ogni colore rappresenta un genotipo diverso.

L'attuale "pool" genico comune può essere stato determinato dal flusso genico tra le popolazioni, tipico di specie come le querce, con esoincrocio ampiamente distribuito, il quale può aver velocemente omogenizzato la struttura genetica della specie. Per questo motivo ogni popolazione racchiude tutta la variabilità della specie.

4.7 - Leccio

Sono state studiate tre popolazioni ubicate nei comuni di Bronte (CT), S. Fratello (ME) e Castelbuono (PA), mentre come popolazione "outgroup" si è fatto riferimento ad una popolazione sarda (Tempio Pausania). L'analisi di sequenza della regione *trn*L-*trn*F (Tab. 38) ha evidenziato la presenza di tre aplotipi (Fig. 34).

Tab. 38. Lunghezza della regione *trn*L-*trn*F.

Regione	Lunghezza (pb)
Introne *trnL*	462
Secondo esone *trnL*	50
Intergenica	382
***trn*L-*trn*F**	894

In Sicilia l'aplotipo denominato I1 è risultato esclusivo (Tab. 39) e rappresentativo in quanto presente in tutti gli individui delle popolazioni di Zirbetto (Nebrodi) e di Piano Pomo (Madonie) che, tra l'altro, risulta lo stesso aplotipo individuato nella popolazione di Tempio Pausania (Paffetti *et al.*, 2001). La popolazione dell'Etna è caratterizzata da maggior polimorfismo in quanto presenta due aplotipi I2 e I3 (Tab. 39).

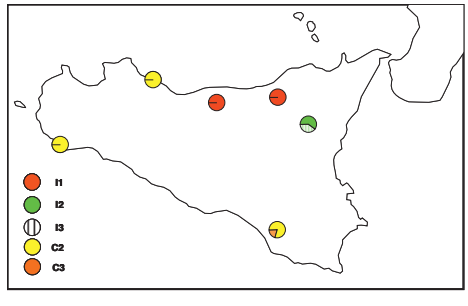


Fig. 34. Distribuzione geografica degli aplotipi individuati nelle popolazioni siciliane di *Q. ilex* (I1, I2 e I3) e *Q. calliprinos* (C2, C3).

L'analisi della variabilità intraspecifica ha messo in evidenza che le popolazioni di leccio sono caratterizzate da valore di h_t pari a 0,667. La differenziazione tra le popolazioni è risultata elevata (G_{st} = 0,7).

La popolazione localizzata sull'Etna presenta un valore di C_t (contributo alla diversità totale) pari a 1, confermando il suo significativo contributo alla diversità totale. La diversità di questa popolazione è dovuta sia alla variabilità tra gli individui che la compongo-

no (C_S = 0,300) (presenza di due aplotipi diversi all'interno della stessa popolazione), che alla sua divergenza (C_d = 0,700), cioè alla presenza di aplotipi diversi rispetto alle altre due popolazioni.

Tab. 39. Sito variabile e aplotipi identificati nelle tre popolazioni siciliane (Zirbetto, N; Piano Pomo, M; Etna, E) di *Q. ilex* e in una popolazione sarda di Tempio Pausania di riferimento.

Campione	Sito variabile*	Aplotipo
	38	
	75	
	82	
Q. ilex Sardegna	AA	I1
Q. ilex 1E	C .	I2
Q. ilex 2E	C .	I2
Q. ilex 3E	CC	I3
Q. ilex 4E	CC	I3
Q. ilex 5E	C .	I2
Q. ilex 1N	. .	I1
Q. ilex 2N	. .	I1
Q. ilex 3N	. .	I1
Q. ilex 4N	. .	I1
Q. ilex 5N	. .	I1
Q. ilex 1M	. .	I1
Q. ilex 2M	. .	I1
Q. ilex 3M	. .	I1
Q. ilex 4M	. .	I1
Q. ilex 5M	. .	I1

* Sito mutazionale.

La variabilità plastidiale trovata in questa specie è in accordo con i risultati di un lavoro condotto con microsatelliti del cloroplasto da Fineschi e Vendramin (2004) sulle querce decidue e sul leccio presente in Italia. Gli Autori riportano come l'alta diversità plastidiale del leccio in Sicilia sia rappresentata da sei aplotipi di cui cinque endemici. Questi risultati sono di supporto all'ipotesi della Sicilia come area rifugio glaciale anche per il leccio, come già dimostrato per le querce decidue (Petit *et al.,* 2002b; Fineschi *et al.,* 2002b, 2004a).

Le indagini molecolari a livello nucleare sono state condotte con 4 coppie di primer precedentemente identificati in altre specie di quercia da Dow *et al.* (1995) e da Steinkellner *et al.* (1997).

L'analisi di varianza molecolare (AMOVA) ha mostrato che: il 98% della diversità totale è imputabile all'errore (variabilità entro tutti gli individui), lo 0,01% è attribuibile alla componente dovuta agli individui nelle popolazioni, ed l'1,99% alla componente tra le popolazioni. La stima di differenziazione tra le popolazioni (F_{st}) pari a 0,02 indica una maggiore differenziazione rispetto alle altre specie di *Quercus*. Il valore di F_{is} calcolato pari a -0,01 indica un eccesso di eterozigoti.

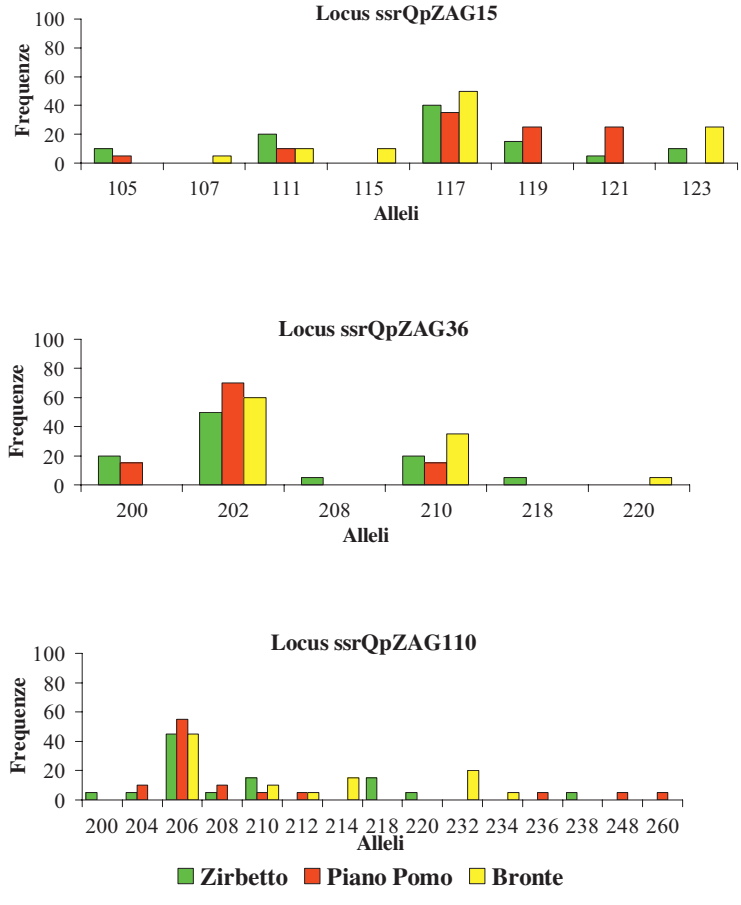


Fig. 35. Distribuzione delle frequenze (%) alleliche nelle popolazioni di *Q. ilex*

Il locus microsatellite MSQ4, identificato come il più polimorfico nelle popolazioni di roverella esaminate, è risultato invece monomorfico per le popolazioni di leccio. Per gli altri tre loci (gli stessi utilizzati per la roverella e il cerro) sono stati individuati nelle tre popolazioni un totale di 29 varianti alleliche (Fig. 35) con dimensioni comprese tra 105 pb e 260 pb. In particolare, il locus ssrQpZAG110 è risultato altamente polimorfico presentando 15 varianti alleliche.

La popolazione di Zirbetto (Nebrodi) presenta la più alta variabilità genetica con 19 varianti alleliche.

4.8 - Quercia spinosa

L'analisi di sequenza della regione *trn*L-*trn*F (Tab. 40) nelle tre popolazioni di quercia spinosa identificate come *Q. calliprinos* (Valle Ippari, Gorghi Tondi e monte Catalfano) ha messo in evidenza due aplotipi: l'aplotipo C2 che risulta essere il più diffuso, l'aplotipo C3 che è presente con un solo individuo nella popolazione di Valle Ippari (Tab. 41 e Fig. 34).

La popolazione di Haifa (Israele) scelta come riferimento per la specie *Q. calliprinos* presenta un aplotipo diverso (C1) da quelli delle popolazioni siciliane (Tab. 41).

Lo studio della variabilità intraspecifica ha individuato per questa specie un valore di diversità totale (h_t) pari a 0,133 e che la sola popolazione di Valle Ippari contribuisce a tale diversità presentando un valore di C_t = 1. Tale popolazione, infatti, è l'unica che presenta, un polimorfismo intrapopolazione (C_S = 1).

Tab. 40. Lunghezza della regione *trn*L-*trn*F.

Regione	Lunghezza (pb)
Introne *trnL*	465
Secondo esone *trnL*	50
Intergenica	382
***trn*L-*trn*F**	897

Possiamo concludere, quindi, che con i marcatori plastidiali le popolazioni di quercia spinosa esaminate presentano una differenziazione tra le popolazione estremamente bassa.

Tab. 41. Siti variabili e aplotipi identificati nelle tre popolazioni siciliane di *Q. calliprinos*: Valle Ippari (I), Catalfano (C), Gorghi Tondi (G) e in quella di Haifa di riferimento.

Campione	Sito variabile* **666 126 455**	Aplotipo
Q. calliprinos Haifa	ACC	C1
Q. calliprinos 1I	T . A	C2
Q. calliprinos 2I	T . A	C2
Q. calliprinos 3I	T . A	C2
Q. calliprinos 4I	T . A	C2
Q. calliprinos 5I	T TA	C3
Q. calliprinos 1C	T . A	C2
Q. calliprinos 2C	T . A	C2
Q. calliprinos 3C	T . A	C2
Q. calliprinos 4C	T . A	C2
Q. calliprinos 5C	T . A	C2
Q. calliprinos 1G	T . A	C2
Q. calliprinos 2G	T . A	C2
Q. calliprinos 3G	T . A	C2
Q. calliprinos 4G	T . A	C2
Q. calliprinos 5G	T . A	C2

*Sito mutazionale.

Le indagini molecolari a livello nucleare sono state condotte con 4 coppie di primer precedentemente identificati in altre specie di quercia da Dow *et al.* (1995) e da Steinkellner *et al.* (1997).

L'analisi di varianza molecolare AMOVA ha mostrato che: il 79% della diversità genetica è imputabile all'errore (variabilità entro tutti gli individui), il 16% è attribuibile alla componente dovuta agli individui nelle popolazioni, e il 5% è dovuto alla componente tra le popolazioni. La stima di differenziazione tra le popolazioni (F_{st}) è pari a 0,05. Il valore di F_{is} calcolato (0,165) è il valore positivo più alto riscontrato fra tutte le querce analizzate, indicando che le popolazioni di *Q. calliprinos* presentano un eccesso di omozigoti.

Tutti i quattro loci microsatelliti utilizzati sono risultati altamente polimorfici con un totale di 41 varianti alleliche con dimensioni comprese fra 105 pb e 258 pb (Fig. 36).

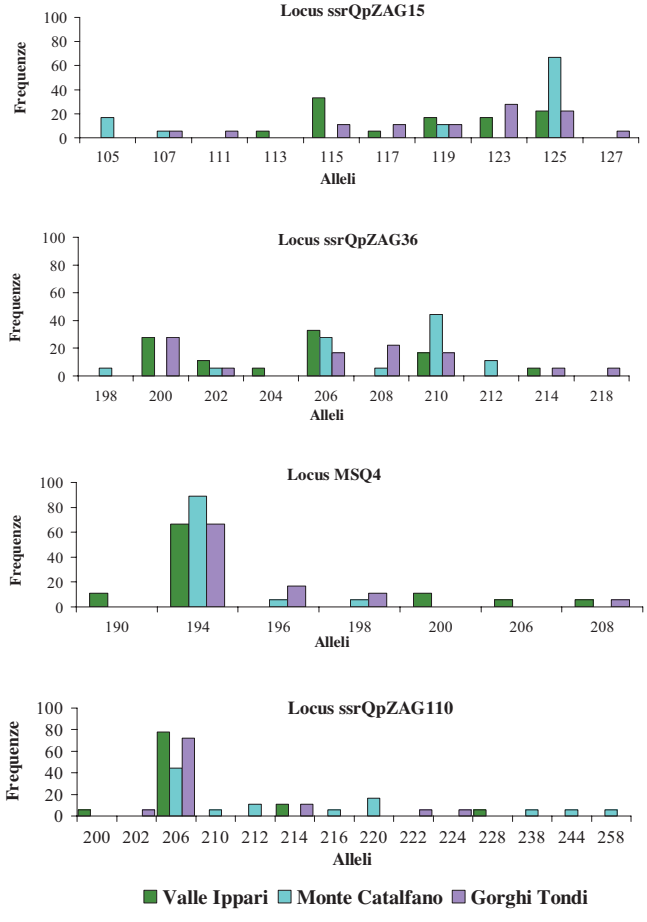


Fig. 36. Distribuzione delle frequenze (%) alleliche all'interno delle popolazioni di *Q. calliprinos*.

Anche con questa specie, il locus ssrQpZAG110 risulta essere il più polimorfico con 14 varianti alleliche.

Tutte e tre le popolazioni esaminate presentano una buona ricchezza allelica, con un massimo di 24 varianti alleliche nella popolazione di Gorghi Tondi.

4.9 - Orniello

Studi di filogenesi e di filogeografia sono stati condotti sul genere *Fraxinus* analizzando la regione ITS (Internal Transcripted Sequence) del DNA ribosomale (Jeandroz *et al.*, 1995, 1997). Le analisi filogenetiche confermano la classificazione tassonomica del genere e l'analisi filogeografica indica che il *Fraxinus* spp. si sia originato in nord America, da dove si sarebbe diffuso con due eventi successivi di migrazione intercontinentale dal nord America all'Asia (Jeandroz *et al.*, 1997). La variabilità genetica del *F. ornus* (orniello) nel suo areale di distribuzione è stata indagata utilizzando marcatori plastidiali (Heuertz *et al.*, 2006): la diversità aplotipica stimata è risultata estremamente bassa (0,018) rispetto ai valori ottenuti per il *F. excelsior* e per il *F. angustifolia*, mentre la differenzazione genetica tra le popolazioni è elevata in tutte e tre le specie (con un massimo di G_{st} pari a 0,969 per il *F. ornus*). Infine, le aree rifugio del *F. ornus* sarebbero localizzate in Italia, nella penisola balcanica e in Turchia.

Le due popolazioni di *F. ornus* studiate analizzando la sequenza di una regione plastidiale (*trn*L-*trn*F) e di una nucleare (ITS) sono riportate in Tab. 29.

Nell'indagine condotta con marcatori plastidiali, come riferimento sono state scelte, per l'analisi di sequenza della regione *trn*L-*trn*F del cloroplasto, sette sequenze relative al genere *Fraxinus* depositate in banca dati (GenBank) e le sequenze di tre specie (*Verbena officinalis* L., *Gelsemium sempervirens* L. e *Antonia ovata* Pohl.) utilizzate come "outgroup" già caratterizzate da Wallander e Albert (2000). L'allinemaneto multiplo di tali sequenze ha permesso di mettere in evidenza siti parsimoniosi che caratterizzano le specie considerate (Fig. 37). Le relazioni genetiche tra queste specie sono rappresentate nel dendrogramma (Fig. 38). La sequenza dell'orniello siciliano è la stessa di quella riportata in GenBank (AF231832).

```
Transizione (N)                    N N NN NNN   N   S S  S    SSS S  SSS S SS  SSSSSSSSS  S S SSSSSS  SSS SSS S SS
Trasversione (V)                    V V  V V  VV VVV V V  VVVV   V  V   V V  V   V VV   V  V V       VV  V   V  V V

                                     11111222 2222222333 3333344445 5555555555 5566666666 6667777777 7888888889 999
                                    7055578155 6678999000 1356823683 4567788999 9944455567 7890123457 9122244480 112
                                   8873507837 5620237134 1045338440 1744589123 7927824754 6361741818 7702534686 266
F. ornus Sicilia                   GCAGAGCTCT CTCTATAGAA TTCTAAAATC ATACCTTCTC CCTGTCAATC CGCAAGCGAT GGTGGCCTAG TAA
F. ornus AF231832                  .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... ...
F. americana AF231825              .......... ..T....... .G.......T .......... .....T.... ...C...... .......... ...
F. excelsior AF231830              .......... .......... .........T .......... .......... ...C...... .......... ...
F. anomala AF231826                .......... ..T....... .G.......T .......... .....T.... ...C...... .......-... A..
F. dipetala AF231829               .......... ..T....... .G.......T .......... .....T.... ...C...... .......-... A..
F. greggii AF231831                .......... ..T....... .G.......T .......... .....T.... ...C...... .......... ...
F. quadrangulata AF231833          .......... ..T....... .G.......T .......... .....T.... ...C...... .......-... A..
V. officinalis AF231885            A.GT....G- G.TGTGGTGT .G.....GAT CCGT.C.TCG TTC.CGGGCA ..TC.-TA.C ...A..-.... C..
G. sempervirens AF102428-AF159696  AGGTGAACTC GATATGGTGT CGGCCGGG-- --GTACATCA TTGAGTGGCA TTT.GA.AGC TTCATTTCCA .GC
A. ovata AF102379                  AG.TGAACTC GATATAGTGT CGGCCGGGAT CCG.ACATCA TTGAGTGGCA TTT.GATAGC TTCATTTCCA CGC
```

Fig. 37. Siti parsimoniosi della regione del cloroplasto *trn*L-*trn*F di sette specie di *Fraxinus* e tre specie utilizzate come "outgroup".

Nelle due popolazioni siciliane di *F. ornus* esaminate, l'analisi di sequenza della regione *trn*L-*trn*F (Tab. 42) ha messo in evidenza l'assenza di polimorfismo nelle due popolazioni di *F. ornus* esaminate.

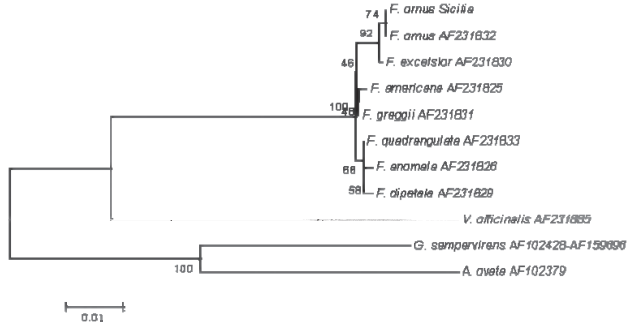


Fig. 38. Dendrogramma ottenuto utilizzando la distanza "Kimura 2-parameter" ed il metodo "Neighbor-Joining" della sequenza della regione *trn*L-*trn*F del cpDNA. il numero sui rami dell'albero indica il valore di "bootstrap" ottenuto con 500 replicazioni (in %).

Tab. 42. Lunghezza della regione *trn*L-*trn*F.

Regione	Lunghezza (pb)
Introne *trnL*	454
Secondo esone *trnL*	50
Intergenica	390
***trn*L-*trn*F**	894

Nessuna differenza nella regione *trn*L-*trn*F del cloroplasto è stata trovata anche nelle popolazioni europee di *F. excelsior* (Harbourne *et al.,* 2005). La mancanza di variabilità tra le popolazioni di *F. ornus* viene documentata anche da Heuertz *et al.* (2006), i quali riportano la presenza di un unico aplotipo in tutte le popola-

zioni italiane comprese quelle ubicate in Sicilia e Sardegna. Inoltre Heuertz *et al.* (2006) ipotizzano che l'Italia sia stata area rifugio anche per questa specie durante l'ultima glaciazione. In effetti il valore di diversità di 0,5 (h_k) dei due popolamenti siciliani risulta essere comparabile a quello ottenuto per la stessa specie nelle popolazioni del sud Europa (h_t = 0,552) (Heuertz *et al.,* 2006). Considerando anche quanto similmente trovato da Harbourne *et al.* (2005), analizzando la stessa regione plastidiale (*trn*L-*trn*F) in *F. excelsior*, è probabile che queste situazioni siano tipiche nel genere *Fraxinus*.

L'anilisi di sequenza della regione nucleare ITS (Tab. 43) ha messo in evidenza che nelle regioni ITS1 ed ITS2 sono presenti, rispettivamente, 2 e 4 siti variabili la cui combinazione fornisce 9 varianti alleliche (Fig. 39).

Tab. 43. Lunghezza della regione ITS.

Regione	Lunghezza (pb)
ITS1	242
5,8S rDNA	159
ITS2	394
ITS	795

```
Transizione (N)          NN  NN
Trasversione (V)           VV
                         111145
                         134471
                         455929
Variante allelica   F1   CCTGTT
Variante allelica   F2   T...CC
Variante allelica   F3   ....CC
Variante allelica   F4   T.....
Variante allelica   F5   T....C
Variante allelica   F6   .....C
Variante allelica   F7   T.G..C
Variante allelica   F8   T.G...
Variante allelica   F9   .T.TCC
```

Fig. 39. Siti variabili delle regioni ITS1 ed ITS2 di *F. ornus*.

Il "network" che descrive le relazioni intercorrenti tra le varianti alleliche è riportato in Fig. 40. La variante allelica F9 risulta essere la più ancestrale da cui si sono originate le altre per eventi mutazionali successivi.

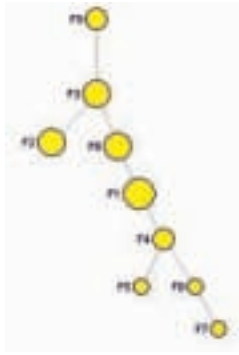


Fig. 40. "Network" delle varianti alleliche. Ogni linea del "network" corrisponde ad un evento mutazionale. Ogni variante allelica è rappresentata da un cerchio la cui dimensione è proporzionale alla sua frequenza.

La frequenza delle varianti alleliche per ogni popolazione analizzata è riportata in Fig. 41. La popolazione dello Zingaro è caratterizzata dalle varianti alleliche F2, F3 ed F5, mentre quella di Piano Pomo dalle varianti alleliche F6, F7, F8 e F9.

Gli alleli F1 e F4 con una frequenza, rispettivamente, del 20% e 10% sono i soli in comune tra le due popolazioni.

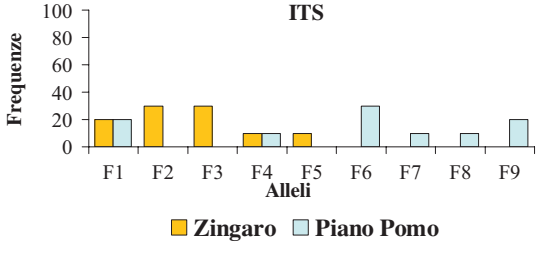


Fig. 41. Distribuzione delle frequenze (%) alleliche nelle popolazioni di *F. ornus*.

Le popolazioni dello Zingaro e di Piano Pomo presentano valori di diversità (rispettivamente, h_k = 0,844e h_k = 0,889) e di ricchezza allelica (rispettivamente, P_b = 2,611 e P_b = 2,972) comparabili.

4.10 - Platano

La specie di *P. orientalis* è stata oggetto fino ad ora di un numero limitato di indagini molecolari. Si ricorda il lavoro di Besnard *et al*. (2002) che, utilizzando marcatori RAPD e PCR-RFLP, hanno individuato le relazioni genetiche esistenti fra le varie specie di *Platanus*. La variabilità genetica nella specie *P. orientalis* è risultata più elevata rispetto a quella del *P. occidentalis* forse per la forte riduzione delle dimensioni della popolazione di questa seconda specie durante l'ultima glaciazione.

Le popolazioni di *P. orientalis* studiate analizzando la sequenza di una regione plastidiale (*trn*L-*trn*F) e di una nucleare (ITS) sono riportate in Tab. 29.

L'allineamento di sequenza della regione *trn*L-*trn*F del cloroplasto è stato condotto utilizzando due sequenze di *P. orientalis* depositate in GenBank e come "outgroup" due specie (*Ginkgo biloba* L. e *Illicium floridanum* Ellis) analizzate da Borsch *et al*. (2003) (Fig. 42).

L'analisi di sequenza ha permesso di mettere in evidenza siti parsimoniosi che caratterizzano le specie considerate (Fig. 42).

```
Transizione (N)          S SSSS      S  SS S  S S    S S SSSSS SSSS    S   S   S S  S S
Trasversione (V)        V V    VVV VV VV  V V  V VVVV V       V     VVV VVV VV  V VV V V

                           1222222 2233333333 3344444455 5666666666 7777777777 777777777
                        1243134688 9900011224 4800444909 9012227999 1112445667 778889999
                        9191500519 0327927142 9145679587 8680253138 6781786581 560170136
 P. orientalis Sicilia  AAGGCCATAC GTCGTTTTTA AGCACTTAAG ATCCCACTGG CTTCCAACGA CCTTTACGC
 P. orientalis AM397164 .......... .........T .......... .......... .......... .........
 P. orientalis AF200932 .......... .......... .........? ?????????? ?????????? ?????????
 I. floridanum AY145325 TGTATTGATA CGTTACCACG GTTTAGAGCA GCTTTTTCAA GAATATTTTT TGCAAGAAG
 G. biloba AY145323     TGTATTGATA CGTTACCACG GTTTAGAGCA GCTTTTTCAA GAATATTTTT TGCAAGAAG
```

Fig. 42. Siti parsimoniosi della regione del cloroplasto *trn*L-*trn*F dei tre individui *Platanus* e delle due specie utilizzate come "outgroup".

Le relazioni genetiche tra le specie considerate sono rappresentate nel dendrogramma (Fig. 43).

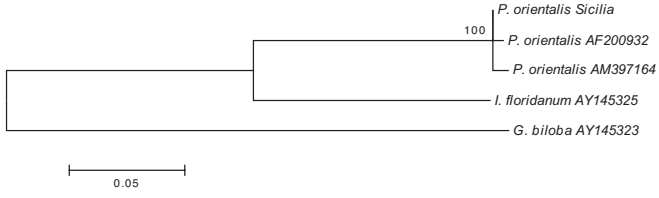


Fig. 43. Dendrogramma ottenuto utilizzando la distanza "Kimura 2-parameter" ed il metodo "Neighbor-Joining" della sequenza della regione *trn*L-*trn*F del cpDNA. Il numero sui rami dell'albero indica il valore di "bootstrap" ottenuto con 500 replicazioni (in %).

In *P. orientalis* l'analisi di sequenza della regione *trn*L-*trn*F (Tab. 44) ha messo in evidenza che le due popolazioni siciliane non presentano variabilità: è presente un solo aplotipo (Por1), mentre si differenziano rispetto alle due sequenze depositate in GenBank per la stessa specie, *P. orientalis* (AM397164) e *P. orientalis* (AF200932) (Tab. 45) questa ultima derivante da popolazioni asiatiche.

Tab. 44. Lunghezza della regione *trn*L-*trn*F.

Regione	Lunghezza (pb)
Introne *trn*L	482
Secondo esone *trn*L	50
Intergenica	412
***trn*L-*trn*F**	944

Tab. 45. Sito variabile e aplotipi identificati nei 3 individui di *P. orientalis*.

Campione	Sito variabile **3488** **1334938** **6122295**	Aplotipo
P. orienatlis Sicilia	TTCAATT	Por 1
P. orienatlis AM397164	.. TTCAA	Por 2
P. orienatlis AF200932	AA . . . ??	Por 3

L'analisi di sequenza della regione nucleare ITS (Tab. 46) ha indicato che nelle regioni ITS1 ed ITS2 sono presenti, rispettivamente, 8 e 2 siti variabili la cui combinazione fornisce 10 varianti alleliche (Fig. 44).

Tab. 46. Lunghezza della regione ITS.

Regione	Lunghezza (pb)
ITS1	291
5,8S rDNA	161
ITS2	238
ITS	690

```
Transizione (N)          N  NN  NN
Trasversione (V)        V VV  VV
                           1111245
                         120117485
                        2514182812
Variante allelica 1     GGCCCTCCAC
Variante allelica 2     CAA.T....T
Variante allelica 3     C.A.T.....
Variante allelica 4     C...T....T
Variante allelica 5     C...TC.G.T
Variante allelica 6     C.........
Variante allelica 7     C...TC...T
Variante allelica 8     C...T.....
Variante allelica 9     C...TCA.GT
Variante allelica 10    C..GTCA.GT
```

Fig. 44. Siti variabili delle regioni ITS1 ed ITS2 di *P. orientalis*.

Il "network" delle varianti alleliche riportato in Fig. 45 indica che la variante allelica P8 è quella più frequente ed ancestrale da cui si sono originate le altre per eventi mutazionali successivi.

La frequenza delle varianti alleliche per ogni popolazione analizzata è riportata in Fig. 46. La popolazione della Valle dell'Anapo è caratterizzata dagli alleli P1, P2, P3, P4, P5, P6 e P7, mentre quella di Valle Irminio solo dagli alleli P9 e P10; l'allele P8 in comune tra le due popolazioni ha una frequenza, rispettivamente, del 10% e del 40%.

Come già si evince dalla distribuzione allelica, quella della Valle dell'Anapo presenta una diversità (h_k = 0,956) ed una ricchezza allelica (P_b = 3,556) maggiore rispetto a quella di Valle Irminio (h_k = 0,711; P_b = 1,730). Infatti, nella popolazione della Valle dell'Anapo presenta la maggior parte delle varianti alleliche riscontrate e spesso tali varianti sono divergenti cioè specifiche della popolazione.

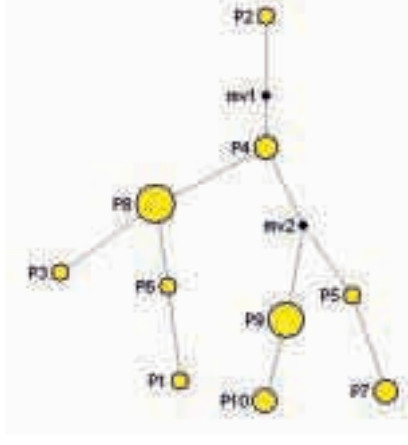


Fig. 45. "Network" delle varianti alleliche. Ogni linea del "network" corrisponde ad un evento mutazionale. Ogni variante allelica è rappresentata da un cerchio la cui dimensione è proporzionale alla sua frequenza. Cerchio pieno nero (mv) indica varianti alleliche intermedie che non sono presenti nel campione, ma che sono necessarie per poter collegare tutti le varianti alleliche presenti nel "network".

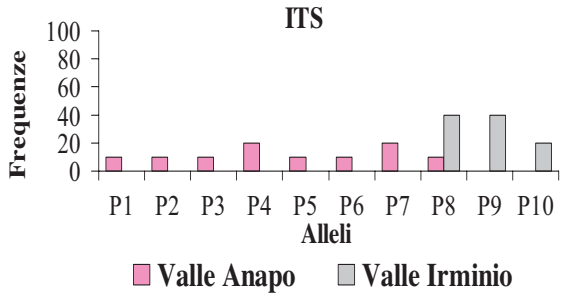


Fig. 46. Distribuzione delle frequenze (%) alleliche nelle popolazioni di *P. orientalis*.

4.11 - Agrifoglio

Studi di filogenesi e di filogeografia nel genere *Ilex* sono stati condotti da Cuénoud *et al*. (2000), Manen *et al*. (2002) e Bremer *et al*. (2002) analizzando regioni del cloroplasto. E' stato dimostrato che il genere era già diffuso prima della fine del Cretaceo ma le specie attuali non rappresentano più l'intera linea evolutiva in quanto è avvenuta l'estinzione di un ramo originario. Il progenitore comune delle specie attuali probabilmente è comparso prima del Terziario.

Studi di variabilità sull'*I. aquifolium* sono stati condotti utilizzando marcatori plastidiali (PCR-RFLP e SSR) in 16 popolazioni diffuse nell'areale europeo (Rendell e Ennos, 2003). La differenziazione genetica tra le popolazioni è risultata elevata ed inoltre è stata messa in evidenza una precisa strutturazione geografica. Viene, infine, ipotizzata la sopravvivenza della specie durante l'ultima glaciazione nelle regioni della penisola iberica, in Italia e probabilmente anche nella penisola balcanica.

Le popolazioni di *I. aquifolium* studiate analizzando la sequenza di una regione plastidiale (*trn*L-*trn*F) e di una nucleare (ITS) sono riportate in Tab. 29.

L'allineamento di sequenza è stato condotto utilizzando alcune sequenze di *Ilex* spp. depositate in GenBank e già analizzate da Manen *et al*. (2002). Come si può osservare è stato possibile separare le specie per la presenza di siti parsimoniosi (Fig. 47).

```
Transizione (S)                          S
Trasversione (V)                        VV V
                                        2337
                                        4045
                                        4911
 I. aquifolium Sicilia                  ATGG
 I. aquifolium AM397182                 ....
 I. brasiliensis AJ492575               .G..
 I. crenata 14 AJ492590                 ..AC
 I. guianensis H7 AJ492582              .G..
 I. integerrima 106 AJ492577            .G..
 I. macrocarpa 76 AJ492602              C...
 I. pubescens 69 AJ492599               C...
 I. repanda 119 AJ492569                ....
 I. triflora 129 AJ492588               ..AC
```

Fig. 47. Siti parsimoniosi della regione del cloroplasto *trn*L-*trn*F delle 9 specie di *Ilex*.

Anche il dendrogramma (Fig. 48) ottenuto rispecchia quello riportato da Manen *et al.* (2002) rispetto alle specie prese come riferimento dalla GenBank.

L'analisi di sequenza della regione *trn*L-*trn*F (Tab. 47) delle due popolazioni siciliane indica la presenza di un unico aplotipo. Inoltre, gli individui siciliani presentano la stessa sequenza di *I. aquifolium* depositata in GenBank (AM397182).

Tab. 47. Lunghezza della regione *trn*L-*trn*F.

Regione	Lunghezza (pb)
Introne *trn*L	472
Secondo esone *trn*L	50
Intergenica	408
***trn*L-*trn*F**	930

Fig. 48. Dendrogramma ottenuto utilizzando la distanza "Kimura 2-parameter" ed il metodo "Neighbor-Joining" della sequenza della regione *trn*L-*trn*F del cpDNA. Il numero sui rami dell'albero indica il valore di "bootstrap" ottenuto con 500 replicazioni (in %).

Il sequenziamento della regione nucleare ITS (Tab. 48) ha messo in evidenza 16 siti variabili solo nella regione ITS2, e la cui combinazione da 6 varianti alleliche (Fig. 49).

Tab. 48. Lunghezza della regione ITS.

Regione	Lunghezza (pb)
ITS1	249
5,8S rDNA	177
ITS2	240
ITS	666

```
Transizione (N)          NN NN  NN    N NN
Trasversione (V)           V  VV  V VV V
                         4444444444 455555
                         3444444445 501289
                         7012356792 839273
Variante allelica 1      ATTATTTTTT TTTTTT
Variante allelica 2      GCAGCGGAAG GGCGC.
Variante allelica 3      G.AGCGGAAG GGCGC.
Variante allelica 4      GCAGCGGAAG GGCGCC
Variante allelica 5      GCAG.GGAAG GGCGCC
Variante allelica 6      GCAGCGGAAG GGCGC.
```

Fig. 49. Siti variabili delle regioni ITS2 di *I. aquifolium*.

Il "network" delle relazioni tra le varianti alleliche riportato in Fig. 50 indica che la variante allelica I1 è quella più ancestrale da cui si sono originate le altre per eventi mutazionali successivi.

Fig. 50. "Network" delle varianti alleliche. Ogni linea del "network" corrisponde ad un evento mutazionale. Ogni variante allelica è rappresentata da un cerchio la cui dimensione è proporzionale alla sua frequenza. Cerchio pieno nero (mv) indica varianti alleliche intermedie che non sono presenti nel campione, ma che sono necessarie per poter collegare tutti le varianti alleliche presenti nel "network".

La frequenza delle varianti alleliche per ogni popolazione analizzata è riportata in Fig. 51. La popolazione di Biviere è caratterizzata dagli alleli I1, I2 e I4, mentre quella di Piano Pomo solo dall'allele I6.

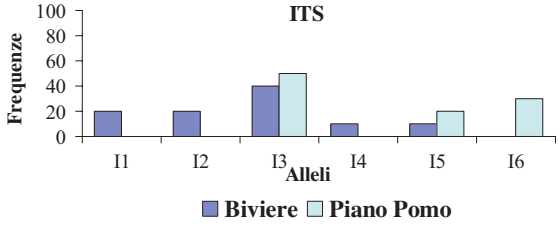


Fig. 51. Distribuzione delle frequenze (%) alleliche nelle popolazioni di *I. aquifolium*.

Gli alleli I3 e I5 con una frequenza, rispettivamente, del 40% - 50% e del 10% - 20% sono comuni tra le due popolazioni.

La popolazione di Biviere presenta un valore di diversità (h_k = 0,822) e di ricchezza allelica (P_b = 2,532) maggiore rispetto alla popolazione di Piano Pomo (h_k = 0,689; P_b = 1,690). In effetti la popolazione di Biviere è caratterizzata da un maggior numero di varianti, e la maggior parte di queste varianti sono popolazione-specifiche.

4.12 - Betulla

Studi di filogenesi sulle *Betulaceae* sono stati condotti da Bousquet *et al*. (1992), Savard *et al*. (1993) e Chen *et al*. (1999) analizzando dati morfologici e regioni del cloroplasto (*rbc*L, ITS, regioni 18S e 26S). I dati ottenuti concordano nel suddividere la famiglia delle *Betulaceae* in due sottofamiglie: quella delle *Coryloideae*, con i generi *Corylus*, *Ostryopsis*, *Carpinus* ed *Ostrya* e quella delle *Betuloideae* con i generi *Alnus* e *Betula*.

La variabilità genetica della *B. aetnensis*, fino ad ora non è mai stata oggetto di indagine con marcatori molecolari.

Le popolazioni di *B. aetnensis* siciliane studiate attraverso la sequenza di una regione plastidiale (*trn*L-*trn*F) e di una nucleare (ITS) sono riportate in Tab. 29.

Per l'allineamento di sequenza della regione *trn*L-*trn*F del cloroplasto, sono state utilizzate , come "outgroup", le sequenze ripor-

tate in GenBank di *B. occidentalis* Hook. e quelle di *Carpinus turczaninowii* Hance, *Ostrya virginiana* (Mill.) K.Koch e *Corylus chinensis* Franchet.

I siti parsimoniosi che permettono di distinguere la betulla dagli "outgroup" sono riportati in Fig. 52.

Il dendrogramma ottenuto (Fig. 53) corrisponde a quello riportato da Chen *et al.* (1999) per le stesse specie analizzando la regione ITS, la regione del gene *rbc*L e dati morfologici.

```
Transizione (N)                    SS S   S  S    SS    SS SS
Trasversione (V)                  V  V VVV    VVVV  VVV   V

                                   111255667 7777777777 77889
                                   8279339190 0001111222 37044
                                   7276630160 7891257278 55511
 Betula aetnensis Sicilia          GTGTAGATTT TTTTAAATAT GGGCA
 Betula occidentalis AY211428      .......... .......... .....
 Carpinus turczaninovii AY211415   CCAGGTCGCC CAAATGGATA A.TTG
 Ostrya virginiana AY211425        CCAGGTCGCC CAAATGGATA AATTG
 Corylus chinensis AY211418        CCAGGTCGCC CAAATGGA.. AATTG
```

Fig. 52. Siti parsimoniosi della regione del cloroplasto *trn*L-*trn*F delle due specie di *Betula* e delle tre specie considerate come "outgroup".

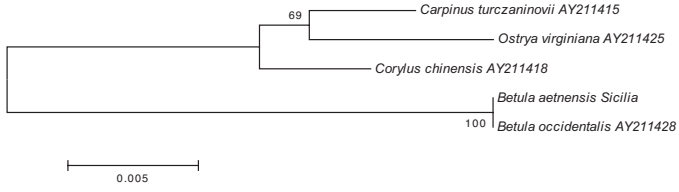


Fig. 53. Dendrogramma ottenuto utilizzando la distanza "Kimura 2-parameter" ed il metodo del "Neighbor-Joining" della sequenza della regione *trn*L-*trn*F del cpDNA. Il numero sui rami dell'albero indica il valore di "bootstrap" ottenuto con 500 replicazioni (in %).

L'analisi di sequenza della regione *trn*L-*trn*F del cloroplasto (Tab. 49) delle due popolazioni di betulla siciliane indica la presenza di un unico aplotipo. Inoltre, la regione del cloroplasto non mette in evidenza le differenze fra l'endemismo siciliano e la *B. occidentalis*.

Tab. 49. Lunghezza della regione *trn*L-*trn*F.

Regione	Lunghezza (pb)
Introne *trn*L	351
Secondo esone *trn*L	50
Intergenica	446
***trn*L-*trn*F**	847

Il sequenziamento della regione nucleare ITS (Tab. 50) ha evidenziato un solo sito variabile nella regione ITS2 che fornisce 2 varianti alleliche (Fig. 54) la cui frequenza è riportata in Fig. 55.

Tab. 50. Lunghezza della regione ITS.

Regione	Lunghezza (pb)
ITS1	216
5,8S rDNA	164
ITS2	222
ITS	602

```
Transizione (N)          N
Trasversione (V)         V
                         6
                         2
                         0
Variante allelica 1      T
Variante allelica 2      C
```

Fig. 54. Siti variabili della regione ITS2 di *B. aetnensis*.

Nella popolazione di Mandria Vecchia sono presenti in uguale frequenza gli alleli B1 e B2, mentre in quella di Rifugio Citelli è stato riscontrato il solo B1 (Fig. 55).

Nel primo caso (Mandria Vecchia) è stato calcolato un valore di diversità h_K pari a 0,556 ed un valore di ricchezza allelica di 0,075. In generale si tratta di valori assai bassi che divergono da quanto riportato in letteratura nel caso di marcatori nucleari sia per quanto riguarda latifoglie e conifere.

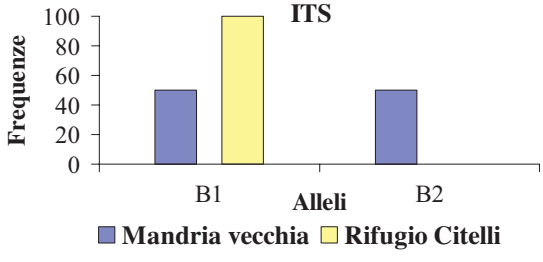


Fig. 55. Distribuzione delle frequenze (%) alleliche all'interno delle popolazioni di *B. aetnensis*.

Questo farebbe presupporre che le due popolazioni di betulla, geneticamente molto omogenee, possano avere subito una riduzione nel numero dell'effettivo (effetto delle colate laviche?) e che gli attuali individui che le compongono derivino da pochi progenitori (forte consanguineità per effetto di deriva genetica).

4.13 - Zelkova

Analisi filogenetiche sulla zelkova sono state condotte tramite la comparazione della morfologia fogliare, della sequenza della regione ITS e dei dati fossili (Denk e Grimm, 2005).

La variabilità genetica della popolazione di *Zelkova sicula* è stata indagata sia con marcatori nucleari che plastidiali (Fineschi *et al.*, 2002a; 2004b). Gli studi condotti sulla regione dell'introne *trn*L e sulla sequenza dell'ITS2 hanno dimostrato che la separazione delle due zelkove mediterrane (*Z. sicula* e *Z. abelicia*) dalla *Z. carpinifolia* è avvenuta in tempi molto antichi mentre è più recente la separazione fra le due zelkove mediterranee.

I marcatori plastidiali (PCR-RFLP e SSR) hanno mostrato un'evidente differenziazione genetica fra le due specie mediterranee, inoltre tramite l'analisi con marcatori molecolari (ISSR e AFLP) è stata dimostrata una bassa variabilità genetica nella popolazione siciliana.

L'endemismo specifico di *Zelkova sicula* Di Pasquale, Garfì e Quèzel è localizzata nel Bosco Pisano (Buccheri, SR) (Tab. 29). Lo studio ha riguardato la sequenza di una regione plastidiale (*trn*L-*trn*F) e di una nucleare (ITS).

L'allineamento di sequenza tra *Z. sicula* e le specie dei generi *Ulmus* L. e *Celtis* L. ha permesso di identificare siti parsimoniosi che caratterizzano le specie stesse (Fig. 56) rappresentate nel dendrogramma (Fig. 57).

```
                                  11 1111112222 2222222222 2333333333 3344444445 5555555555 5556666666 6666666666
                          2477778855 5567891223 3346668899 9000235566 8900238890 1223667778 9990122234 6678889999
                          7323492924 8925378152 3993676734 8035424747 3658400395 2562463681 4675623820 0661290367
Zelkova sicula            TGATGTGTTG TAAACCACCC CAGATGATCG TTAATATAAC CTCAGTTAGG AAGATCTTTT ATCGATGGCT CGGTTTAAAT
Ulmus glabra              C.CCCCAGGA CGGGTTGAGT TGAGGATCTC CGTTGGCCGA TC-GACCGTA CTAGCTCCCA CCTACCCCTC TTTGACTTCA
Ulmus campestris          C.CCCCAGGA CGGGTTGAGT TGAGGATCTC CGTTGGCC.A TC-GACCGTA .TAGCTCCCA CCTACCCCTC TTTGACTTCA
Ulmus procera AF400593    .......... .......... .......... .A........ ..A..... ...G..... ....C..... ..........
Ulmus americana AF501593  .......... .......... .......... .......... ..A..... ...G..... ....C..... ..........
Celtis australis          CCCCCCAGGA CGGGTTGAGT TGAGGATCTC CGTTGGCCGA TC-GACCGTA .TAGCTCCCA CCTACCCCTC TTTGACTTCA
Celtis australis SARD     CCCCCCAGGA CGGGTTGAGT TGAGGATCTC CGTTGGCCGA TC-GACCGTA CTAGCTCCCA CCTACCCCTC TTTGACTTCA
Celtis philippensis AY147093 .......... .......... .......... .......... .......... .......... .......... ..........


                          7777777777 7777777778 8888888888 8888888888 8888999999 9999999999 9999999999 9999999999
                          0122446666 7777888890 0001111111 1112445557 7778001222 2333333444 4455555566 6666666777
                          1357361234 0237134773 5780123456 7891791690 4592472678 9346789013 8914678901 2345678023
Zelkova sicula            TGGAGATGAA CCAAATCTGT CGAACTTACA AAGCAGCTGA TTATACTATG CCGAAATGGC TACACTGGTA GAGCAGAGCT
Ulmus glabra              GAACACCCCC ATGCGCAAAA ATGCAAAGTC GTCTGATGAC CCGCGAAGGA TAAGTTACAT ATGGGATAGC TCAGCTGTGA
Ulmus campestris          GAACACCCCC ATGCGCAAAA ATGCAAAGTC GTCTGATGAC CCGCGAAGGA TAAGTTACAT ATGGGATAGC TCAGCTGTGA
Ulmus procera AF400593    .......T.. .......... .......... .......... .......... .......... .......... ..........
Ulmus americana AF501593  .......A.. .......... .......... .......... .......... .......... .......... ..........
Celtis australis          GAACACCCCC ATGCGCAAAA ATGCAAAGTC GTCTGATGAC CCGCGAAGGA TAAGTTACAT ATGGGATAGC TCAGCTGTGA
Celtis australis SARD     GAACACCCCC ATGCGCAAAA ATGCAAAGTC GTCTGATGAC CCGCGAAGGA TAAGTTACAT ATGGGATAGC TCAGCTG.AA
Celtis philippensis AY147093 .......T.. .......... .......... .......... ......???? ?????????? ?????????? ??????????


                          9
                          7
                          5
Zelkova sicula            A
Ulmus glabra              G
Ulmus campestris          G
Ulmus procera AF400593    .
Ulmus americana AF501593  .
Celtis australis          G
Celtis australis SARD     G
Celtis philippensis AY147093 ?
```

Fig. 56. Siti parsimoniosi della regione del cloroplasto *trn*L-*trn*F della *Z. sicula* e delle altre specie considerate come "outgroup".

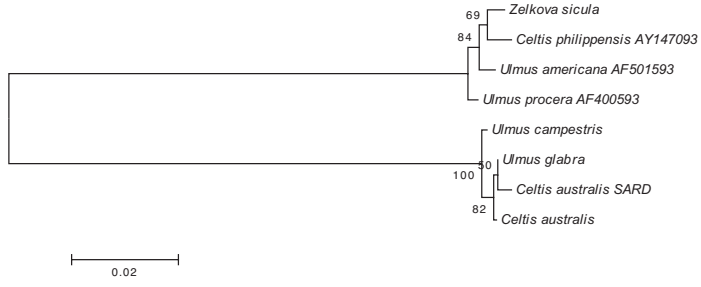


Fig. 57. Dendrogramma ottenuto utilizzando la distanza "Kimura 2-parameter" ed il metodo "Neighbor-Joining" della sequenza della regione *trn*L-*trn*F del cpDNA. Il numero sui rami dell'albero indica il valore di "bootstrap" ottenuto con 500 replicazioni (in %).

Il sequenziamento della regione *trn*L-*trn*F (Tab. 51) non ha rilevato alcun polimorfismo tra gli individui della popolazione.

Tab. 51. Lunghezza della regione *trn*L-*trn*F.

Regione	Lunghezza (pb)
Introne *trn*L	515
Secondo esone *trn*L	50
Intergenica	423
***trn*L-*trn*F**	988

Tale risultato è in accordo con quanto indicato da Fineschi *et al.* (2002a) per la stessa popolazione ma utilizzando differenti marcatori del cloroplasto. La dimensione relativamente piccola dell'unica popolazione della specie, considerata endemica, il forte isolamento anche da specie affini compatibili, l'eredità materna del cloroplasto nelle angiosperme, che tra l'altro ha un effetto riduttivo della variabilità del 50% rispetto ai marcatori con eredità biparentale, possono rappresentare i fattori congiunti che hanno oggi determinato la strutturazione genetica descritta (Young *et al.,* 1996; Prober e Brown, 1994).

Il sequenziamento della regione nucleare ITS (Tab. 52) ha indicato un sito variabile nelle regioni ITS1 ed ITS2 che ha fornito due varianti alleliche (Fig. 58), Z1 e Z2 rispettivamente con frequenze dell'80% e 20% (Fig. 59).

Tab. 52. Lunghezza della regione ITS.

Regione	Lunghezza (pb)
ITS1	220
5,8S rDNA	379
ITS2	214
ITS	813

```
Transizione (N)                 NN
Trasversione (V)
                                15
                                86
                                12
Variante allelica 1             TG
Variante allelica 2             CA
```

Fig. 58. Siti variabili delle regioni ITS1 ed ITS2 di *Zelkova sicula*.

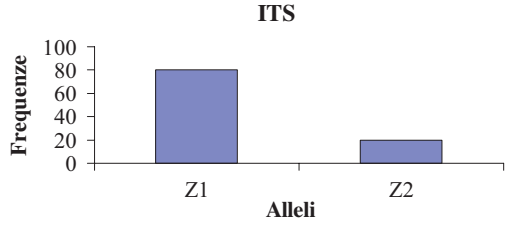


Fig. 59. Distribuzione delle frequenze (%) alleliche nella popolazione di *Z. sicula*.

I valori degli indici di diversità h_k e di ricchezza allelica sono risultati rispettivamente uguali a 0,356 e 0,778.

La mancanza di variabilità genetica in questa specie è stata confermata anche tramite l'utilizzo di marcatori molecolari quali ISSR e AFLP (Fineschi *et al.,* 2004a).

4.14 - Formazioni del genere Pinus. Generalità

Indagini di genetica di popolazione e di filogeografia sono state sviluppate in *P. pinaster*. Questi studi sono stati condotti mediante diversi marcatori quali gli allozimi (Petit *et al.*, 1995; Salvador *et al.*, 2000; Gonzàlez-Martìnez *et al.*, 2001); i microsatelliti plastidiali (Powell *et al.*, 1995; Vendramin *et al.*, 1996, 1998; Ribeiro *et al.*, 2002; Chagné *et al.*, 2004; Gomez *et al.*, 2005; Bucci *et al.*, 2007); i microsatelliti nucleari (Mariette *et al.*, 2001; Derory *et al.*, 2002; Gonzàlez-Martìnez *et al.*, 2002, 2004a); gli AFLP (Chagné *et al.*, 2002; Ribeiro *et al.*, 2002) e gli RFLP-SSCP (Burban e Petit, 2003).

Alcuni dei dati molecolari ottenuti dai lavori precedentemente citati sono stati messi a confronto da Gonzàlez-Martìnez *et al.* (2004b) così da coprire l'areale naturale di diffusione del pino marittimo. Complessivamente, tali dati portano ad identificare il profilo filogeografico della specie; si distinguono, infatti, tre regioni principali di divergenza genetica: la regione occidentale (la maggior parte della penisola iberica e la Francia continentale), la regione orientale (Francia sud-orientale, la Corsica, l'Italia, la Tunisia e l'Algeria) ed in fine la regione del Marocco.

Recentemente, Bucci *et al.* (2007), analizzando con marcatori plastidiali popolazioni di *P. pinaster* situate nell'areale di distribuzione della specie, localizzano un "hotspot" di diversità nel centro e nel sud-est della Spagna, e due aree di bassa diversità aplotipica nell'area occidentale della penisola Iberica e nel Marocco.

Riguardo le indagini condotte su scala locale, il lavoro di Ribeiro *et al.* (2002) indaga la variabilità genetica in popolazioni di *P. pinaster* localizzate in Francia e in Portogallo confrontando i dati ottenuti da marcatori AFLP e cpSSR. Sebbene gli AFLP rilevino una più bassa variabilità genetica tra le popolazioni rispetto ai cpSSR, i livelli di differenziazione osservata tra le popolazioni sono simili con i due tipi di marcatori. Gli Autori concludono che il fattore più importante che ha determinato l'attuale variabilità genetica, sia a livello nucleare che cloroplastico, delle popolazioni esaminate sia il "gene flow". Sempre su scala locale, Gomez *et*

al. (2005) confrontano la struttura e la diversità genetica di popolazioni di *P. halepensis* e *P. pinaster* ubicate da sud-est a nord-est della Spagna. *P. pinaster* mostra un più alto numero di varianti e di aplotipi rispetto all'altra specie. La diversa distribuzione della diversità genetica fra queste due specie viene ascritta a tre principali cause: i) la distribuzione della variabilità genetica prima delle glaciazioni del Quaternario, con la diffusione del *P. pinaster* in Spagna in epoche precedenti rispetto all'altra specie; ii) la localizzazione dei rifugi delle glacazioni nell'Olocene e le vie di migrazione a partire da questi rifugi (da nord-est a sud-est per il *P. halepensis* e da sud-ovest verso nord-est e nord-ovest per *P. pinaster*); iii) le interazioni fra le due specie durante la diffusione post-glaciazione.

La diversità genetica di alcune popolazioni di specie strettamente affini ascrivibili al "*Pinus halepensis* complex", è stata indagata con gli allozimi da Schiller *et al*. (1986), Korol *et al*. (1995), Teisserie *et al*. (1995) e Agùndez *et al*. (1997) e con cpSSR da Bucci *et al*. (1998). Quest'ultimi hanno individuato elevati livelli di polimorfismo sia all'interno delle popolazioni che tra le popolazioni.

In un recente studio, sono state analizzate popolazioni di pino nero presenti in Europa occidentale al fine di spiegare la distribuzione discontinua della specie dal nord Africa fino alle regioni del Mar Baltico (Afzal-Rafii e Dodd, 2007). Attraverso lo studio di marcatori cpSSR, sono stati individuati alti livelli di diversità aplotipica fra le popolazioni ed una forte strutturazione geografica. Viene confermata quindi l'ipotesi della sopravvivenza della specie durante l'ultima glaciazione in queste regioni ed esclusa la possibilità di un evento di ricolonizzazione post-glaciazione.

4.14.1 - Identificazione molecolare delle specie del genere Pinus

In una prima fase è stata esaminata la possibilità di discriminare tra le specie mediante l'analisi di squenza della regione *trn*L-*trn*F del cloroplasto.

L'allineamento della sequenza di tale regione del genere *Pinus* spp. indica che l'intera regione è lunga 930 pb. Tale regione permette di discriminare le tre specie e quindi di pervenire ad una caratterizzazione specie-specifica e di verificarne la posizione tassonomica. Il *P. pinaster* presenta una delezione di 5 pb nella regione intergenica ed una delezione di 4 pb sempre nella stessa regione. Il *P. laricio* è caratterizzato da una delezione di 5

pb nell'introne *trn*L, mentre il *P. halepensis* da una delezione di 18 pb nella regione intergenica.

Le tre specie di *Pinus* sono identificate dai seguenti siti parsimoniosi (Fig. 60):

P. pinaster: 2 transizioni e 9 trasversioni
P. laricio: 2 transizioni ed 1 trasversione
P. halepensis: 3 transizioni e 5 trasversioni

Il dendrogramma (Fig. 61) ottenuto dall'analisi di queste sequenze mostra le tre specie separate in tre "cluster" ben distinti.

```
Transizione (N)  NNN N    N     NN N
Trasversione (V)    V VVVV VVVVV  V VV  V
Informativo (H)  H  H H     HHH H  H
Informativo (P)   PP   P PPP   P  P PP  P
Informativo (N)      N  N        N
P. pinaster      GAAGCGACGATCCCTCGACATCGA
P. laricio       .GG.A.TATCG...G.AT.TG--C
P. halepensis    AGGT.TT.T.GTTTGT.TTTGTAC
```

Fig. 60. Siti parsimoniosi della regione del cloroplasto *trn*L-*trn*F per le tre specie di *Pinus*.

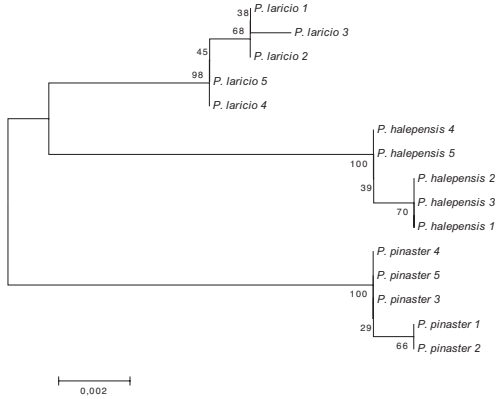


Fig. 61. Dendrogramma ottenuto utilizzando la distanza "Kimura 2-parameter" ed il metodo "Neighbor-Joining" della sequenza della regione *trn*L-*trn*F del cpDNA. Il numero sui rami dell'albero indica il valore di "bootstrap" ottenuto con 500 replicazioni (in %).

Le popolazioni di *Pinus* spp. studiate con l'analisi della sequenza della regione *trn*L-*trn*F del cloroplasto (cpDNA) e con marcatori nucleari (SSR) sono riportate in Tab. 29.

4.14.2 - Pino marittimo

Il sequenziamento della regione *trn*L-*trn*F (Tab. 53) ha consentito di identificare due aplotipi (Fig. 62) per una trasversione T/G del sito 274 nella regione intergenica (Tab. 54).

Tab. 53. Lunghezza della regione *trn*L-*trn*F.

Regione	Lunghezza (pb)
Introne *trn*L	458
Secondo esone *trn*L	50
Intergenica	407
***trn*L-*trn*F**	915

Il valore di diversità (h_K = 0,600) della popolazione di Pantelleria è comparabile con quello trovato da Vendramin *et al.* (1998) in uno studio condotto con microsatelliti del cloroplasto. Per questi Autori la popolazione, di origine ancestrale, si sarebbe originata nel periodo pre-glaciale dal rifugio situato in Marocco (nord Africa). Tali dati sono stati successivamente confermati da Bucci *et al.* (2007) in cui per l'areale di diffusione del pino marittimo sono state identificate "otto zone" di omogeneità genetica una delle quali è costituita dalle popolazioni dell'Africa dell'Est e di Pantelleria.

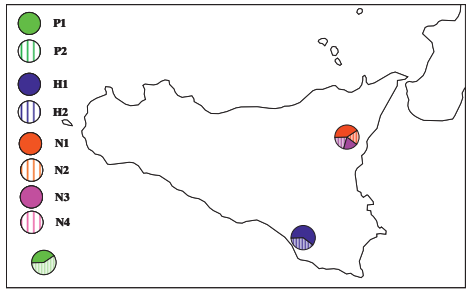


Fig. 62. Distribuzione geografica degli aplotipi individuati nelle tre specie di *Pinus* spp.: *P. pinaster* (Isola di Pantelleria: P1 e P2), *P. laricio* (Etna: N1, N2, N3, e N4) e *P. halepensis* (Pineta Vittoria: H1 e H2).

Tab. 54. Sito variabile e aplotipi identificati nei 5 individui di *P. pinaster*.

Campione	Sito variabile* 2 7 4	Aplotipo
P. pinaster 1	T	P1
P. pinaster 2	.	P1
P. pinaster 3	G	P2
P. pinaster 4	G	P2
P. pinaster 5	G	P2

Le analisi genetiche con marcatori nucleari sono state condotte utilizzando 4 coppie di primer precedentemente caratterizzati da Mariette *et al*. (2001) e González-Martínez *et al*. (2002).

Nel *P. pinaster* della popolazione di Pantelleria il locus PtTX4001 è risultato monomorfico. Gli altri tre loci hanno identificato nella popolazione un totale di 14 alleli (Fig. 63) con dimensioni comprese tra 104 pb e 171 pb. Il locus FRPP91 è il meno polimorfico con solo 3 varianti alleliche. In tale popolazione è stata calcolata una diversità (h_k) pari a 0,917 e una ricchezza allelica (P_b) di 3,286.

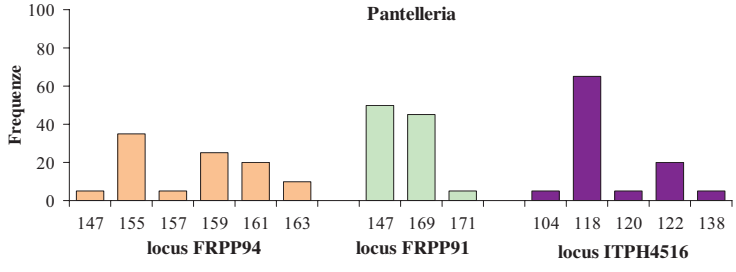


Fig. 63. Distribuzione delle frequenze (%) alleliche all'interno della popolazioni di *P. pinaster* di Pantelleria con tre loci microsatelliti.

4.14.3 - Pino laricio

Attraverso il sequenziamento della regione *trn*L-*trn*F (Tab. 55) sono stati identificati 4 aplotipi (Tab. 56, Fig. 62):

per una transizione C/T del sito 347 nell'introne ed transizione T/C del sito 537 nella regione intergenica ed una delezione del sito 610 nell'intergenica;

per una trasversione T/C del sito 347 nell'introne, una transizione T/C del sito 537 nell'intergenica e per una delezione del sito 610 nell'intergenica;

per una transizione C/T del sito 347 nell'introne ed una transizione C/T del sito 537 nell'intergenica ed una delezione del sito 610 nell'intergenica;

per una transizione C/T del sito 347 nell'introne ed una transizione C/T del sito 537 nell'intergenica ed un'inserzione del sito 610 nell'intergenica per un microsatellite $(T)_{12}$ (negli altri individui è di 11).

Tab. 55. Lunghezza della regione *trn*L-*trn*F.

Regione	Lunghezza (pb)
Introne *trn*L	458
Secondo esone *trn*L	50
Intergenica	393
***trn*L-*trn*F**	901

Il valore dell'indice di diversità (h_K = 0,9) risulta comparabile a quello ottenuto con i microsatelliti del cloroplasto da Afzal-Rafii e Dodd, (2007) per il pino nero, specie affine. In tale lavoro è stato dimostrato che le popolazioni di pino nero dell'Europa occidentale presentano una strutturazione geografica ben definita.

Più in particolare in base a differenze di frequenze aplotipiche plastidiali vengono individuate 6 regioni geografiche di cui 5 corrispondono a "cluster" ben definiti corrispondenti alle popolazioni del sud della Spagna, delle Alpi orientali (Italia e Slovenia), dei Pirenei, della Corsica e del sud Italia (Calabria – Sila e Sicilia – Etna), ed uno, meno ben definito costituito dalle popolazioni del sud della Francia. Questa suddivisione geografica dell'areale viene indicato come già presente durante l'ultima glaciazione del Quaternario (circa 15000 anni fa). La sequenza temporale della formazione dei "cluster" viene descritta come iniziata circa 150000 anni fa con la separazione tra le popolazioni delle Alpi e quelle delle altre regioni, mentre quella tra le popolazioni dei Pirenei e quelle del sud della Francia circa 30000 anni fa.

Tab. 56. Sito variabile e aplotipi identificati nei 5 individui di *P. laricio*.

Campione	Siti variabili* **356 431 770**	Aplotipo
P. laricio 1	CT-	N1
P. laricio 2	.. -	N1
P. laricio 3	T . -	N2
P. laricio 4	. C -	N3
P. laricio 5	. CT	N4

*Sito mutazionale.

Le indagini genetiche condotte con marcatori microsatelliti nucleari nella popolazione di *P. laricio* indicano che tutti e quattro i loci microsatelliti sono polimorfici con un totale di 22 varianti alleliche (Fig. 64). Questa popolazione presenta il più alto valore dell'indice di diversità (h_K = 1) e di quello di ricchezza allelica (P_b = 4) nell'ambito delle specie del genere *Pinus* esaminate. Elevata ricchezza allelica per questa specie è confermata anche nel lavoro condotto da González-Martínez *et al.* (2004a,b) per il locus PtTX4001.

Tali Autori riportano un valore dell'indice di ricchezza allelica pari a 6 per il *P. nigra,* mentre per le altre questo risulta essere pari a 1. Inoltre, il "range" di variazione allelica del microsatellite PtTX4001 è 199-209 pb e si discosta leggermente da quello riportato in bibliografia che è 202-217 pb (González-Martínez *et al.*, 2004a,b).

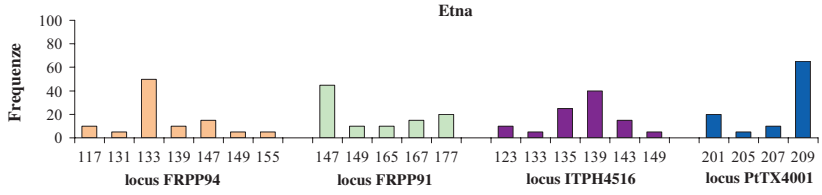


Fig. 64. Distribuzione delle frequenze (%) nella popolazioni di *P. laricio* dell'Etna con quattro loci microsatelliti.

4.14.4 - Pino d'Aleppo

Lo studio di sequenza della regione *trn*L-*trn*F (Tab. 57) ha consentito di evidenziare due aplotipi per una trasversione G/C del sito 476 nell'intergenica (Tab. 58 e Fig. 62).

Tab. 57. Lunghezza della regione *trn*L-*trn*F.

Regione	Lunghezza (pb)
Introne *trn*L	458
Secondo esone *trn*L	50
Intergenica	416
***trn*L-*trn*F**	924

Il valore dell'indice di diversità (h_K = 0,6) ottenuto per la popolazione della Pineta Vittoria risulta superiore rispetto a quello ottenuto, sempre con i marcatori del cloroplasto da Bucci *et al.* (1998) per le popolazioni italiane di Imperia (h_K = 0,311) e di Vico del Gargano (h_K = 0,422).

Tab. 58. Sito variabile e aplotipi identificati nei 5 individui di *P. halepensis*.

Campione	Sito variabile*	Aplotipo
	4	
	7	
	6	
P. halepensis 2	G	H1
P. halepensis 3	.	H1
P. halepensis 1	.	H1
P. halepensis 4	C	H2
P. halepensis 5	C	H2

* Sito mutazionale.

L'impiego di microsatelliti nucleari ha messo in evidenza che tre loci microsatelliti (FRPP91, ITPH4516 e PtTX4001) sono monomorfici. Il locus FRPP94 presenta tre varianti alleliche di 127 pb, 143 pb e 145 pb (Fig. 65). La diversità della popolazione e la ricchezza allelica sono pari a 0,389 e 0,833, rispettivamente. I valori così ridotti per questi due parametri sono dovuti alla presenza di tre loci monomorfici.

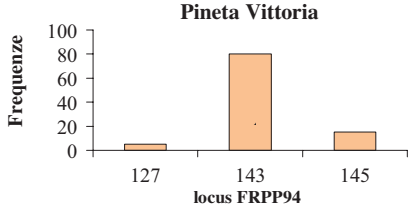


Fig. 65. Distribuzione delle frequenze (%) alleliche nella popolazioni di *P. halepensis* della Pineta Vittoria con un locus microsatelliti.

In generale le popolazioni di *P. pinaster* per i loci FRPP91, FRPP94 e IPTH4516 (Fig. 63) e quella di *P. halepensis* per il locus FRPP94 (Fig. 65) sono caratterizzate da un numero di varianti alleliche basso rispetto a quanto riportato per le due specie in bibliografia. Ad esempio, Chagné *et al.* (2004) riportano per il *P. pinaster* e *P. halepensis* un totale di 9 varianti alleliche per il locus FRPP91 e 8 per il locus FRPP94, mentre Gonzàles-Martìnez *et al.* (2002) per una popolazione di *P. pinaster* spagnola riportano 22, 8 e 13 varianti alleliche rispettivamente per i tre loci.

La più alta variabiltà genotipica è stata osservata nella popolazione di *P. laricio* (Fig. 66); la popolazione relitta di pino d'Aleppo di Vittoria presenta il 70% degli individui con lo stesso genotipo.

L'eterozigosità media osservata (H_O) per *P. pinaster* è risultata pari a 0,65, per *P. laricio* è 0,80, mentre per *P. halepensis* è risultata pari a 0,075. In un lavoro condotto da Keys *et al.* (2000) su popolazioni di *P. halepensis* i valori di H_O risultano maggiori di quella trovata nella popolazione della Pineta Vittoria.

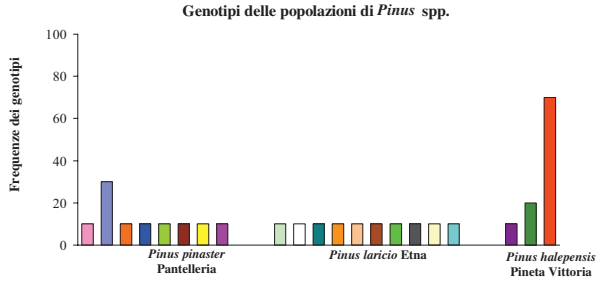


Fig. 66. Distribuzione delle frequenze (%) genotipiche nei boschi del genere *Pinus*. Ogni colore rappresenta un genotipo diverso.

Un'analisi globale dei locus studiati nelle tre specie evidenzia come il locus ITPH4516 presenta, in *P. pinaster*, un valore di eterozigosità osservata (pari a 0,6) simile a quello riportato da Mariette *et al.* (2001), mentre per i loci FRPP91 e FRPP94 i valori di questo indice sono prossimi all'unità (tra 0,68 e 0,57 i valori trovati da Mariette *et al.*, 2001). Anche in altri lavori l'eterozigosità osservata nei loci FRPP91 e FRPP94 in *P. pinaster* risulta più bassa (rispettivamente 0,85 e 0,80) (Chagné *et al.*, 2004) rispetto ai valori della popolazione di Pantelleria. Valori così elevati sarebbero una conferma che tale popolazione ha carattere di ancestralità così come era possibile intuire dai risultati ottenuti.

4.15 - Abete dei Nebrodi

La letteratura su questa specie, la cui presenza è oggi limitata ad alcuni valloni delle pendici del complesso montuoso delle Madonie, è assai ampia (Conte *et al.*, 2004).

Alcune ricerche sviluppate per accertare l'origine e la sistematica (Vicario *et al.*, 1995; Ducci *et al.*, 1999; Parducci e Szmidt, 1999; Parducci *et al.*, 2001a e b) e ricorrendo a marcatori molecolari impegnati su specie vicarianti presenti nel bacino Mediterraneo e nel Mar Nero, hanno evidenziato che l'*Abies nebrodensis* differisce dalle altre specie costituendo un taxa indipendente. *A. nebrodensis* ha mostrato inoltre il più basso livello di variabilità (0,846) (Parducci *et al.*, 2001a), e ciò ha portato ad ipotizzare un fenomeno di 'bottleneck' avvenuto negli ultimi due secoli in seguito ad una drastica riduzione della popolazione per azione antropica (Morandini *et al.*, 1994).

Anche in questo caso la popolazione di *A. nebrodensis* è stata studiata analizzando la sequenza delle regioni plastidiali (*trn*L-*trn*F) e nucleare (ITS).

L'analisi della regione *trn*L-*trn*F del cloroplasto (cpDNA) ha consentito di discriminare la specie di *A. nebrodensis* e costruire un dendrogramma utilizzando come "outgroup" individui di *A. alba* campionati nei boschi della Val Visdende (BL), delle foreste di Abetone – Pian di Novello (PT) e della Foresta di Laurenzana (PZ) (Fig. 67).

Tale regione presenta una lunghezza di 974 pb e 975 pb, rispettivamente, per l'abete bianco e per l'abete dei Nebrodi.

Nella popolazione è stato individuato un solo sito parsimoniosio per una trasversione C/A in posizione 962 nella regione intergenica. Sono stati identificati inoltre due siti variabili per due trasversioni C/A in posizione 49 e 962, rispettivamente nell'introne e nell'intergenica, la cui combinazione fornisce due aplotipi (Neb1 e Neb2). Il basso polimorfismo riscontrato conferma i risultati di studi precedenti condotti con altri marcatori del cloroplasto (Parducci e Szmidt, 1999; Parducci *et al.* 2001a).

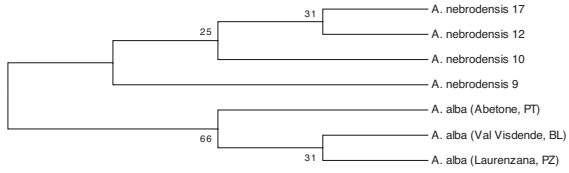


Fig. 67. Dendrogramma ottenuto utilizzando la distanza "Kimura 2-parameter" ed il metodo "Neighbor-Joining" della sequenza della regione *trn*L-*trn*F del cpDNA. Il numero sui rami dell'albero indica il valore di "bootstrap" ottenuto con 500 replicazioni (in %).

L'analisi della sequenza della regione nucleare ITS (Tab. 59) ha indicato che la popolazione relitta di *Abies nebrodensis*, costituita oggi da 30 individui, presenta una elevata omogeneità genetica per la regione ITS che risulta identica in tutti gli individui.

Tab. 59. Lunghezza della regione ITS.

Regione	Lunghezza (pb)
ITS1	225
5,8S rDNA	159
ITS2	207
ITS	591

Questo risultato è in accordo con quanto riportato in bibliografia. La popolazione ha un numero effettivo piccolo e si presenta isolata e tende all'omozigosi (Ducci *et al.,* 1999; Parducci *et al.,* 2001a,b).

4.16 - Tasso

La controversa filogenesi del genere *Taxus* è stata più volte affrontata attraverso l'analisi di sequenze specifiche del cloroplasto, del mitocondrio o del nucleo (Karpinska *et al.*, 1997; Lu *et al.*, 1998; Magini *et al.*, 1998; Bowe *et al.*, 2000; Cheng *et al.*, 2000; Gugerli *et al.*, 2001; Rydin *et al.*, 2002).

La variabilità genetica del *Taxus baccata* è stata fino ad oggi studiata per alcune popolazioni della Sardegna (Paffetti *et al.*, 1998) e della Svizzera (Hilfiker *et al.*, 2004) facendo ricorso a marcatori RAPD.

Le popolazione siciliane di *Taxus baccata*, studiate analizzando la sequenza di una regione plastidiale (*trn*L-*trn*F) e di una nucleare (ITS), sono riportate in Tab. 29.

L'allineamento multiplo della sequenza della regione *trn*L-*trn*F del cloroplasto (cpDNA) delle popolazioni siciliane, con quelle di altre specie del genere *Taxus* presenti in GenBank, ha permesso di individuare i siti parsimoniosi (Fig. 68) per *T. baccata* (presente in Europa, Nord Africa ed Asia Minore), *T. wallichiana* Zucc. (Cina) e *T. canadensis* Marsh. (Nord America orientale). Le relazioni tra le specie sono rappresentate dal dendrogramma della Fig. 69.

Transizione (N)	
Trasversione (V)	V
	1
	0
	7
T. baccata Sicilia	C
T. baccata AY013744	.
T. wallichiana var. *chinensis* AF501585	A
T. Canadensis AF506837	A

Fig. 68. Siti parsimoniosi della regione del cloroplasto *trn*L-*trn*F del *Taxus* spp.

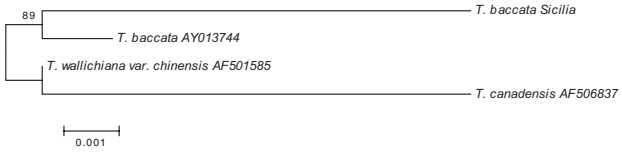


Fig. 69. Dendrogramma ottenuto utilizzando la distanza "Kimura 2-parameter" ed il metodo "Neighbor-Joining" della sequenza della regione *trn*L-*trn*F del cpDNA. Il numero sui rami dell'albero indica il valore di "bootstrap" ottenuto con 500 replicazioni (in %).

L'analisi di sequenza della stessa regione (Tab. 60) ha evidenziato che le popolazioni di tasso della Sicilia presentano un solo aplotipo, comunque diverso rispetto a quello della popolazione dell'Asia Minore presente in GenBank (Tab. 61).

Tab. 60. Lunghezza della regione *trn*L-*trn*F.

Regione	Lunghezza (pb)
Introne *trn*L	429
Secondo esone *trn*L	50
Intergenica	333
***trn*L-*trn*F**	812

Tab. 61. Sito variabile e aplotipi identificati in *T. baccata*.

Campione	Sito variabile* 335555 6351144 3301848	Aplotipo
T. baccata Sicilia	ATTCATT	Ba 1
T. baccata AY013744	GGGACGA	Ba 2

*Sito mutazionale.

Il sequenziamento della regione nucleare ITS (Tab. 62) ha indicato che nelle regioni ITS1 ed ITS2 sono stati trovati, rispettivamente, 7 e 1 siti variabili la cui combinazione fornisce 8 varianti alleliche (Fig. 70).

Tab. 62. Lunghezza della regione ITS.

Regione	Lunghezza (pb)
ITS1	742
5,8S rDNA	162
ITS2	224
ITS	1128

```
Transizione (N)          N
Trasversione (V)      VV VVVVV
                             1
                      11112231
                      01260035
                      33811254
Variante allelica T1  CCGGGGCG
Variante allelica T2  .G......
Variante allelica T3  ....C...
Variante allelica T4  GG......
Variante allelica T5  .......C
Variante allelica T6  ..A.....
Variante allelica T7  ..AC.C..
Variante allelica T8  ......G.
```

Fig. 70. Siti variabili delle regioni ITS1 ed ITS2 di *Taxus baccata*.

Il "network" delle relazioni tra le varianti alleliche riportato in Fig. 73 indica che la variante allelica T1 è quella più ancestrale da cui si sono originate le altre per eventi mutazionali successivi.

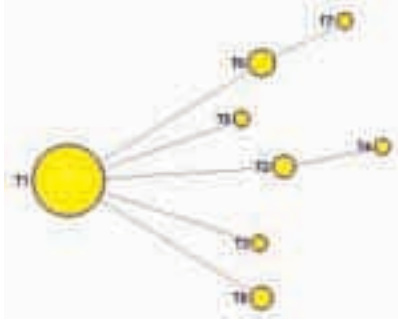


Fig. 71. "Network" delle varianti alleliche. Ogni variante allelica è rappresentata da un cerchio la cui dimensione è proporzionale alla sua frequenza.

La frequenza delle varianti alleliche per ogni popolazione è riportata in Fig. 72. La popolazione di Tassita è caratterizzata dagli alleli T2, T3, T4 e T5, quella di Mangalaviti del solo allele T7 e quella di Biviere dall'allele T8.

La variante allelica T1 è presente in tutte e tre le popolazioni con frequenza compresa tra 40% - 80% mentre la variante allelica T6 solo nelle popolazioni di Tassita e Mangalaviti, rispettivamente, con una frequenza del 10% e del 20%.

La popolazione di Tassita presenta un valore di diversità (h_k = 0,844) e di ricchezza allelica (P_b = 2,754) più grande rispetto alla popolazione di Mangalaviti (h_k = 0,511; P_b = 1,278) ed a quella di Biviere di Cesrò (h_k = 0,356; P_b = 0,778).

In generale, il valore di F_{st} (0,0598) indica una bassa differenzazione genetica tra le popolazioni.

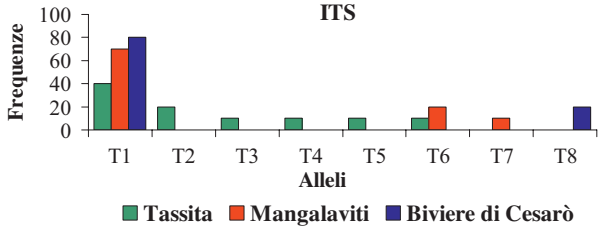


Fig. 72. Distribuzione delle frequenze (%) alleliche all'interno delle popolazioni di *T. baccata*.

5. Sintesi genetica delle specie forestali siciliane

5.1 - Faggio

In Sicilia i boschi di faggio sono ubicati in tre nuclei ben distinti anche sotto l'aspetto stazionale (Madonie, Nebrodi, Etna). Questo fatto certamente ha avuto ed ha svolto un ruolo non indifferente nella loro strutturazione genetica.

Il lavoro, condotto con marcatori microsatelliti nucleari (nSSR) nello studio della variabilità genetica, ha rivelato una differenzazione tra le popolazioni pari al 7% che è comunque un valore elevato nel caso di impiego di questo tipo di marcatori.

La popolazione Faggeta Pirao dell'Etna risulta la meno variabile presentando bassa ricchezza allelica ed elevata omozigosità (Tab. 63). La popolazione deve avere la priorità nei programmi di conservazione anche perché rappresenta un relitto della popolazione ancestrale presente durante l'ultima glaciazione.

Tab. 63. Valori di diversità genetica media (D) ed eterozigosità osservata (H_o) nelle popolazioni di *F. sylvatica* in Sicilia.

Specie	Popolazione	D	H_o
F. sylvatica	Monte Soro	0,875	0,725
	Bosco Savoca	0,892	0,805
	Faggeta Pirao	0,760	0,533
	Media	**0,842**	**0,688**

5.2 - Querce

Nella Regione Sicilia il genere *Quercus* è rappresentato da sei specie (*Q. petraea, Q. pubescens, Q. cerris, Q. suber, Q. ilex, Q. calliprinos*) diffuse in varie aree, occupando superfici diversificate in

relazione soprattutto alle caratteristiche ambientali e di destinazione d'uso del territorio da parte dell'attività antropica.

L'analisi genetica ha evidenziato, attraverso l'impiego di marcatori nucleari, un'ampia variabilità tra le forme alleliche entro gli individui (Tab. 64).

Tab. 64. Componenti dell'AMOVA ed indici statistici di differenziazione per le specie del genere *Quercus* in Sicilia.

Specie	Diversità tra popolazioni (%)	Diversità tra individui all'interno delle popolazioni (%)	Diversità entro gli individui (%)	F_{st}	F_{is}
Quercus pubescens	1,00	2,00	97,00	0,007	0,017
Quercus cerris	3,95	0,05	96,00	0,040	0,001
Quercus suber	3,00	4,00	93,00	0,030	0,037
Quercus ilex	1,99	0,01	98,00	0,020	-0,010
Quercus calliprinos	5,00	16,00	79,00	0,053	0,165

In generale, a un'alta variabilità entro gli individui non si associa un'altrettanta alta differenzazione fra le popolazioni sia a livello di marcatori nucleari che plastidiali, per cui a livello di specie è inviduabile una marcata omogeneità di natura genetica. Tuttavia di interesse sono le popolazioni di Caronia per *Q. suber*, di Piano Pomo per *Q. pubescens* e di Malabotta per *Q. cerris* in quanto presentano valori di diversità genetica e di eterozigosità superiori al valore medio della specie (Tab. 65).

In particolare, il sequenziamento della regione *trn*L-*trn*F del cloroplasto ha messo in evidenza che le popolazioni siciliane di quercia spinosa presenti nella Valle Ippari (RG), in Gorghi Tondi (TP) e sul monte Catalfano (PA) sono ascrivibili tutte alla *Q. calliprinos*. Ad eccezione della popolazioni di leccio, che presentano un eccesso di eterozigosità, le altre evidenziano un alto valore dell'indice F_{is} indicando un elevato tasso di omozigosità ovvero di individui relati da una elevata consanguineità (Tab. 64).

In *Q. cerris* le popolazioni sono risultate in equilibrio secondo Hardy e Weinberg il che aumenta l'interesse per questa specie in Sicilia e quindi per la sua conservazione.

Tab. 65. Valori di diversità genetica media (D) ed eterozigosità osservata (H_o) nelle popolazioni di *Quercus* spp. in Sicilia.

Specie	Popolazione	D	H_O
Q. pubescens	Piano Pomo	0,815	0,750
	Ficuzza	0,748	0,550
	Malabotta	0,740	0,695
	Frassino	0,684	0,675
	Media	**0,747**	**0,666**

Q. cerris	Malabotta	0,743	0,750
	Mangalaviti	0,576	0,550
	Cerrita	0,590	0,600
	Media	**0,636**	**0,633**
Q. suber	Ficuzza	0,388	0,425
	San Pietro	0,491	0,329
	Caronia	0,514	0,729
	Collesano	0,336	0,433
	Nicosia	0,495	0,155
	Calatafimi	0,506	0,687
	Bosco Pisano	0,446	0,431
	Media	**0,454**	**0,506**
Q. ilex	Zirbetto	0,568	0,575
	Piano Pomo	0,492	0,475
	Etna	0,500	0,500
	Media	**0,520**	**0,517**
Q. calliprinos	Valle Ippari	0,647	0,424
	Gorghi Tondi	0,690	0,556
	Monte Catalfano	0,574	0,583
	Media	**0,637**	**0,521**

5.3 - Orniello

L'orniello non è specie socievole ed è presente con piante singole o riunite in piccoli gruppi variamente distribuiti in quasi tutto il territorio siciliano.

Sotto gli aspetti genetici le popolazioni dello Zingaro e di Piano Pomo presentano valori di fatto comparabili di diversità e ricchezza allelica (Tab. 66). Essendo in riserve e/o parchi, rappresentano serbatoi genetici di conservazione.

Tab. 66. Valori di diversità genetica media (D) e ricchezza allelica (P_b) nelle popolazioni di *F. ornus* in Sicilia.

Specie	**Popolazione**	**ITS**	
		h_k	**P_b**
F. ornus	Piano Pomo	0,889	2,972
	Zingaro	0,844	2,611

5.4 - Platano

Le popolazioni di *P. orientalis* in Sicilia, spesso in formazioni riparie con *Alnus* spp., rappresentano il limite occidentale dell'areale di vegetazione naturale di questa specie.

Le analisi genetiche hanno messo in evidenza che la popolazione della Valle dell'Anapo è estremamente più ricca di variabilità (Tab. 67), il che ne fa aumentare l'interesse ai fini della conservazione.

Tab. 67. Valori di diversità genetica media (D) e ricchezza allelica (P_b) nelle popolazioni di *P. orientalis* in Sicilia.

Specie	Popolazione	ITS	
		h_k	P_b
P. orientalis	Valle Irminio	0,711	1,730
	Valle Anapo	0,956	3,556

5.5 - Agrifoglio

L'agrifoglio si associa spesso ai boschi di faggio (roverella) anche se la sua presenza ed il suo dinamismo sono legati anche alle attività pastorali.

La popolazione di Biviere presenta la maggior variabilità tra quelle studiate (Tab. 68).

Tab. 68. Valori di diversità genetica media (D) e ricchezza allelica (P_b) nelle popolazioni di *I. aquifolium* in Sicilia.

Specie	Popolazione	ITS	
		h_k	P_b
I. aquifolium	Biviere	0,822	2,532
	Piano Pomo	0,689	1,690

5.6 - Betulla

Limitata alle aree vegetazionali di quota presenti sull'Etna, rappresenta certamente una rarità e relitto endemico.

Le indagini genetiche hanno messo in evidenza che le popolazioni saggiate presentano valori bassi di diversità e ricchezza allelica (Tab. 69) rispetto a quanto presente in bibliografia per latifoglie e conifere. Ciò fa supporre fenomeni di deriva genetica che hanno portato ad una forte consanguineità tra gli individui.

Tab. 69. Valori di diversità genetica media (D) e ricchezza allelica (P_b) nelle popolazioni di *B. aetnensis* in Sicilia.

Specie	Popolazione	ITS	
		h_k	P_b
B. aetnensis	Rifugio Citelli	0,000	0,000
	Mandria Vecchia	0,556	0,075

5.7 - Zelkova

E' stata utilizzata per la prima volta la regione nucleare ITS nello studio della variabilità genetica. Nonostante l'impiego di un marcatore nucleare differente da quelli utilizzati in precedenti studi, si conferma la bassa variabilità all'interno della popolazione.

5.8 - Boschi del genere Pinus

Il genere *Pinus* vede presenti nel territorio siciliano tre specie di *P. laricio*, *P. pinaster* e *P. halepensis*.

Le indagini genetiche, attraverso il sequenziameno della regione *trn*L-*trn*F del cloroplasto, hanno suddiviso le specie di *P. pinaster*, *P. laricio* e *P. halepensis*. E' stato messo in evidenza che le specie *P. pinaster* e *P. laricio* mostrano valori più alti di diversità genetica e di ricchezza allelica, rispetto a *P. halepensis* che si distingue per la presenza di un solo locus polimorfico (FRPP94) con solo 3 varianti alleliche (diversità e ricchezza allelica molto bassi) (Tab. 70).

Tab. 70. Valori di diversità genetica media (D), ricchezza allelica (P_b) ed eterozigosità osservata (H_o) nelle popolazioni di *Pinus* spp. in Sicilia.

Specie	Popolazione	SSR		
		h_k	P_b	H_o
P. halepensis	Pineta Vittoria	0,389	3,830	0,075
P. pinaster	Pantelleria	0,017	3,286	0,650
P. laricio	Etna	1,000	4,000	0,800

La pineta di pino d'Aleppo di Vittoria è la popolazione più meridionale dell'areale italiano. Benché in area protetta, la pineta è sotto forte minaccia di erosione (trasformazione in uso agricolo) e/o di estinzione (incendi). La popolazione di *P. pinaster* dell'isola di Pantelleria presenta omogeneità genetica che in parte potrebbe essere attribuita alla scarsità di 'gene-flow' nonché ad un certo effetto di deriva genetica. Essa costituisce una popolazione relitta ancestrale facente riferimento principale all'area geneticamente omogenea dell'Africa settentrionale (Bucci *et al.*, 2007).

In considerazione della storia geologica dell'isola e dei risultati delle recenti indagini, non si possono escludere del tutto i dubbi circa l'indigenato. In altri termini non si può escludere, a priori, una relazione tra presenza ed introduzione da parte dell'uomo (colonizzazione, traffici marittimi, necessità di disporre in loco di materiale legnoso per gli arsenali navali, ecc.).

Le piante di pino marittimo di Pantelleria rischiano l'estinzione per pericolo d'incendio.

Anche il pino laricio sull'Etna rappresenta un relitto di alto valore storico vegetazionale. E' una popolazione relativamente ampia assai vicina alle popolazioni di pino laricio di Calabria. La popolazione dell'Etna si è "conservata" fino all'epoca attuale per l'azione svolta dall'attività antropica (pascolo, utilizzazioni) e dall'azione degli incendi (uomo, eruzioni naturali dell'Etna) che hanno controllato la diffusione sotto copertura del pino di specie tipiche di fasi successionali più evolute come il faggio e le specie quercine caducifoglie (roverella, cerro).

5.9 - Abete dei Nebrodi

L'*Abies nebrodensis* è una piccola popolazione relitta ed isolata nel complesso delle Madonie (Palermo) che rappresenta alto motivo di rarità e di interesse.

Le indagini genetiche hanno confermato la tendenza, a livello di popolazione, di un aumento dell'omozigosità. Il risultato più interessante riguarda il fatto che, attraverso marcatori del cloroplasto, è stata evidenziata una forte divergenza di questa popolazione con quelle delle altre specie del genere *Abies* autoctone del Mar Mediterraneo e del Mar Nero per cui si può confermare come l'*Abies nebrodensis* sia una specie a se stante.

5.10 - Tasso

Taxus baccata è specie relitta ed ancestrale, presente in quasi tutti i paesi europei ed asiatici.

Le indagini genetiche hanno messo in evidenza che la popolazione di Tassita presenta valori di diversità e ricchezza allelica più ampi rispetto a quelle di Mangalaviti e di Biviere (Tab. 71). In particolare, la popolazione di Tassita, presentando la maggior parte delle varianti alleliche ed il più alto valore di eterozigosità, potrebbe essere tenuta in considerazione come bosco da seme della specie in Sicilia.

Tab. 71. Valori di diversità genetica media (D) e ricchezza allelica (P_b) nelle popolazioni di *T. baccata* in Sicilia.

Specie	Popolazione	ITS	
		h_k	P_b
T. baccata	Tassita	0,844	2,754
	Mangalaviti	0,511	1,278
	Biviere	0,356	0,778

6. La gestione delle risorse genetiche

L'impatto dell'attività antropica ha avuto ed ha un ruolo notevole nei cambiamenti ambientali, nelle modifiche ai cicli bio-geo-ecologici, nelle trasformazioni degli ecosistemi naturali e nella mobiltà di specie da un continente all'altro. Viene stimato che dal 40 al 50% della superficie terrestre libera da ghiacciai, abbia subito manomissioni trasformando foreste, praterie e territori di pianura in sistemi agricoli ed urbanizzati (Chapin III *et al.,* 2000).

Tutto ciò ha portato a situazioni instabili e quindi maggiormente minacciate da fattori che possono esplicarsi attraverso azioni dirette ed indirette. Nei confronti degli ecosistemi si può trarre una conclusione che indica come questi siano coinvolti in una profonda alterazione nella diversità biologica.

Ciò è facile da verificare anche attraverso un'analisi molto superficiale: osservando il paesaggio a noi più familiare e paragonandolo, nell'immaginario, a quello che poteva essere cinquemila anni fa.

Nell'ambiente dominato dall'uomo molte specie sono state eliminate e/o sostituite, ovvero i tipi nativi hanno dovuto competere e/o ridursi per far posto a tipi di più ampio interesse antropico di cui alcuni originari di continenti anche molto lontani (mais, patata, pomodoro, riso, teck, caffè, eucalitti, ecc.).

D'altra parte l'aumento progressivo della popolazione costringeva a sviluppare civiltà che in primo luogo hanno sempre avuto il principale obiettivo nell'assicurare la sopravvivenza di sé stessa. L'uomo doveva impegnarsi per assicurarsi, con i mezzi a disposizione, la massima resa dei prodotti alimentari e delle risorse energetiche.

Da un punto di vista generale è possibile pensare che l'estinzione rappresenti sicuramente un processo naturale con cadenze e scadenze funzionali a dimensione ambientale. L'azione dell'uomo più dirompente è stata quella di modificare la rapidità dell'azione di estinzione. Questa viene stimata, nei confronti della maggior parte degli organismi viventi, essere tra 100 e 1000 volte più rapida di quella valutata nella naturalità ecosistemica preistorica (Braine *et al.*, 2000).

Si ricorda che la diversità a tutti i livelli di organizzazione si origina dalla diversità genetica entro le popolazioni per pervenire alle diversità degli ecosistemi a livello di paesaggio. La diversità si riflette sulla funzionalità in quanto il numero ed i tipi di specie presenti determinano le caratteristiche strutturali che influenzano i processi a livello di ecosistema.

Sotto certi aspetti questa diversità agisce attraverso un'azione regolatrice nei confronti dei flussi energetici e dei cicli di materiali. In questo modo con un effetto tampone controlla, almeno in parte, l'azione dei fattori abiotici che regolano la quantità e l'intensità dei processi.

Le componenti della diversità specifica che concorrono all'espressione delle caratteristiche strutturali riguardano: la ricchezza delle specie (numero delle specie presenti) e la loro abbondanza relativa, l'interazione non additiva tra le specie e la variazione tempo/spazio di queste caratteristiche che a livello di bioma seguono le fasi successionali di sviluppo e dinamismo in relazione alla tipicizzazione stazionale. Questa strutturazione così complessa è molto importante perché si riflette, in modo diretto, nei confronti della resistenza e resilienza degli ecosistemi ai cambiamenti ambientali. E' vero d'altra parte che non è stata ancora dimostrata come universale la relazione positiva tra la ricchezza (numero) di specie e la funzionalità degli ecosistemi. Questo perché il risultato finale del processo può essere più condizionato da caratteristiche come la uniformità o la composizione di specie che non dalla sola ricchezza di queste. E' possibile immaginarsi la presenza, in particolari specie, di caratteristiche differenziali nel mediare e regolare i flussi energetici come nel condizionare, almeno in parte, gli effetti delle caratteristiche stazionali (fattori abiotici) che regolano l'intensità dell'azione del processo. Così resta la convinzione dell'importanza delle condizioni ambientali nel regolare la produttività dei biomi vegetali che certamente è elevata e per alcuni ricercatori molto più efficace della diversità di specie (Huston *et al.*, 2000).

E' comunque di grande interesse comprendere il significato profondo della biodiversità che a livello planetario caratterizza in modo diversificato situazioni ad alta variazione biologica, come le foreste umide tropicali, ma anche situazioni quasi prive di vita come i deserti nonchè tutte le altre situazioni comprese fra questi due estremi.

Tra l'altro questo interesse riguarda, oggi, non solo un'ampliamento delle conoscenze sulla situazione attuale, ma pone anche un interrogativo su quale sarà il futuro della biodiversità stessa.

Predire nel modo più appropriato la risposta ai cambiamenti

globali (che spesso coinvolgono l'attività antropica), ha significato strategico nella ricerca e nell'identificazione di approcci efficaci per una gestione di conservazione *in situ* degli ecosistemi e per un loro uso sostenibile (Gaston, 2000).

6.1 - Strategie di conservazione delle risorse genetiche forestali

L'obbiettivo di conservare le risorse genetiche in seno agli ecosistemi forestali è stato ormai percepito come fondamentale in base anche a considerazioni di tipo etico ed utilitaristico (tutela delle potenzialità future di erogare beni e/o servizi). Non di meno lo sviluppo di strategie operative in tal senso può risultare complesso, lungo e costoso. Numerose sono infatti le specie legnose (di elevata importanza nella edificazione degli ecosistemi e come produttrici di biomassa) per le quali è possibile definire una situazione di fragilità con possibilità di erosione genetica a causa dell'eccessiva utilizzazione o della sostituzione (estinzione), riduzione e/o frammentazione degli areali (Koshy *et al.*, 2002).

In linea generale occorre perciò stabilire delle priorità nelle popolazioni o specie e/o ecosistemi per le quali si ritiene necessario, opportuno e possibile tecnicamente impostare strategie di conservazione. Nel caso che l'interesse sia collegato ad una singola specie risulterebbe possibile almeno a livello teorico tenere in considerazione l'intera distribuzione geografica della specie o la sua strutturazione spaziale in ecotipi, in metapopolazioni ed altre entità sottospecifiche. Raramente risulta però realizzabile l'impostazione di strategie di così ampio raggio. La tendenza generale è quella della conservazione di popolazioni con adattamento locale che non necessariamente rappresentano l'intera variabilità genetica delle specie.

Da quanto detto risulta evidente l'importanza dell'aspetto conoscitivo e scientifico nell'impostazione di strategie di salvaguardia delle risorse genetiche. In effetti dati concernenti il livello e la distribuzione della variabilità genetica nonché le caratteristiche biologiche riproduttive, permettono di decidere quale strategia impostare ed il suo livello di intensità od estensione. A livello preliminare è anche fondamentale effettuare un'attenta analisi delle minacce a cui sono assoggettate le specie in esame; tali azioni possono essere di totale sostituzione degli ecosistemi forestali a beneficio di altre attività antropiche (agricoltura, urbanizzazione, ecc.) o nel caso di formazioni di interesse economico di eccessivo od irrazionale sfruttamento.

La salvaguardia delle risorse genetiche può essere impostata a differenti livelli; in effetti l'attenzione può essere rivolta alla conser-

vazione di interi ecosistemi (e delle interazioni che si stabiliscono in essi), tollerando al limite la perdita o l'erosione genetica di una o di alcune delle specie che li compongono, come è possibile impostare programmi miranti alla conservazione di una specie indipendentemente dalla strutturazione di questa in zone ecogeografiche con possibile perdita di popolazioni con adattamenti peculiari. Ad un ultimo livello di analisi la conservazione può essere intesa come salvaguardia di singoli alleli in popolazioni particolari.

Risulta molto importante anche stabilire, per la pianificazione delle strategie attuative, se la priorità sia la conservazione di genotipi presenti (strategie di conservazione statica) o se si ritenga importante salvaguardare anche i processi evolutivi in atto nelle popolazioni naturali. E' infatti noto che i processi evolutivi tendono a cambiare la frequenza degli alleli all'interno delle popolazioni (a meno della presenza di modelli di evoluzione stabilizzante) con il graduale cambiamento della composizione genotipica; questi processi tendono ad essere più tangibili se le popolazioni sono piccole (elevata consanguineità con diminuzione della eterozigosi), con al limite la perdita di alleli (deriva genetica) se la gestione forestale è intensa (prelievo sistematico dei migliori genotipi, metodi di rigenerazione artificiale, ecc.).

Nel caso che l'interesse non sia solo la conservazione delle frequenze alleliche attuali, ma anche dei processi di adattamento (anche a lungo termine) senza perdita della fitness delle popolazioni, è possibile optare per strategie di conservazione definite *evolutionary conservation strategies* che possono essere anche attuate in boschi gestiti a fini produttivi (Eriksson *et al.*, 1993).

In linea generale le strategie di conservazione statica (*ex situ*) prevedono la conservazione di genotipi in archivi clonali mantenuti per propagazione vegetativa (innesto, talea, coltura *in vitro*) che in genere prevedono un elevato intervento umano oltre al rischio che la continua propagazione vegetativa porti a mutazioni del materiale conservato (mutazioni somaclonali) (Fourrè *et al.*, 1997). Alternativamente, la conservazione delle frequenze genotipiche attuali può essere attuata attraverso la raccolta e la conservazione del seme. Come è ben noto però non tutte le specie producono seme con germinabilità elevata e soprattutto con alta conservazione; in ogni caso è necessario prevedere il prelievo di nuovo seme per la realizzazione di arboreti da seme per i quali rappresenteranno serbatoi di conservazione e produzione di seme nel tempo.

Le strategie di conservazione che tendono a salvaguardare anche i processi evolutivi sono applicabili in particolare in aree protette all'interno di ecosistemi naturali dove i processi competitivi con le altre specie e con l'ambiente tendono a conservare la fitness della

specie attraverso la selezione naturale. E' altresì da rilevare che strategie simili sono impostabili anche all'interno di soprassuoli attivamente gestiti se si applicano modelli selvicolturali appropriati (ad esempio tagli successivi in una faggeta come riportato da Raddi e Giannini (1995) ed al limite in soprassuoli artificiali se opportunamente disegnati a tale scopo (*evolutionary conservation under use*) (Boffa, 2000). Si sottolinea anche che l'erogazione di beni e servizi dalle foreste non è necessariamente incompatibile con la salvaguardia delle risorse genetiche. Se è infatti pensabile stabilire una rete di riserve dove, l'attività umana sia nulla (più probabilmente limitata ad interventi stabilizzanti in soprassuoli spesso alterati), è anche possibile impostare un uso sostenibile con il molteplice scopo di permettere la fruibilità del bene (con ricadute positive sulla accettazione da parte dei proprietari e delle comunità locali), la regolazione di dinamiche alterate dal passato, utilizzo delle risorse e la salvaguardia dei livelli di diversità genetica e dei processi evolutivi. In alcuni casi un elevato interesse economico per una specie può favorirne la conservazione attraverso la piantagione.

Le strategie di conservazione sono state schematicamente suddivise in strategie *in situ* nel caso in cui l'attenzione sia dedicata alla salvaguardia di specie nel loro contesto naturale (anche se attivamente gestito), ed in strategie *ex situ* nel caso in cui il germoplasma (seme, propaguli vegetativi) sia prelevato dai soprassuoli e successivamente conservato in strutture specializzate (in genere in piantagioni o banche del seme).

Nel caso di specie non domesticate, caso comune nelle specie forestali, la conservazione *in situ* risulta spesso l'unica attuabile (James, 1999). Nel caso di specie con elevata variabilità (e vasti areali con conseguente possibilità di avere adattamenti locali), risulta infatti difficoltoso campionare tutta la diversità esistente tale da impedire effetti di "inbreeding" o perdita di alleli utili a livello adattativo nelle popolazioni ricostituite dal materiale conservato *ex situ*. A questo proposito si deve anche rilevare che a causa dei tempi e dei costi delle indagini genetiche, solo per poche specie (circa un centinaio) sono disponibili informazioni puntuali sui livelli della diversità genetica intrapopolazione e sulla presenza di popolazioni geneticamente differenziate. La lacuna di tali informazioni rende difficile l'impostazione di strategie di conservazione *ex situ* efficienti. Tale difficoltà è percepibile soprattutto nel caso in cui alle tecniche molecolari con marcatori neutrali si vogliano affiancare informazioni concernenti caratteri quantitativi come la resistenza e l'adattamento a stimoli biotici ed abiotici o caratteristiche di "performance" produttiva od ereditabilità dei caratteri utili (test di provenienza e di progenie) (Brown e Kresovich, 1996; Karp, 2000).

La conservazione *in situ* in genere risulta una strategia appropriata anche nel caso in cui l'interesse alla conservazione delle risorse coinvolga gli ecosistemi e le interazioni tra le specie oltre che le singole specie che li compongono e nel caso in cui la strategia comprenda la tutela dei fenomeni evolutivi. In linea teorica l'organizzazione di una rete di soprassuoli di conservazione presupporrebbe una approfondita conoscenza delle caratteristiche genetiche della specie in esame.

Ruolo non indifferente viene attribuito alla "Old growth forest" (Giannini *et al.*, 1998; 2003; Giannini e Susmel, 2006) ovvero le così dette foreste vetuste (Marchetti e Lombardi, 2006), che devono essere considerate come vere e proprie riserve di diversità genetica e di "fitness" riproduttiva. Tra l'altro in momenti come quello attuale in cui le foreste sono soggette a cambiamenti climatici e pressioni d'uso, le piante più vecchie possono svolgere una funzione di valore nel mantenere il potenziale adattativo degli alberi forestali (Mosseler *et al.,* 2003).

6.2 - Le aree di omogeneità ecologica e genetica

La stima della variabilità genetica a livello di specie e la valutazione della sua distribuzione nell'interno delle entità sottospecifiche (popolazioni), forniscono indicazioni indispensabili per la conservazione e la salvaguardia del germoplasma nonchè per la scelta dei popolamenti più adatti per fornire il materiale di base da impiegarsi negli interventi di rimboschimento e di ripristino ambientale.

Per quanto riguarda questo secondo punto, almeno in un primo momento, viene ricercata, per l'utilizzo, la differenziazione di natura biologica che caratterizza le singole popolazioni in relazione alla loro storia evolutiva e alle condizioni stazionali in cui oggi sono presenti.

E' accertata, almeno sotto l'aspetto pratico-applicativo, l'assunzione che la variazione genetica intraspecifica sia dovuta all'adattamento ambientale anche a livello locale e che quindi questa venga a strutturarsi nello spazio. E' possibile perciò individuare e definire regioni a più o meno ampia omogeneità genetica ("breeding zones") che possono di per sé fornire indicazioni sui margini di spostamento del materiale di propagazione entro i quali non dovrebbero manifestarsi fenomeni di inquinamento genetico o di riduzione della fitness nell'adattamento delle popolazioni (questo potrebbe essere esaltato nel caso di ecotipi altamente specializzati). In effetti a causa della mancanza delle informazioni di natura genetica, nel passato,

venivano individuate le "tree-seed zones[9]" sulla base di dati ambientali ovvero sui soli dati climatici (questi ultimi più facilmente disponibili rispetto a quelli relativi alle caratteristiche pedologiche).

I fattori e le interazioni che hanno determinato la strutturazione genetica differenziale a livello di specie possono essere diversi e differente può essere la loro modalità di azione per cui non è possibile considerare comunque e sempre una relazione diretta positiva tra localizzazione di una popolazione e massima adattabilità di questa alle condizioni di stazione, ovvero prevedere che una popolazione, perché presente, sia di fatto la più adatta geneticamente. L'amplissima letteratura esistente che riferisce a livello mondiale dei risultati delle prove di provenienza (selezione razziale) indica con chiarezza la possibilità di misurare la superiorità di comportamento di particolari "gene pool" in specifiche stazioni (alto tasso di specializzazione) e di riscontrare per altri particolari "gene pool", una superiorità diffusa in tutti gli ambienti (razze nobili). La selezione razziale in questo trova il suo primo obiettivo, che consiste nell'individuare ed utilizzare la più alta capacità di adattamento associandola alla superiorità fenotipica di caratteri morfologici perché di interesse per il settore forestale.

Sotto l'aspetto selvicolturale questi fatti indicano che la programmazione degli interventi di rimboschimento, in mancanza di indicazioni puntuali, in primo luogo deve considerare la provenienza del seme (o altro materiale di propagazione) e che gli spostamenti dei "gene pool" (semi e piantine) devono essere limitati e rispettosi di un'analogia ecologico-stazionale (Goor e Barney, 1968; Kaul, 1970; Magini, 1979).

Attraverso l'analisi genetico-strutturale della specie e/o delle entità sottospecifiche, è possibile conoscere come la variabilità genetica si organizza a livello spaziale e quindi definire sul territorio la sua omogeneità o la sua differenziazione. Si può così pervenire all'individuazione di centri di ricchezza genetica intraspecifica a livello di distribuzione geografica, ovvero all'identificazione di aree omogenee di conservazione genetica i cui "gene pool" saranno da utilizzare come popolazioni di base per il miglioramento e l'impiego ("tree seed zones" *vs* "gene zones") (Westfall e Conkle, 1992; Hamann *et al.*, 2000)[10].

---

[9] Il termine di fatto esclude qualsiasi riferimento di natura genetica, ma sottintende una stretta associazione di omogeneità tra caratteristiche ecologiche e genetiche.

[10] Per quanto riguarda l'omogeneità genetica ("gene-zones") questa viene espressa dal valore degli indici genetici calcolati con procedure statistiche che

Nello stesso tempo un'analisi puntuale delle caratteristiche stazionali in cui la specie e le sue eventuali entità sottospecifiche sono presenti, indicano (perché sono soddisfatte le proprie esigenze auto-ecologiche) la differenziazione e/o la omogeneità di natura ecologica.

E' vero comunque che mentre una caratterizzazione genetica a maglie molto strette può avere una validità nel fornire indicazioni sulla trasferibilità di singoli "gene pool" la stessa validità non sempre può essere attribuita alla sola caratterizzazione del territorio sotto l'aspetto eco-stazionale.

In sintesi, una gestione corretta degli ecosistemi forestali finalizzata ad attività di conservazione e miglioramento genetico dovrebbe fare riferimento:

- ad interventi più vicini possibili ad una selvicoltura naturalistica;
- alle informazioni di natura genecologica (Langlet, 1971) a livello di specie per la loro protezione ed il loro più efficace impiego.

All'interno di zone ecologicamente o geneticamente omogenee risulterà necessario individuare più popolazioni da utilizzare come zone di salvaguardia delle risorse genetiche in maniera da limitare ulteriormente gli eventuali errori di campionamento della diversità genetica. Parametro importante è il numero di individui da conservare per evitare fenomeni di "inbreeding". A questo proposito un numero di 150-500 individui effettivi (ossia riproduttivamente attivi) viene ritenuto in genere adeguato. Si sottolinea che tale parametro

---

utilizzano frequenze alleliche dedotte dall'impiego di differenti marcatori neutrali molecolari non disponendo in questo momento per gli alberi forestali informazioni circa la genomica funzionale. Il ricorso ad ulteriori procedure di calcolo statistico (interpolazione spaziale delle frequenze aplotipiche, validazione, analisi delle componenti principali per l'identificazione dei "gene pool", "cluster analysis") consente di delineare mappe di diversità allelica ovvero la definizione e la caratterizzazione delle "gene-zones". In particolare, se si considera la frequenza allelica come variabile regionalizzata il cui valore è dipendente dalla posizione geografica della località di prelievo di seme, si può assumere che la variazione spaziale dipenda da tre componenti: i) una componente strutturale associata ad un valore medio costante, ii) una componente casuale correlata con lo spazio (distanza), iii) una componente casuale dovuta ad un errore sperimentale (Burrough, 1986).

Sulla base di queste assunzioni è stato sviluppato da Krige (Clark, 1979; Matheron, 1971) un metodo di interpolazione massima che consente di pervenire alla migliore stima imparziale di linearità di una variabile ad un dato punto. Il metodo indicato come "Kriging" ha avuto numerose applicazioni quali la mappatura vegetazionale, nonché la genetica vegetale ed umana (Piazza *et al.*, 1981).

è fortemente influenzato dalle caratteristiche di biologia riproduttiva della specie in esame (ad esempio il tasso di autoincrocio) e della sua densità nell'ecosistema con importanti conseguenze sulle superfici minime delle zone di conservazione e sulla loro dispersione sul territorio.

Si deve notare però che l'individuazione di aree specifiche a tutela semi-integrale indispensabile per specie o popolazioni endemiche di superficie limitata o minacciate di estinzione, non è applicabile in tutti i casi per limiti biologici delle specie in esame (specie rare negli ecosistemi) o per motivi di opportunità economica e/o sociale. In questi casi programmi di gestione sostenibile dei soprassuoli possono assolvere efficacemente alla duplice funzione economica e conservazionistica. Una gestione sostenibile delle risorse forestali soprattutto in vista della conservazione delle risorse genetiche dovrebbe prevedere, quando possibile, la rinnovazione naturale dei soprassuoli o l'utilizzo di materiale di propagazione geneticamente compatibile (materiale possibilmente locale) e geneticamente non omogeneo (ad esempio seme prelevato da un numero elevato di piante madri) per la rinnovazione artificiale. Anche nel caso che la tutela delle risorse genetiche sia effettuata attraverso una rete di aree protette è necessaria in molti casi (sopratutto nelle foreste che hanno subito secoli di utilizzazioni come molte delle foreste mediterranee) la pianificazione di modelli gestionali in grado di controbilanciare le dinamiche alterate di molti soprassuoli.

Quando la specie da conservare è di interesse agronomico (l'interesse è legato ad un ristretto numero, o al limite ad un solo genotipo) oppure trattasi di una specie a rischio di estinzione o rappresenti comunque un endemismo di limitata distribuzione spaziale, una strategia di conservazione *ex situ* delle risorse genetiche può risultare preferibile o necessaria, anche perché la conservazione *ex situ* mira in genere alla conservazione dei genotipi come tutela nel caso che altre forme di conservazione falliscano, ovvero nel caso in cui si voglia salvaguardare tutta la variabilità a carico di una specie relitta o minacciata o gestire la propagazione di specie (magari fuori areale) per il miglioramento genetico.

Questo tipo di strategia che in genere può apparire anche di tipo statico, in alcune forme può sovrapporsi alla conservazione *in situ*. Un esempio può essere costituito dalla creazione di soprassuoli di "conservazione" che possono più o meno efficacemente simulare soprassuoli naturali (anche a livello evolutivo) fino ad assumere il significato di popolazioni artificiali di conservazione dalle quali è prelevato il seme per la conservazione e l'impianto nel tempo di nuovi arboreti.

In genere però la conservazione *ex situ* prevede il prelievo di materiale di propagazione (seme, talee, marze, ecc) e la sua conser-

vazione in strutture specializzate e ad elevato contributo antropico (banche del seme, arboreti clonali, conservazione *in vitro*, crioconservazione). Risulta anche in questo caso evidente l'importanza delle strategie di campionamento nella costituzione delle banche del germoplasma.

Appare evidente come in tutte queste situazioni l'obiettivo del genetista e dell'ecologo –selvicoltore ("genebank manager") sia quello di conservare la diversità delle accessioni attraverso raccolte/collezioni il più possibile rappresentative delle strutture genetiche delle popolazioni di partenza, il che significa disporre e rendere disponibile nel tempo l'inter pool genico per l'utilizzazione (Johnson *et al.,* 2005).

Nelle specie ad alto tasso di eterozigosità come gli alberi forestali, non si può escludere che nelle generazioni filiali si verifichi una perdita di ricchezza genetica. Ma questo è un processo naturale controllato dalla deriva e solo in parte compensato dal "gene flow" e dai sistemi genetici di accoppiamento, che può anche portare o arrecare effetti selettivi non predeterminati.

Un fattore critico in questo processo riguarda l'ampiezza effettiva delle popolazione (N_e), intesa come l'ampiezza (numero effettivo)[11] di una popolazione ideale (N) soggetta alla stessa intensità di deriva genetica della popolazione considerata (N_c) (Wright, 1931). La popolazione dovrebbe essere costituita da N genotipi (diploidi) che, ad ogni generazione, si ricostituiscono da un campione casuale di gameti (alleli) (Wright, 1939; Crow e Kimura, 1970; Allendorf e Luikart, 2007).

Sulla dimensione della popolazione N_c nelle generazioni successive, che nel settore forestale si identificano con la rinnovazione, notevole peso viene assunto dal contributo differenziale nella produzione di gameti da parte degli individui parentali, che riguarda la variazione nella loro peculiarità potenziale come riproduttori (Heywood, 1986).

Se l'accoppiamento genetico è controllato così che ciascun individuo di una popolazione contribuisce con una coppia allelica alla formazione della nuova generazione filiale, l'ampiezza N_{c_1} si raddoppia nei confronti di (N_c) (Crow e Kimura, 1970).

Nel caso della raccolta di lotti di seme la variabilità nel tasso di fecondità può portare ad una riduzione del valore del numero effettivo (N_e). Nella pratica la raccolta del seme non è costante per ciascuna pianta nella quantità (e nella qualità) ed ogni pianta non fornisce la stessa quantità di seme (le piante con più abbondante pro-

[9] L'effettivo di una popolazione è il numero degli individui maturi sessualmente che sono in grado di produrre gameti.

la quantità del seme nel lotto di utilizzo così da controllare, almeno in parte, il contributo materno alla nuova generazione.

Se l'interesse è la conservazione di pochi individui superstiti (es. *Abies nebrodensis* Matt.) o di cultivar di pregio, è da prevedere la propagazione vegetativa di tutti i genotipi di interesse (che necessita ovviamente la possibilità e la volontà di rinnovare periodicamente le operazioni di propagazione) e/o la raccolta di seme da tutte le piante superstiti possibilmente in più anni realizzando così uno o più "bulk-gene pool".

Nel caso che l'interesse sia conservare un "pool" di individui si dovrà procedere a strategie di campionamento della diversità genetica naturale simili a quelle esposte per la conservazione *in situ*, tenendo presente la strutturazione in zone ecologicamente o geneticamente omogenee, la presenza di ecotipi ad adattamento locale, ecc.

Come già accennato la conservazione *ex situ* può avere come scopo la selezione di individui e/o popolazioni di particolare interesse da destinare al miglioramento genetico.

Nel caso delle specie forestali questo è stato rappresentato dalla individuazione nelle popolazioni naturali di ecotipi e nel loro confronto in prove di provenienza, nello studio delle interazioni genotipo-ambiente con stima dell'ereditabilità dei caratteri e la costituzione di arboreti per il miglioramento genetico tramite incrocio e/o la costituzione di arboreti da seme.

Le strategie di conservazione, *ex situ* in senso stretto, sono però quelle basate sullo stoccaggio del germoplasma.

Questo materiale può essere efficacemente rappresentato dal seme nei casi in cui questo mantenga la facoltà germinativa nel tempo (è evidente che il ringiovanimento delle scorte rimane comunque necessario). Nel caso che il seme sia impossibile da conservare nel tempo, tecniche quali la crioconservazione possono risolvere parzialmente il problema (Lambardi e De Carlo, 2003; Panis e Lambardi, 2005).

La conservazione dei genotipi *in vitro* o con altre tecniche vegetative risulta fattibile solo quando si deve gestire un numero limitato di genotipi di particolare interesse. Ma comunque questo tipo di biotecnologie presenta tutt'oggi forti limitazioni, dovute a difficoltà (mancanza di conoscenze) nei processi di proliferazione e rizogenesi che spesso sono sotto controllo genetico a livello di individuo.

E' stato indicato in precedenza come nella distribuzione delle formazioni vegetali attuali alto sia il ruolo svolto dall'azione congiunta di fattori di natura abiotica, dall'evoluzione delle singole specie e dalle relazioni che si vengono a creare (associazione e/o concorrenza) tra queste. E' possibile arrivare ad una comprensione di

questa casistica distributiva, ma anche stabilire una serie di descrittori interconnessi a diverso grado di complessità e pervenire, in modo oggettivo, ad una delimitazione di aree ecologiche omogenee.

Si possono considerare diverse tipologie di riferimento:

Eco-paesaggi — Elementi di sintesi di una lettura ecologica del territorio.

Unità di terra — Aree ecologicamente omogenee caratterizzate da elementi sufficientemente stabili di natura abiotica e da parte delle attività antropiche (FAO, 1976).

Regioni forestali e tipologie forestali — Descrivono per aspetti climatici e pedologici, ecologicamente simili, tipi e forme differenziali di soprassuoli boschivi distinti per diversità vegetazionale (piano arboreo, piano erbaceo). Come parametro dominante viene considerato il grado e/o la valenza autoecologica (esigenza, resistenza, resilienza) dei singoli componenti vegetazionali che sono valutati per la loro presenza, densità, esclusività e mescolanza.

Regioni pedologiche ed ecopedologiche — Associano numerose variabili del suolo e del clima con la copertura, secondo classificazioni internazionali come per esempio quella di riferimento nel "CORINE Land cover project". Di interesse la carte delle Regioni Pedologiche Italiane (www.soilmaps.it) che tra l'altro riportano anche i tipi climatici europei (banca dati CLIMWAT.FAO e NRCS.USDA).

Uso del suolo — Permette la conoscenza della diffusione a livello territoriale di macro categorie d'uso.

Vegetazione potenziale — Espressa attraverso una cartografia che indica le zone di diffusione reale e/o potenziale delle specie, sulla base della loro autoecologia.

Una così ampia massa di indicatori non è comunque di facile reperibilità. Nei casi più frequenti occorrerà ricorrere ad approcci semplificati (Magini, 1979; Zobel e Talbert, 1984) che nell'ambito delle caratteristiche stazionali tipicizzanti gli areali naturali di vegetazione considerino ad esempio la longitudine e l'altitudine, le caratterstiche del suolo, ecc.

6.3 - I boschi da seme

I boschi da seme sono soprassuoli forestali che vengono selezionati e trattati per la produzione di abbondati quantitativi di seme. Da essi si possono ottenere quantitativi di seme di origine nota a costi relativamente bassi. In questo senso la scelta è finalizzata alla identificazione di boschi con caratteristiche di pregio da poter essere indicati come *boschi plus*. La localizzazione geografica e spaziale di questi può essere rappresentativa di aree di omogeneità genetica.

Il miglioramento genetico che è possibile conseguire ricorrendo alla selezione per *boschi plus* è di solito modesto in quanto è basso il differenziale di selezione, ma non è da considerarsi trascurabile, soprattutto se si opera con criteri di scelta severi e si combina la selezione per soprassuoli con quella fenotipica per individui entro i boschi scelti (Magini, 1972).

Il metodo combinato di selezione permette di utilizzare la variazione genetica a livello di popolazione attraverso un approccio che in un primo momento considera la scelta di quei boschi che presentano una elevata quantità di buoni fenotipi.

Si deve operare la selezione avendo sempre presente la distribuzione naturale dell'area di vegetazione delle singole specie e quali siano le prospettive caratteristiche distintive.

Tutto ciò in quanto sarà necessario effettuare la scelta dei boschi plus in differenti condizioni stazionali per evitare che siano individuate solo popolazioni adatte ad un ristretto numero di ambienti.

Maggiore attenzione sarà riservata a specie con areale frammentato o con popolazioni isolate nonché con elevate differenze nelle frequenze alleliche.

Nel caso di specie con grande areale continuo la selezione artificiale dovrà in primo luogo prendere in considerazione solo i popolamenti localizzati nelle migliori condizioni ecologiche dove l'espressione della diversità genetica tra albero ed albero viene ad essere esaltata.

È comunque indispensabile che la scelta venga rivolta verso boschi relativamente ampi in quanto in questo modo saranno più

bassi i rischi dovuti agli effetti deleteri da inincrocio.

Alla selezione dei *boschi plus* dovrà seguire quella dei *boschi di raccolta*. Difatti sarebbe inopportuno, per ovvii motivi, riservare all'intera superficie dei boschi da seme, il trattamento finalizzato all'esaltazione della produzione quantitativa e qualitativa del seme.

La raccolta dovrà avvenire solo su qualche parte individuata come bosco di raccolta nella cui specificità rientreranno solo quelle porzioni dei boschi da seme che sono più adatte alla produzione oltre che alla raccolta. Regolarità del soprassuolo, alta frequenza di piante di buon portamento ed in ottimo stato fitosanitario sono i principali caratteri da considerare.

Merita ricordare che il selvicoltore dispone forse di un unico mezzo per esaltare la produzione del seme e che ciò si identifica nel diradamento.

Questo intervento da una parte contribuisce ad eliminare la frazione di alberi fenotipicamente più scadenti, dall'altra tende ad isolare i soggetti plus la cui reazione biologica si traduce in un ampliamento del volume della chioma presupposto per un incremento della produzione del seme. Per tale motivo la densità degli alberi nei boschi di raccolta dovrebbe essere sempre molto bassa ed acquisita fin dalla fase giovanile.

È chiaro d'altra parte che la densità ottimale per la produzione del seme varia con la specie, con le condizioni di stazione e con l'età del soprassuolo (Giannini e Magini, 1977).

7. Pianificazione delle azioni di salvaguardia e d'impiego del germoplasma degli alberi forestali

I risultati ottenuti dalle diverse indagini e dalle analisi strutturali, vegetazionali e genetiche, consentono di individuare le principali linee programmatiche ed operative per una gestione finalizzata alla salvaguardia ed all'impiego del germoplasma degli alberi forestali in Sicilia.

Si ricorda che il Bacino Mediterraneo rappresenta uno dei più importanti "hot spot" di biodiversità del nostro pianeta (Heywood, 1998; Myers *et al.,* 2000b) dove la Sicilia contribuisce in modo non indifferente attraverso, per esempio, la presenza di oltre 2500 taxa peculiari (Di Martino e Raimondo, 1979; Raimondo *et al.,* 1994). Tra queste rientrano specie endemiche relitte (*Abies nebrodensis*, *Zelkova sicula*, tra le più note specie forestali), ma anche popolazioni meridionali marginali, differenziate sotto l'aspetto biologico, di specie caratterizzate da areali naturali di vegetazione che interessano amplissime regioni d'Europa (*Fagus sylvatica*, *Quercus petraea*, *Quercus pubescens*, *Quercus cerris*, *Pinus pinaster*, *Pinus laricio*), ovvero centri di rifugio e diversità (*Quercus ilex*) (Bruschi e Vendramin, 1998; Ducci *et al.*, 1999; Parducci e Szmidt 1999; Bruschi *et al.*, 2000; Parducci *et al.*, 2001a,b; Conte *et al.*, 2004; Fineschi *et al.*, 2002b; Bruschi *et al.*, 2003; Fineschi e Vendramin, 2004; Afzal-Rafii e Dodd, 2007; Bucci *et al.*, 2007).

Nelle linee guida del Piano Forestale Regionale della Regione Siciliana (Assessorato Agricoltura e Foreste – Dipartimento Regionale delle Foreste – Servizio Programmazione e Monitoraggio) viene sottolineata con forza la volontà di attuare una pianificazione ed una gestione ecologica del territorio avendo come punto di riferimento la sostenibilità e la biodiversità (Convenzione sulla Biodiversità – CBD), ratificata dall'Italia con Legge 124 (14/02/1994). Sebbene venga riconosciuto che la biodiversità forestale sia difficile da valutare, soprattutto ai fini gestionali, è difficile condensare le informazioni della complessità ecosistemica e dei servizi fruibili dai boschi, in attributi semplici ed esprimibili attraverso indicatori (Noss,

1990; 1999). La stessa CBD adotta dal 2002, un programma di lavoro ("Forest Biological Diversity" – FBD) per la conservazione della diversità forestale "*considerato elemento insostuibile……anche in relazione al rapporto foresta-clima*".

Nello stesso tempo dovendo, in una visione realistica, "*coniugare l'aumento della complessità del bosco con la possibilità di non deprimere la produzione legnosa*" (inteso come prelievo di biomassa) le linee di programma prevedono il mantenimento dei caratteri di naturalità in relazione ai cicli successionali, l'eterogeneità della vegetazione e della fauna, tutelare le specie ed in particolare quelle in via di estinzione e/o minacciate (Ciancio e Corona, 2000; Ciancio *et al.*, 2002; Giannini e Susmel, 2006). Nello stesso piano programmatico regionale vengono indicate anche le specie a rischio, tra cui molte fanno riferimento ad endemismi. Secondo le ampie indagini di Raimondo *et al.* (2001) queste rappresentano circa il 27% della flora sicula (359 generi e 96 famiglie).

In base a quanto indicato da parte dell'Unione Mondiale per la Conservazione della Natura (IUCN, 2001) circa il grado di minaccia a cui sono soggette le singole specie queste sono state distribuite in otto Categorie:

CR = specie "gravemente minacciata" (CRitically endangered), cioè esposta ad elevatissimo rischio d'estinzione;

EN = specie minacciata (ENdangered), cioè ad elevato rischio di estinzione;

VU = specie (VUlnerable) a basso rischio di minaccia (lower risk), ma vicine alla soglia di vulnerabilità;

DD = specie per la quale mancano informazioni sufficienti per una valutazione (Data Deficient);

NE = specie non valutabile (Not Evaluated) e dunque non attribuita a nessuna categoria;

EX = estinto (EXtinct), quando non è stata segnalata la presenza di individui vivi;

EW = estinto in natura (Extinct in the Wild), quando una specie sopravvive solo in coltivazione o in cattività.

L'applicazione di tali Categorie agli endemismi presenti in Sicilia, ha consentito di inserirli in un elenco di vulnerabilità (Raimondo *et al.*, 2001).

La maggior parte dei boschi naturali della Sicilia ricade all'interno di Parchi e Riserve regionali, Siti di Interesse Comunitario (S.I.C.), Zone di Protezione Speciale (Z.P.S.) per i quali sono presenti diversi regimi di tutela e differenti modelli gestionali che in modo puntuale, almeno per quanto riguarda l'uso del bosco, forniscono le indicazioni e le decisioni operative da attuare.

La presenza nel Piano Regionale Forestale di numerosi dati di supporto e di riferimento quali:

- quadro sinottico dei Parchi Regionali
- quadro sinottico delle Riserve Naturali
- elenco dei siti di importanza comunitaria della Regione (NATURA, 2000)
- tipi forestali e preforestali (La Mantia *et al*., 2000)

consente di disporre di una massa di dati per la delimitazione dei confini di una visione globale dei complessi forestali del Demanio in gestione alla Azienda Regionale Foreste.

Sempre dal Piano si riporta quanto indicato circa i regolamenti.

"Sebbene i regolamenti dei Parchi e delle Riserve siano specifici di ogni area protetta, è possibile coglierne gli aspetti comuni per la singola materia.

Per i boschi le previsioni prescritte nei Parchi si possono così riassumere:

a) In tutto il territorio classificato è vietato procedere alla conversione delle fustaie e dei cedui composti in cedui semplici; effettuare utilizzazioni in alcune aree particolari, quali zone umide, valloni, crinali, cime, stazioni di endemismi, aree a rischio idrogeologico; tagliare piante di specie minori, quali aceri, frassini, tasso, agrifoglio, sorbi, salvo specifica autorizzazione. È consentito il taglio del sottobosco ai fini antincendio, purché strettamente necessario ed eseguito a strisce alterne;

b) Nella Zona "A", gli interventi selvicolturali devono avere come obiettivo finale la costituzione di fustaie disetanee per pedali o per superfici, compatibilmente con la specie, ed il conseguimento di sistemi più evoluti, diversificati e stabili, privilegiando la rinnovazione per seme a quella agamica;

c) Nella zona "B" è consentito effettuare le normali attività selvicolturali, privilegiando, tuttavia, il trattamento che conduce alla forma del ceduo composto. Le utilizzazioni boschive devono garantire un equilibrato sviluppo del sottobosco e tutelare le specie caratteristiche delle fitocenosi interessate.

Per le Riserve le prescrizioni sono meno dettagliate. Esse ammettono l'esercizio delle attività selvicolturali e di prevenzione antincendio, limitandosi a richiamare il generico divieto di "*alterare l'equilibrio delle comunità biologiche naturali con l'introduzione di specie estranee alla flora e alla fauna autoctone*".

In riferimento alla situazione del Demanio Forestale della Regione Sicilia i principali aspetti operativi riguardano:

A) Le specie *endemiche e relitte*, per le quali sono comunque noti i valori di rarità e le indicazioni circa i pericoli e le minacce; le stesse rientrano in specifici elenchi di interesse conservativo e naturalistico, per le quali vengono suggerite le azioni di protezione *in situ* ed *ex situ*.

B) Le specie che sono comunque ben rappresentate nell'edificazione dei soprassuoli forestali (presenza di popolazioni con migliaia di individui) che per le loro caratteristiche genetiche e per la loro presenza in aree di omogeneità ecologica rappresentano a tutti gli effetti i *serbatoi* genici dove è possibile provvedere alla raccolta di materiale di propagazione noto per la realizzazione di interventi di rimboschimento e di ripristino ambientale.

*7.1 - A. Specie forestali (alberi) endemiche, relitte e marginali (ecotipi biologici) di massimo interesse di conservazione**

Abies nebrodensis, status I.U.C.N.: CR

Specie endemica relitta. Piccola popolazione di circa 30 individui con numero effettivo inferiore (circa 15-18) in annate particolarmente favorevoli di fruttificazione.

Geneticamente omogenea per valori di variabilità evidenziati da marcatori plastidiali e nucleari. Tutti gli individui catalogati appartengono ad unica specie separata dalle altre del genere *Abies* presenti nell'area del Mediterraneo e del Mar Nero, salvo che per un individuo indicato dall'analisi di sequenza come ibrido *A. nebrodensis* x *A. alba*.

Questo fatto deve essere ulteriormente valutato sperimentalmente.

Pericoli e minacce

Incendi e pascolo non controllato possono essere motivo di estinzione.

Effetti negativi di deriva sulla struttura genetica delle generazioni future.

Protezione

Massima.

Attualmente è sotto tutela del Parco Regionale delle Madonie.

Conservazione

In situ ed *ex situ*.

Raccolta del seme e realizzazione di "pool genici" a livello di singola pianta (famiglie di fratellastri).

Valutare le frequenze alleliche e genotipiche nelle generazioni filiali e stima dei tassi di consanguineità ed autocorrelazione spaziale.

Zelkova sicula, status I.U.C.N.: CR

Specie endemica relitta costituita da una piccola popolazione isolata geneticamente.

E' confermata la bassa variabilità genetica all'interno della popolazione.

Pericoli e minacce

Incendi e pascolo non controllato possono essere motivo di estinzione.

Effetti negativi di deriva sulla struttura genetica delle generazioni future.

---

* Si ricorda che viene fatto riferimento al territorio in gestione da parte del Demanio forestale Regionale.

Protezione

Massima.

Attualmente non è inserita nelle aree di protezione.

Conservazione

In situ ed *ex situ*.

Raccolta del seme e realizzazione di "pool" genici a livello di singola pianta.

Moltiplicazione vegetativa (innesto) di almeno 50 individui e realizzazione di parchi conservativi in aree a massima protezione.

Verificare e stimare le frequenze alleliche a livello di generazioni filiali (valori di consanguineità).

Betula aetnensis, status I.U.C.N.: non indicato

Le indagini genetiche hanno avanzato forti dubbi circa l'appartenenza dei popolamenti di betulla in Sicilia ad una specie a sé stante. Le analisi di sequenza indicano convergenza con *Betula occidentalis* Hook.

Pericoli e minacce

Incendi e colate laviche, pascolo.

Non si dispone di dati circa le dimensioni dell'effettivo nell'ambito dei nuclei di diffusione sull'Etna (circa 600 ha).

Protezione

Massima per il valore di endemismo e di "hot spot" di diversità.

Attualmente sotto tutela del Parco Regionale dell'Etna.

Conservazione

In situ ed *ex situ*.

Applicare una gestione rispettosa dei cicli successionali naturali.

Valutare la potenzialità riproduttiva e di rinnovazione naturale.

Raccolta del seme e realizzare "pool" genici.

Quercus petraea, status I.U.C.N.: non indicato

Relativamente allo status I.U.C.N. la rovere (*Q. petraea* (Matt.) Liebel.) non compare, mentre sono indicate altre querce caducifoglie. Geneticamente la popolazione saggiata (dai risultati dell'indagine) è differenziata da *Q. pubescens*.

Pericoli e minacce

Incendi e pascolo.

Manomissioni dell'habitat.

"Gene-flow" di specie simpatriche.

Protezione

Sotto tutela del Parco delle Madonie.

Conservazione

In situ.

Pervenire ad effettivi chiarimenti circa la sistematica, forme ibride ed introgresse del gruppo *Q. petraea/Q. pubescens*.

Provvedere alla realizzazione di "gene pool" di "indirizzo" realizzati attraverso la raccolta di seme (in annate di pasciona) da piante di identità certa.

Quercus calliprinos, status I.U.C.N.: non indicato

Le popolazioni oggetto di studio appartengono alla specie *Quercus calliprinos*.

Pericoli e minacce

Incendi e pascolo.

Manomissioni dell'habitat.

Protezione

Sotto tutela per presenza dei popolamenti in aree R.N.O. e/o R.N.I.

Conservazione

In situ.

Impiego

Rispettare la diffusione nelle aree ad omogeneità ecologica separatamente nelle province di presenza.

Platanus orientalis, status I.U.C.N.: non indicato

Popolazioni marginali ai confini occidentali dell'areale naturale di diffusione. Da considerarsi endemismi con struttura genetica tipica delle specie riparie.

Pericoli e minacce

Incendi.

Manomissioni ambientali.

Protezione

Le popolazioni ricadono nell'ambito di aree R.N.O. e/o R.N.I.

Conservazione

In situ.

Fraxinus ornus, status I.U.C.N.: non indicato

D'interesse per valorizzare la biodiversità vegetazionali.

Le popolazioni di studio hanno evidenziato elevata variabilità genetica.

Pericoli e minacce

Incendi.

Manomissioni ambientali.

Protezione

Le popolazioni ricadono nell'ambito territoriale del Parco Regionale delle Madonie ed in R.N.O.

Conservazione

In situ.

Rispettare una gestione finalizzata alla salvaguardia della specie.

Ilex aquifolium, status I.U.C.N.: non indicato
Le popolazioni analizzate mostrano divergenza genetica.
Pericoli e minacce
Incendi e pascolo.
Manomissioni ambientali.
Protezione
Le popolazioni ricadono nell'ambito del perimetro dei Parchi Regionali delle Madonie, dell'Etna e dei Nebrodi.
Conservazione
In situ.

Taxus baccata, status I.U.C.N.: non indicato
Le popolazioni oggetto di studio hanno evidenziato una certa differenziazione genetica.
Pericoli e minacce
Incendi e pascolo.
Manomissioni dell'habitat.
Protezione
Le popolazioni ricadono nel territorio del Parco Regionale dei Nebrodi ed il Bosco di Tassita rientra in un'area R.N.I.
Conservazione
In situ.
Di particolare protezione la popolazione di Tassita che racchiude la maggiore variabilità.

7.2 - B. Serbatoi genetici e boschi da seme per la produzione di materiale di propagazione da destinare a rimboschimenti ed alle azioni di ripristino ambientale

7.2.1 - Conifere

Pinus halepensis, status I.U.C.N.: non indicato
Questo pino è presente con un'unica popolazione autoctona di estremo interesse naturalistico e rappresenta una componente della diversità regionale. Ciò nonostante presenta una strutturazione genetica con un numero di varianti alleliche piuttosto basso che potrebbe indicare un aumento di consanguineità.
Difatti si deve intendere come una popolazione fortemente erosa, in particolare negli ultimi cinquanta anni a causa dell'impatto antropi-

co per trasformazione in colture agrarie e modificazioni ambientali da incendio le cui tracce sono visibilissime sulle piante di maggiore età.

Ai fini protettivi è sotto tutela della R.N.O. di Pineta di Vittoria.

Dovrebbe rappresentare il serbatoio genetico per la produzione vivaistica di settore e quindi identificarsi in bosco da seme.

"Pool" genici di questa popolazione potrebbero essere impiegati, avendo cura di seguire protocolli idonei di raccolta (100-120 piante), in aree ecologicamente omogenee a quelle del luogo d'origine, in tutta la Sicilia, ovvero nelle stazioni ecopedologiche più difficili (siccità, profondità del suolo, ecc.), possibilmente associati al leccio, quercia spinosa, carrubo ed altre specie nobili della macchia. Si deve evidenziare che anche in popolamenti puri, il pino d'Aleppo rivela in pieno la sua caratteristica di *specie pioniera* facilitando, in assenza di limiti stazionali, l'ingresso e la diffusione di specie definitive (leccio) in tempi ragionevolmente brevi.

Ai fini della produzione di seme (nell'attività vivaistica dell'Azienda attualmente il pino d'Aleppo rappresenta circa il 30% - 35% della produzione totale di postime) sarebbe opportuno che si realizzassero alcuni arboreti clonali in aree ecologicamente e colturalmente ottimali (foresta di Ficuzza, PA; riserva di Vendicari, SR) attraverso la moltiplicazione per innesto (tecnica di sicuro successo) di almeno 50-80 fenotipi della Pineta di Vittoria che siano rappresentativi della sua ricchezza genetica (adattamento e fenotipo di pregio). La realizzazione di questi impianti assicurerebbe una produzione di seme in tempi brevi, costante nel tempo, di facile raccolta e quindi di costi più bassi. Si ricorda che il seme di pino d'Aleppo si può conservare al massimo per due anni se posto in condizioni ottimali di umidità e temperatura, per cui proprio per il ruolo che riveste questa specie nell'attività forestale della regione appare indispensabile ottenere la massima costanza produttiva nel tempo del seme stesso.

Pinus pinaster, status I.U.C.N.: non indicato

Presente nel territorio siciliano con la popolazione dell'Isola di Pantelleria.

Geneticamente considerata popolazione ancestrale derivante o associabile all'ecotipo del nord Africa (Bucci *et al.*, 2007).

Costituisce certamente endemismo relitto di interesse vegetazionale, che arricchisce l'"hot spot" di diversità del sud Italia, anche se in letteratura è riportato qualche dubbio circa l'origine autoctona di questa popolazione, a cui però è possibile conferire rango di naturalizzazione. La popolazione è relativamente ampia per cui al momento, anche se difficili sono gli scambi genici data la sua posizione geografica, non appaiono evidenti pericoli imputabili alla deriva genetica. Fonte di maggiore preoccupazione sono i pericoli da

incendi (Marguglio, 1972) e la manomissione ambientale ("global change", pressione turistica ed agenda per i prodotti di nicchia).

Il pino marittimo in Sicilia non appare possa rivestire grande importanza nell'attività di rimboschimento e di ripristino ambientale. L'eventuale introduzione dovrebbe essere preceduta da:

analisi accurata delle reali condizioni eco-stazionali presenti in relazione alle esigenze auto-ecologiche della specie (in particolare caratteristiche pedologiche e disponibilità idriche);

valutazione dell'effettiva produttività della specie in relazione alle caratteristiche stazionali dell'area di utilizzo.

Le esigenze dell'Azienda Foreste Demaniali possono essere, per il momento, pienamente soddisfatte eseguendo raccolte di strobili nelle annate di *abbondante fruttificazione* da almeno 120–150 piante dislocate in tutta l'area di diffusione (Montagna grande, monte Gitela, Cuddia Attalora, Serra Ghirlanda) e distanti tra loro almeno 150–200 m. In questo modo è assicurata la cattura della variabilità genetica della popolazione.

La facile conservazione nel tempo del seme di pino marittimo (5–7 anni ed oltre) consente alcune facilitazioni nella gestione vivaistica di questa specie.

Pinus laricio, status I.U.C.N.: VU

Il pino laricio è presente in Sicilia con un popolamento abbastanza compatto di circa 4000 ha diffuso in prevalenza nel territorio di Linguaglossa sull'Etna (CT). La popolazione analizzata presenta un'alta variabilità genetica e risulta molto affine alle popolazioni di pino laricio della Calabria (Afzal-Rafii e Dodd, 2007).

Rappresenta comunque una "rarità" vegetazionale che contribuisce a valorizzare la ricchezza floristica dell'isola siciliana. Particolarità sta anche nella sua localizzazione su colate laviche e nel ruolo che riveste nella dinamica successionale della vegetazione a livello locale, formata da gariga e formazioni pioniere a *Genista aetnensis* e pioppo tremolo, popolamenti di latifoglie di quota (betulla, faggio) e mesofille (roverella, cerro, frassini, aceri, bagolaro).

La pineta è ubicata nell'ambito del territorio del Parco Regionale dell'Etna e quindi è soggetta agli interventi gestionali di riferimento (Piani di Gestione territoriali e comunali, Piano di Assestamento Forestale).

Relativamente agli aspetti della produzione del seme e dell'impiego del materiale di propagazione si rimanda a quanto indicato per il pino marittimo.

Nello stato attuale delle conoscenze genetiche, auto-ecologiche e produttive l'impiego del pino laricio dovrebbe riguardare solamente aree di intervento localizzate alle quote più alte delle pendici dell'Etna, dove vengono soddisfatte le esigenze della specie.

7.2.2 - Latifoglie

Fagus sylvatica, status I.U.C.N.: non indicato

Le faggete in Sicilia sono presenti in tre aree ben distinte: Madonie, Nebrodi, Etna. Queste foreste contribuiscono in modo determinante nel valorizzare i tre parchi regionali corrispondenti. L'importanza è evidente a livello di paesaggio, ecosistema, popolazione e di individuo. Si tratta di popolazioni endemiche e relitte, rifugio e serbatoio di biodiversità, che hanno contribuito a fornire informazione genetica alla struttura delle popolazioni che, dalla fine dell'ultima glaciazione, hanno conquistato il territorio dell'attuale area di vegetazione del faggio.

Fortemente erose, ridotte, manomesse e distrutte dall'intensa pressione dell'attività antropica (3–5 mila anni) sotto l'aspetto fisionomico si presentano con diverse tipologie, da piante sparse e/o a gruppi, anche infraperti, di varia estensione, cacuminali e su pareti rocciose fino a complessi di bosco adulto biostatico (Hofman, 1960; La Mantia *et al.*, 2000; 2001; La Mantia e Pasta, 2005).

Negli ultimi cinquanta anni l'intervento di ripristino nell'A.R.F.D. è risultato efficacissimo favorendo l'evoluzione del bosco in fasi più evolute.

A fianco di un'azione di ripristino, basata anche sull'interpretazione dei modi e dei tempi dell'evoluzione naturale di questi boschi, è prevedibile l'attuazione di interventi di ampliamento e ripristino di queste formazioni, utilizzando materiale di propagazione derivante dalle attuali popolazioni.

In considerazione delle caratteristiche genetiche e della strutturazione delle frequenze alleliche e genotipiche (Rossi *et al.*, 1996; Emiliani *et al.,* 2004; Vettori *et al.*, 2004b) scaturite da questa indagine, da quelle di natura ambientale nonché da quelle di riferimento alla dinamica *struttura/vegetazione/tipologia* si sono individuate tre aree di omogeneità ecologica-genetica corrispondenti ai tre nuclei di vegetazione (che tra l'altro nel loro insieme sono soggetti a tutela particolare) e che si tipicizzano:

i) per le caratteristiche eco-pedologiche e per le matrici geologiche precedenti;

ii) per le caratteristiche genetiche differenziali che indicano relativa omogeneità fra le popolazioni dei complessi delle Madonie e dei Nebrodi, diversità aplotipica a livello regionale per la popolazione relitta dell'Etna.

Pertanto i boschi da seme e le aree di raccolta possono essere individuati:

Madonie – Soprassuoli in fase di maturità biostatica di Piano Battaglia, Pian dei Cervi e di Piano Pomo.

Nebrodi – Soprassuoli in fase di maturità biostatica delle località monte Soro, Bosco Faggita, Lago di Biviere, e Bosco Tassita.

Etna – Soprassuoli ubicati in varie località dell'areale odierno scelti tra quelli collocabili nelle fasi più avanzate della successione naturale (dedicare attenzione alle dagale).

Per questi ultimi boschi si sottolinea la vulnerabilità in parte dovuta all'aggravante della frequenza delle eruzioni vulcaniche dell'Etna.

Si è accennato che ai boschi da seme deve seguire la scelta dei boschi di raccolta ovvero quelle frazioni di bosco in cui i soprassuoli si presentano più regolari, con piante nell'insieme di buon portamento, prive di grossi difetti e di buone condizioni dal punto di vista fitosanitario.

Si ricorda anche come lo strumento principale a disposizione del selvicoltore per aumentare al produzione del seme si identifica nel diradamento. Attraverso il diradamento si rende possibile l'eliminazione della frazione fenotipicamente più scadente della popolazione e quindi si può effettuare un lavoro di selezione entro i boschi da seme che può portare ad un guadagno genetico talora considerevole. E' chiaro che esiste una densità ottimale per la produzione di seme ad ettaro, densità che varia con la specie, con le condizioni di stazione e con l'età del soprassuolo. La dimensione della chioma dei singoli alberi ha una forte influenza sulla produzione del seme. Per tale motivo la densità degli alberi nei boschi da seme dovrebbe essere sempre molto bassa. Non si deve però scendere sotto certi limiti in quanto potrebbe rendersi difficoltosa o mancare del tutto l'impollinazione e/o prevalere l'autoimpollinazione. La densità ottimale per la produzione massima di seme per pianta è assai più bassa di quella che rende massima la produzione di seme per unità di superficie. Ciò è molto importante sotto l'aspetto economico in quanto la quantità del seme prodotto dai singoli alberi è correlata con il costo della raccolta stessa. Anche la produzione del polline risulta assai maggiore quando le chiome si vengono a trovare libere e questo si riflette positivamente sulla quantità del seme (Giannini e Magini, 1977).

Poiché nel caso dei boschi di faggio non si dispone di dati relativi alla densità ottimale ad ettaro per la produzione del seme occorre operare con prudenza ed evitare soluzioni troppo drastiche. Anzi nel caso delle faggete dei complessi forestali che fanno riferimento alle Madonie ed ai Nebrodi, che sono soggette a particolari criteri di

tutela, gli interventi potranno essere banditi per favorire la dinamica successionale.

La raccolta del seme di faggio richiede l'attuazione di tutti gli accorgimenti che possono facilitarla. Sarebbe utile ricorrere all'impiego di reti di plastica, da collocare sul terreno, e potrebbe meritare di studiare la possibilità di impiego di macchine raccoglitrici, simili a quelle messe a punto in Francia, che potrebbero tuttavia essere adoperate solo in terreni pianeggianti od in lieve pendio.

Per la conservazione del seme si deve procedere nel modo indicato da Suszka (1974). Appena raccolto, il seme va fatto asciugare, a 15–20°C, fino a ridurre il contenuto di umidità a 9-10% del peso fresco; quindi occorre collocarlo in recipienti da chiudere ermeticamente e conservare in frigorifero ad una temperatura di 10°C. Questa tecnica, secondo Suszka, permette di ottenere buone rese di piantine anche dopo 3-4 inverni di conservazione. E' indispensabile comunque, prima della semina in vivaio, pretrattare il seme al freddo umido (3-5°C) per un periodo di circa 100 giorni.

E' possibile quindi sviluppare un soddisfacente ed efficace programma di produzione di piantine di faggio, continua e costante, in un tempo di 5 anni considerando la conservazione del seme per 3 anni e la possibilità di produrre piantine di 1 anno (S_1) e/o di 2 anni (S_2 e/o S_1+T_1). Questo fatto non è da sottovalutare in considerazione dell'irregolarità delle annate di abbondante fruttificazione di questa specie (Giannini e Magini, 1977).

Quercus spp.

Nel caso delle specie del genere *Quercus*, presenti nell'ambito del Demanio Forestale Regionale, le problematiche relative alla individuazione dei boschi da seme, alla loro gestione, alle procedure di raccolta e conservazione del seme e a quelle relative alla produzione del postime, sono molto simili tra di loro.

Similitudini molto strette si hanno anche con i boschi di faggio per cui, per una più ampia completezza delle informazioni, si rinvia a quanto già indicato per questo tipo di boschi.

Esiste d'altra parte una forte incertezza nell'ambito della sistematica di alcune specie di querce caducifoglie che appare ancora più marcata proprio per la regione Siciliana.

Questo fatto può determinare anche situazioni conflittuali tra conservazione della diversità, rispetto della naturalità nell'azione congiunta dei fattori evolutivi, valutazione degli effetti imputabili alle azioni programmate dalla gestione della produzione di materiale di propagazione.

Pertanto ed in considerazione della disponibilità attuale di infor-

mazioni di cui ai punti sopraindicati, si forniscono delle indicazioni che, se anche di carattere molto generale, possono essere ritenute valide.

Per **leccio** e **sughera**, poichè le indagini genetiche hanno indicato che queste due specie sono caratterizzate da elevata diversità genetica a livello di singoli individui e relativamente bassa tra le popolazioni, la scelta dei boschi da seme e l'impiego di materiale di propagazione da essi derivante, dovrebbe riguardare la discriminante relativa alle condizioni di omogeneità ecologica (Tab. 72).

Per quanto riguarda il **cerro** valgono le stesse considerazioni fatte per leccio e sughera[12]. Si ricorda tra l'altro, che la strutturazione genetica di questa specie a livello regionale è molto vicina all'equilibrio. Ciò dà garanzia di conservazione della dinamica temporale della variabilità genetica in quanto gli effetti dei fattori evolutivi risulterebbero di bassa intensità e gli scambi genici di accoppiamento sarebbero di tipo casuale.

La più elevata uniformità genetica accusata dalla **roverella** indica la possibilità di attuare per questa specie rilevanti spostamenti geografici dei singoli "pool" genici. Il rispetto però con una concordanza tra le condizioni ambientali delle località di origine e quelle di impiego appare prudenziale e quindi da tenere in considerazione (Tab. 72).

Tab. 72. Caratterizzazione pedologica di alcuni boschi di quercia.

Specie	Località	Tipi pedologici
Q. ilex	Bosco Pomieri (Madonie)	Suoli su rocce calcaree (terre rosse e brune mediterranee)
Q. ilex	Bosco Moglie (Madonie)	Suoli su arenarie ed arenarie-marnose
Q. ilex	Bosco Bronte (Etna)	Suoli su rocce vulcaniche
Q. suber	Bosco Collesano (Madonie)	Suoli decalcificati su rocce calcaree
Q. suber	Bosco Caronia (Nebrodi)	Suoli su arenarie ed arenarie-marnose
Q. suber	Bosco San Pietro (Caltagirone, CT)	Suoli su arenarie
Q. suber	Bosco Frassino (Iblei)	Suoli su arenarie marnose
Q. pubescens	Bosco Piano Pomo (Madonie)	Suoli su rocce calcaree (c.s.)
Q. pubescens	R.N.O. Malabotta (Nebrodi)	Suoli su arenarie ed arenarie-marnose
Q. pubescens	Bosco Frassino (Iblei)	Suoli su arenarie-marnose

[12] La scarsità di informazioni di natura genetica, biologica ed ecologica della specie *Quercus gussonei* consiglia di non prendere in considerazione popolamenti in cui è presente questa entità.

Come è indicato nel capitolo "materiali e metodi", i criteri adottati per effettuare i campionamenti, che si sono basati sulla presenza a livello individuale di quei caratteri morfologici macroscopici (distinguibili con l'uso di una lente), descritti in letteratura come quelli di massima valenza discriminatoria (foglie, rametti, cupole), hanno portato all'eliminazione dall'analisi (anche per una forte rigidità di scelta) di tutti gli individui che non possedevano tali requisisti congiuntamente a quelli che sono stati individuati per la descrizione di nuove specie e/o di nuove entità sottospecifiche a livello sistematico.

Tutto ciò a conferma che la scelta dei boschi da seme dovrà riguardare i soprasuoli con individui caratterizzati dai tratti sopraindicati di riferimento. I caratteri morfologici che si osservano e che si misurano a livello di fenotipo rappresentano la risultante dell'interazione tra la componente genetica e quella ambientale. Negli alberi, caratterizzati in prevalenza da elevata eterozigosità, tali caratteri sono spesso dovuti all'espressione di più geni ad azione additiva, anche piccola, ma congiunta; la ricombinazione cromosomica comporta variabilità, e poichè le mutazioni puntiformi possono essere molto numerose nonchè frequenti, la regolazione dei geni (spesso famiglie multigeniche) può essere anche molto variabile.

La presenza di entità (tipi) assegnabili alla *Quercus petraea* (Matt.) Liebl. da una parte ed alla *Q. pubescens* Willd. in senso stretto, dall'altra, ma anche l'alta variabilità individuale entro queste due entità per le quali sono descritte anche forme ibride ed introgresse, consiglia di indicare per la seconda la presenza di una grande entità *Quercus pubescens complex*, più che cercare, attraverso la variabilità degli stessi caratteri morfologici, di individuare ed indicare singole entità specifiche quali *Quercus gussonei*, *Q. dalechampii*, *Q. congesta*, *Q. leptobalanus*, *Q. virgiliana*, *Q. amplifolia*, che vengono comunque citate in Flora Europea, ma che hanno poco senso di essere considerate (Gellini e Grossoni, 1997).

8. Conclusioni

Un'indagine retrospettiva porrebbe in evidenza in tempi brevi e con facilità quanto l'uomo, nello sviluppo della sua civiltà, abbia sempre considerato altamente attrattivo individuare e preservare aree, in cui evidenti e percettibili, anche sotto l'aspetto emotivo, si mostravano ricchi ed espressivi i caratteri di naturalità. E' probabile che l'uomo con il trascorrere del tempo di una vita vissuta, prendendo coscienza dei risultati della sua azione modificatrice dell'ambiente, anche se imposta da motivazioni legate alla propria sopravvivenza, desiderasse avere la possibilità di rivivere o vivere nell'immaginario come un riscatto, l'esperienza collegata alla presenza in un mondo più ancestrale, naturale ed incontaminato. Il raccoglimento della preghiera era ricercato nei *lucus*, le emozioni di superiorità si ricercavano nelle riserve di caccia.

Più di recente la necessità di preservare ambienti e situazioni attrattive per la bellezza e la rarità ha determinato l'istituzione di Parchi e Riserve.

Nei nostri giorni le aree "strettamente protette" seguono le prescrizioni del "World Conservation Union" (categorie IUCN I-IV) formulate nel 1994 che indicano le Riserve come pietre miliari per la conservazione della biodiversità a tutti i livelli organizzativi, da quello più alto e complesso (ecosistema), alla specie, alla popolazione, al singolo individuo (genotipo).

La validità con cui le Riserve e le Aree Protette svolgono il loro ruolo, dipende principalmente da due fattori interconnessi che sono quelli di i) rappresentare in maniera più ampia possibile la biodiversità presente in una determinata regione e ii) conservare tale diversità il più a lungo possibile preservandola dalle minacce esterne.

Per mantenere gli obiettivi sopradetti è necessario operare secondo piani conservativi ben definiti (*"systematic conservation planning"*) che tengano conto non solo delle caratteristiche del luogo in cui si propone di stabilire un'area protetta, ma anche di considerare con la dovuta attenzione l'ampiezza del luogo perché

sarebbe opportuno poter disporre "di replicati biologici" (Margules e Pressey, 2000).

Tuttavia si deve tenere presente che spesso il modello ideale di una conservazione pianificata, si può scontrare con fattori e necessità socio-economiche nonché politiche. Ad esempio si prende atto della tendenza di costituire aree a forte intensità di protezione in zone isolate, poco accessibili e tra l'altro non importanti dal punto di vista economico-produttivo e di non proteggere ad esempio quelle specie che si trovano in aree economicamente produttive od in via di sviluppo in cui la pressione antropica è fortissima.

In considerazione di quanto detto, è imperativo che si provveda alla stesura di una strategia conservativa attraverso l'attuazione di piani specifici anche di settore in quanto è necessario un coordinamento che tenga conto delle necessità socio-economiche e dei limiti imposti dalle risultanze di studi e ricerche. Perché si possa operare in tal senso è necessario che il mondo scientifico interagisca con quello politico.

In particolare il mondo scientifico deve i) rendere disponibili le informazioni di base necessarie per poter emanare normative appropriate; ii) partecipare alla formulazione delle norme che siano rispettose dell'esigenze socio-economiche e di quelle della conservazione; iii) deve avere la possibilità di verificare se effettivamente le decisioni istituzionali e gestionali per la costituzione di un'area soggetta a protezione e conservazione siano efficaci nel mantenere la biodiversità.

Di contro il mondo politico deve assicurare il supporto a che l'informazione scientifica possa ampliare le conoscenze con mezzi innovativi che verranno ad essere disponibili nel futuro.

Il presente lavoro ha seguito questo percorso, il quale ha consentito di pervenire a decisioni valorizzate dai risultati di un'ampia attività di ricerca e che si inseriscono ad aiuto delle scelte politiche nella gestione del territorio.

E' stato operato ricorrendo a tecnologie innovative che hanno consentito di riferire sui valori di diversità genetica a livello di specie, di bosco e di comprensorio forestale. Tali conoscenze sono state utilizzate per individuare nelle differenti situazioni le linee più idonee di protezione del germoplasma e di impiego di questo nelle attività di rimboschimento e di ripristino ambientale.

8.1 - Metodologie di analisi

Le modalità di analisi che hanno trovato una prima verifica in un percorso conoscitivo a livello territoriale, hanno seguito due tipologie operative che consideravano:

- complessi forestali caratterizzati da rilevanti emergenze vegetazionali, per le quali alla caratterizzazione genetica è stata associata l'analisi strutturale del soprassuolo e quella della biodiversità vegetazionale, attraverso anche la delimitazione di "test-site" con caratteristiche permanenti;
- singole specie (basso tasso di socialità) e/o entità sottospecifiche presenti in varie località di differenti complessi forestali, che sono stati descritti in modo sintetico, per le quali è stata eseguita la sola caratterizzazione genetica.

Spesso l'esiguità della superficie interessata e/o il basso numero degli individui delle specie, così come le caratteristiche di socialità, di sporadicità e di rarità delle stesse, consigliavano di procedere con un campionamento su larga scala a livello di Regione e/o Provincia, e quindi di analizzare in modo diretto le popolazioni (ma anche le singole piante) nell'ambito dell'areale di distribuzione. Esempi di riferimento sono stati *Abies nebrodensis, Zelkova sicula, Platanus orientalis, Betula aeteniensis, Fraxinus ornus, Taxus baccata*.

Si è accennato che per i complessi forestali della prima tipologia, in un primo momento si è proceduto ad un lavoro conoscitivo di campagna.

Le osservazioni venivano incentrate soprattutto sulle caratteristiche stazionali e strutturali: scopo ultimo era quello di individuare dei tipi di riferimento che rappresentassero le situazioni prevalenti in atto, ma nello stesso tempo fossero anche espressione della dinamica successionale del soprassuolo.

Sempre è stata valutata con accuratezza la storia passata del popolamento, i rapporti instaurati con l'uso della foresta da parte delle attività antropiche e le tendenze evolutive più manifeste. Ciò ha consentito, ad esempio, di evidenziare le situazioni a più alto livello di dinamicità che sotto certi aspetti potevano essere e/o rappresentare indicatori di riferimento per tracciare le linee operative di una gestione finalizzata al ripristino ambientale, alla conservazione della biodiversità, alla funzionalità ecosistemica.

Così operando nel territorio è stato possibile individuare le aree più rappresentative delle varie situazioni nell'ambito delle singole specie e nelle quali sono stati delimitati i "test-site".

Si è operato cercando anche di assegnare a questi, un carattere di "permanenza" attraverso la geo-referenziazione. In questo modo

vi è la possibilità, in futuro, di ripetere rilievi simili onde valutare i processi evolutivi dell'ecosistema.

L'ubicazione delle aree avveniva lungo transect spesso altitudinali. Per meglio documentare le situazioni molto variabili, si è fatto ricorso a "sub-plot" i cui rilievi erano successivamente aggregati.

In ciascuna area veniva sviluppato un lavoro riguardante: la descrizione specifico-strutturale, la descrizione vegetazionale e quella pedologica. Rilievi diretti consideravano gli aspetti dendrometrici, nonché i parametri dell'ampiezza e della posizione della chioma dei singoli alberi. Ancora attraverso quanto indicato dalle procedure standard delle analisi vegetazionali, si è provveduto ai rilievi floristici i cui risultati sono stati impiegati nella valutazione di indici e parametri di ricchezza di specie e di diversità.

I prelievi di materiale vegetale (gemme, foglie) per le analisi genetiche (valutazione della variabilità genetica), hanno sempre riguardato singoli alberi distanti almeno 100 metri l'uno dall'altro.

Per le specie *Quercus pubescens* e *Q. petraea* il prelievo, effettuato su rametti in luce dell'anno nella porzione medio-bassa della chioma, ha interessato singoli individui caratterizzati da tratti morfologici tipici delle specie stesse così come descritto dalla letteratura più accreditata (Schwarz, 1970; Pignatti 1982; Dupouey e Badeau, 1993; Bacilieri *et al.*, 1995, 1996; Kleinschmit *et al.,* 1995; Gellini e Grossoni, 1997; Bussotti e Grossoni, 1997; Kremer *et al.*, 2002; Bruschi *et al.*, 2000, 2003).

Inoltre per disporre di un più puntuale accertamento sistematico di ogni individuo campionato sono state erborizzate almeno 10 foglie, sulle quali, in laboratorio, sono state eseguite le osservazioni morfometriche di più alto significato sistematico.

8.2 - Struttura del soprassuolo

Per quanto riguarda la metodologia utilizzata nella operatività dei rilievi eseguiti nelle aree di saggio, si è seguito quanto indicato dal software BESTAND (Degenhardt, comunicazione personale), già utilizzato con successo in altri studi simili e che consente un'elaborazione dei dati più spedita.

Questo prevede la delimitazione di aree di saggio di forma rettangolare i cui angoli sono individuati in senso antiorario e di cui il primo, è definito nei confronti del Nord (P_N).

In ogni "test-site" le osservazioni hanno riguardato:

- *Ubicazione degli alberi*. E' stata definita attraverso l'uso di coordinate x e y all'interno di un sistema di assi Cartesiani. Le coordinate sono state misurate in metri (m).
- *Posizione sociale*. E' stata valutata seguendo la classifica-

zione arborea di Kraft del 1884 (in De Philippis, 1949) adattata alla tipologia prevalente nei soprassuoli oggetto di studio[13]. La classificazione di Kraft individua cinque classi di sviluppo in altezza e ampiezza della chioma di ciascun albero in relazione allo sviluppo di quella degli alberi vicini.

- *Diametro a petto d'uomo*. Si è fatto ricorso al cavallettamento totale, considerando il valore medio fra i due valori diametrici presi uno perpendicolare all'altro. Sono stati considerati solo fusti con diametro uguale o superiore a 5 cm.
- *Altezza dell'albero*. Definita come l'altezza del punto più alto della chioma è stata misurata in metri (m) con l'utilizzo dell'ipsometro o del Vertex.
- *Altezza d'inserzione della chioma*. Definita come la distanza verticale dalla base del fusto (ceppaia) al punto di inserimento dal ramo verde più basso, è stata misurata in metri (m) sempre con l'utilizzo dell'ipsometro o del Vertex.
- *Forma dell'area della proiezione della chioma*. E' stata definita da un minimo di quattro ad un massimo di otto punti sul perimetro della proiezione della chioma sul terreno. Questi punti sono stati individuati in coordinate polari prendendo come riferimento di origine le coordinate della posizione dell'albero. Il singolo raggio della chioma è rappresentato dalla distanza fra il centro del fusto ed ogni punto individuato sul perimetro della proiezione della chioma. L'angolo è stato determinato in maniera antioraria partendo dalla direzione nord verso il raggio del punto corrispondente presente sul perimetro della chioma. Le distanze sono state misurate in metri (m) e gli angoli in gradi tra 0∞ e 360°. Gli angoli e i corrispondenti raggi sono ordinati per valori crescenti partendo dall'angolo più piccolo (Angolo 1) e dal corrispondente raggio (Raggio 1).

I valori raccolti sono stati utilizzati per il calcolo in ciascun area della densità, dell'altezza dominante (Hdom), dell'area basimetrica (G) e del diametro medio di area basimetrica (dg). La densità e l'area basimetrica sono state poi riferite all'ettaro. L'utilizzo del *software* BESTAND ha permesso di evidenziare, grazie all'utilizzo di opportuni grafici, le caratteristiche strutturali del soprassuolo delle aree oggetto di studio considerando separatamente i contributi delle singole specie alla determinazione delle caratteristiche suddette.

[13] Tale conclusione è stata decisa dopo il lavoro effettuato nei rilievi preliminari di campagna eseguiti nelle singole Foreste.

Il software è in grado di calcolare la copertura delle chiome (espressa in percentuale della superficie dell'area) ed il raggio medio di chioma (*MCR: mean crown radius*) (m) per le singole specie attraverso la seguente equazione:

$$MCR = \sum_{i=1}^{N} r_i$$

dove r_i sono i raggi delle chiome.

La superficie media della chioma (*CSA: crown surface area*) (m^2), per singole specie, è invece calcolata grazie all'utilizzo della seguente equazione (si considera la chioma come se fosse un paraboloide regolare) (Dong e Kramer, 1985):

$$CSA = \frac{\pi \cdot MCR}{6 \cdot l^2} \cdot \left(\left(4 \cdot l^2 + MCR^2\right)^{\frac{3}{2}} - MCR^3 \right)$$

Basandosi sul numero di alberi e sull'area basimetrica che competono alle singole specie presenti è stato possibile calcolare alcuni indici di diversità di Simpson (1949), di Shannon (Shannon e Weaver, 1949) e di Brillouin (1962) (Tab. 73).

L'indice di Simpson è un indice di abbondanza che esprime la probabilità che due individui qualsiasi presi a caso, in una popolazione infinitamente grande, possono appartenere a specie diverse. L'indice di Shannon è un indice di abbondanza che prevede che gli individui siano campionati in maniera casuale nell'ambito delle specie presenti. L'indice di Brillouin è anch'esso un indice di abbondanza che ha una sua validità anche quando non vi è la garanzia che il campionamento sia stato eseguito in maniera casuale. I valori presentano un range simile a quello dell'indice di Shannon.

Tab. 73. Formule utilizzate per calcolare gli indici di Simpson, di Shannon e di Brillouin in riferimento al numero di alberi e all'area basimetrica.

Indice	Numeri di alberi	Area basimetrica
Brillouin	$HB = \frac{\ln(N!) - \sum_{i=1}^{S} n_i!}{N}$	$HB = \frac{\ln(100!) - \sum_{i=1}^{S} \left(\frac{100 \cdot a_i}{A}\right)!}{100}$
Simpson	$D = 1 - \sum_{i=1}^{S} \left(\frac{n_i}{N}\right)^2$	$D = 1 - \sum_{i=1}^{S} \left(\frac{a_i}{A}\right)^2$
Shannon	$H = -\sum_{i=1}^{S} \left(\frac{n_i}{N}\right) \cdot \ln\left(\frac{n_i}{N}\right)$	$H = -\sum_{i=1}^{S} \left(\frac{a_i}{A}\right) \cdot \ln\left(\frac{a_i}{A}\right)$

Dove: *S* è il numero di specie, *A* è l'area basimetrica totale, *N* è il numero totale di alberi, n_i è il numero di alberi della specie i-esima e a_i è l'area basimetrica delle specie i-esima.

8.3 - Analisi floristica

Per i rilievi sulla vegetazione, che avevano lo scopo di esprimere attraverso parametri sintetici la ricchezza e la diversità vegetazionale, si è seguito quanto indicato dalla metodologia classica applicata alla descrizione e quantificazione (abbondanza/copertura) delle specie vegetali.

La metodologia ha come unità di base l'associazione vegetale (Braun-Blanqet, 1964) che, sebbene riconosciuta in Europa, risulta molto complessa e laboriosa; pertanto tenendo conto delle finalità dell'indagine, per il presente lavoro si è ritenuto opportuno semplificarla, considerando la composizione floristica principale dello strato arboreo, di quello suffrutticoso e di quello erbaceo.

Per l'elaborazione dei dati si è fatto ricorso ancora all'indice di Shannon, ma applicando ad esso il calcolo della sua validazione statistica. L'indice si basa sull'assioma che gli individui siano campionati casualmente da una popolazione "infinitamente grande" e che tutte le specie siano rappresentate nel campione (Krebs, 1985). Esso è espresso dall'equazione:

$$H' = - \Sigma p_i \ln p_i$$

dove p_i è la quantità di individui trovati per la specie i-esima (abbondanza relativa della specie i-esima).

In un campione il vero valore di p_i è sconosciuto ma può essere stimato con n_i/N, estimatore di "maximum likelihood" (Pielou, 1969), dove n_i è il numero di presenza della specie i-esima nelle aree del soprassuolo ed N è il numero totale di aree per soprassuolo. L'uso di n_i/N, come stima di p_i, produce un risultato errato per cui l'indice viene corretto con la serie (Hutcheson, 1970; Bowman *et al.*, 1971):

$$H' = -\Sigma p_i \ln p_i + [(S-1)/N] + [(1-\Sigma p_i^{-1})/12N^2] + \{[\Sigma(p_i^{-1} - p_i^{-2})]/12N^3\}$$

dove S indica il numero totale di specie nel soprassuolo.

Sebbene l'indice di diversità di Shannon prenda in considerazione l'abbondanza relativa delle specie è possibile calcolare anche una stima dell'abbondanza totale attraverso l'equazione di Pielou (1969):

$$E = H'/H_{max} = H'/\ln S$$

dove H_{max} è il valore massimo di diversità.

Per l'indice di diversità , si sono presi in considerazione due diversi parametri:

i) diversità β_W di Whittaker, (1960) che viene utilizzata nella stima della diversità tra le sottoaree lungo un transect

$$\beta_W = (S/\cdot)-1$$

dove S è il numero totale delle specie presenti nel transect, ed · è la media di diversità per sottoarea;

ii) diversità β_C di Cody (1975) che viene utilizzata per stimare la variazione della presenza ed abbondanza delle specie tra le sottoaree lungo il transect (da considerarsi quindi come turnover delle specie)

$$\beta_C = [g(H)+l(H)]/2$$

dove g(H) è il numero di specie che si sono aggiunte lungo il transect, ed l(H) è il numero di specie perse lungo il "transect".

8.4 - Variabilità genetica

Come già indicato i campionamenti del materiale vegetale (gemme, foglie), per le analisi di laboratorio, sono stati eseguiti nei "test-site" (estendendosi alle zone limitrofe) dove presenti. Per le specie e le località non oggetto di aree di saggio il campionamento è stato eseguito nelle aree scelte ad hoc. Sono stati condotti seguendo il protocollo messo a punto in una fase preliminare che prevedeva la raccolta prevalente durante il periodo autunno/primavera e che nell'ambito di ogni popolamento gli individui campionati fossero distanti tra loro almeno 100 metri.

Il trasferimento del materiale vegetale presso il laboratorio di analisi è avvenuto nel più breve tempo possibile. La conservazione è stata effettuata in freezer a -20°C.

Estrazione del DNA

A seconda della specie è stato utilizzato materiale di partenza diverso (foglie o gemme): nel caso delle querce e della zelkova sono state utilizzate foglie adulte; per il faggio e il platano sono state utilizzate le gemme dormienti; i semi e/o le foglie nel caso di orniello e betula; per le conifere sono stati utilizzati aghi.

Il materiale vegetale (circa 50 mg) è stato frantumato meccanica-

mente con azoto liquido per ottenere una polvere fine a cui è stato aggiunto il tampone di estrazione (Qiagen), procedendo all'estrazione del DNA con l'impiego del kit "Dneasy® Plant Mini Kit" (Qiagen).

Marcatori nucleari e plastidiali

Per lo studio della variabilità genetica inter- ed intra-popolazione e per le relazioni filogenetiche tra le specie si è fatto ricorso a marcatori molecolari nucleari e del cloroplasto.

In particolare i marcatori nucleari permettono di valutare la variabilità genetica inter- ed intrapopolazione e di genotipizzare i popolamenti oggetto di studio. I marcatori plastidiali, essendo ereditati per via uniparentale ed esenti da fenomeni di ricombinazione, permettono di determinare le relazioni tra le specie (filogenesi) e come queste si siano evolute in relazione alla loro storia passata (filogeografia).

I microsatelliti (SSR: *Simple Sequenze Repeat*) sono ripetizioni in tandem di brevi sequenze del DNA costituite da 1 a 6 nucleotidi ampiamente diffuse nel genoma eucariotico (105-106 ripetizioni per genoma). Il loro alto polimorfismo dato dalla variabilità nel numero delle ripetizioni delle corte sequenze (da 1 a 6 nucleotidi), permette di ottenere un elevato numero di marcatori. Poiché generalmente i microsatelliti non vengono tradotti e non sono sottoposti a selezione, accumulano mutazioni velocemente nel tempo e quindi risultano utili per determinare i livelli di diversità genetica (Li *et al.*, 2002).

L'alto polimorfismo, la facilità di riproducibilità a partire da piccole quantità di DNA tramite PCR, l'alta frequenza e distribuzione nel genoma, la caratteristica di presentare ereditarietà codominante rende i microsatelliti, nel caso in cui i primer siano disponibili, un efficace strumento per lo studio della genetica di popolazione.

Per le specie di cui non si disponeva dalla bibliografia di primer microsatelliti e/o non era possibile trasferire le informazioni per tali marcatori da specie affini, è stata utilizzata la regione dello spaziatore trascritto interno (ITS, *Internal Transcribed Spacer)* (Fig. 73) del DNA ribosomale (rDNA) per l'analisi della variabilità genetica a livello del genoma nucleare.

La regione ribosomale nucleare (nrDNA) è definita come l'unità contenente il gene per gli RNA ribosomali (rRNA) 18S, lo spaziatore ITS1, il gene per gli rRNA 5,8S, lo spaziatore ITS2 e il gene per gli rRNA 28S.

Fig. 73. Schema della regione ITS .

La regione ITS è altamente ripetuta nel genoma nucleare delle piante. L'intera unità ripetuta del nrDNA è presente in molte migliaia di copie, disposte in ripetizioni in tandem ad un *locus* cromosomico o a *loci* multipli. Questo elevato numero di copie favorisce la loro identificazione, amplificazione, clonaggio e sequenziamento (Baldwin e Robichaux, 1995).

Inoltre, le piccole dimensioni della regione ITS (che nelle angiosperme è inferiore a 700 bp) e la presenza di sequenze altamente conservate fiancheggianti ognuno dei due spaziatori rendono questa regione facile da amplificare tramite PCR, addirittura anche usando materiale proveniente da erbario, utilizzando i *primer* universali riportati in bibliografia (White *et al.*, 1990; Baldwin e Robichaux, 1995; Muir *et al.*, 2001)

Parte delle analisi molecolari sono state condotte sul DNA del cloroplasto (cpDNA), in quanto tale DNA presenta un tasso di mutazione più basso rispetto al DNA nucleare ed i cambiamenti nella struttura del genoma del cloroplasto sono rari poiché risultano rari la trasposizione, la ricombinazione e il trasferimento di sequenze tra genomi diversi. Inoltre, è noto che in genere è ereditato per via uniparentale e quindi non soggetto a fenomeni di ricombinazione che avvengono durante la fecondazione e che potrebbero interferire con l'analisi dei dati. Quindi, il cloroplasto può essere considerato come un genoma che si evolve lentamente ed utilizzabile per studi di filogenesi e filogeografia.

E' stata scelta la regione del cloroplasto compresa fra il *trn* per la leucina (*trn*L) ed il *trn* della fenilalanina (*trn*F) (Fig. 74) in quanto, in uno studio precedente condotto nel genere *Quercus* (Paffetti *et al.*, 2001), tale regione si è dimostrata valida per differenziare le diverse entità di quercia e per individuare il grado di variabilità intraspecifica.

L'introne *trn*L del cloroplasto appartiene agli introni di gruppo I che risultano particolarmente interessanti per la struttura secondaria del RNA il cui mantenimento risulta fondamentale per il loro *splicing*. Questi introni, sebbene abbastanza diversi nella sequenza primaria, si possono ripiegare in una struttura secondaria che presenta delle brevi regioni comuni.

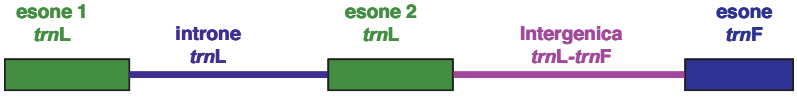


Fig. 74. Schema della regione del cloroplasto compresa fra il *trn* per la leucina ed il *trn* della fenilalanina.

La conservazione di queste brevi regioni tra gli introni del gruppo I è stata osservata nei mitocondri dei funghi, nel rRNA nucleare di *Tetrahymena*, *Physarum*, *Pneumocystis*, nell'mRNA dei batteriofagi T4 e SPO1, nel mRNA cloroplastico e negli introni di tRNA di *Chlamydomonas* e negli introni del tRNA del cloroplasto delle piante superiori. La maggior parte dei nucleotidi conservati sono compresi nelle quattro brevi sequenze denominate P, Q, R e S (Fig. 75). Queste sequenze si trovano sempre nello stesso ordine lungo l'introne (5' – P-Q-R-S – 3'), ma la distanza fra gli elementi delle sequenze adiacenti può variare da 20 a molte centinaia di nucleotidi (Paffetti *et al.,* 2001).

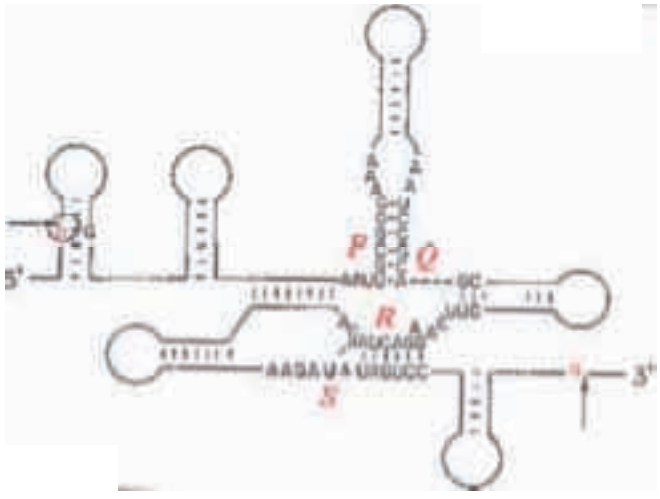


Fig. 75. Posizione delle brevi sequenze conservate all'interno della regione *trn*L–*trn*F.

Condizioni di amplificazione tramite PCR (Polymerase Chain Reaction)

Le reazioni di amplificazione sono state condotte a partire da una quantità di DNA pari a 10 ng/Ìl utilizzando un "Thermocycler", GENEAMP PCR SYSTEM 9700 (Perkin Elmer).

Microsatelliti nucleari (SSR)

Dalla letteratura sono stati selezionati alcuni marcatori microsatelliti per le indagini relative alle popolazioni di *F. sylvatica*, di *Quercus* spp., e di *P. pinaster*, *P. laricio* e *P. halepensis* (Tab. 74). Le reazioni di amplificazione per tutti gli SSRs sono state condotte in 25 Ìl di volume finale.

Nel caso del *F. sylvatica* sono stati utilizzati quattro primer (FS1-15, FS1-25, FS4-46 e FCM5) descritti precedentemente da Pastorelli

et al (2003); le reazioni di amplificazione sono state condotte in accordo con quanto riportato dagli stessi Autori.

Per le indagini condotte sulle popolazioni del genere *Quercus,* sono stati selezionati 5 primer già utilizzati con *Q. petraea* e *Q. macrocarpa* M. I microsatelliti ssrQpZAG15, ssrQpZAG9, ssrQpZAG110 e ssrQpZAG36 sono stati ricavati dalla libreria genomica di *Q. petraea* (EMBL, GenBank, DDBJ *Nucleotide Sequence Databases*), mentre MSQ4 dalla libreria genomica di *Q. macrocarpa*. I primi 4 primer sono stati descritti da Steinkellner *et al.* (1997) mentre l'ultimo da Dow et al. (1995). Rispetto alle altre specie di quercia analizzate, in *Q. suber* il microsatellite QpZAG110 è stato sostituito con il microsatellite ssrQpZAG9 in quanto presentava scarsa riproducibilità.

Le reazioni di amplificazioni sono state condotte come riportato dai vari Autori.

Per il genere *Pinus* sono stati utilizzati i seguenti primer: FRPP91, FRPP94, ITPH4516 e PtTX4001 e le reazioni di amplificazione condotte secondo quanto riportato da Mariette *et al.* (2001) e Gonzàlez-Martìnez *et al.* (2004a).

Tab. 74. Caratteristiche dei primer microsatelliti utilizzati per lo studio della variabilità genetica in popolazioni di *Quercus* spp., *F. sylvatica* e *Pinus* spp.

Locus SSR	Ripetizione	Referenza bibliografica	Genere
FS1-15	$(GA)_{26}$	Pastorelli *et al*., 2003 Mol. Ecol. Notes 3: 76-78.	*Fagus*
FS1-25	$(GA)_{23}$	Pastorelli *et al*., 2003 Mol. Ecol. Notes 3: 76-78.	*Fagus*
FS4-46	$(TGA)_{23}$	Pastorelli *et al*., 2003 Mol. Ecol. Notes 3: 76-78.	*Fagus*
FCM5	$(AG)_{10}$	Pastorelli *et al*., 2003 Mol. Ecol. Notes 3: 76-78.	*Fagus*
ssrQpZAG15	$(AG)_{23}$	Steinkellner *et al.,* 1997 Plant Mol Biol 33:1093–96.	*Quercus*
ssrQpZAG36	$(AG)_{19}$	Steinkellner *et al.,* 1997 Plant Mol Biol 33:1093–96.	*Quercus*
ssrQpZAG9	$(AG)_{12}$	Steinkellner *et al.,* 1997 Plant Mol Biol 33:1093–96.	*Quercus*
ssrQpZAG110	$(AG)_{15}$	Steinkellner *et al.,* 1997 Plant Mol Biol 33:1093–96.	*Quercus*
MSQ4	$(AG)_{17}$	Dow *et al.,* 1995 Theor. Appl. Gen. 91:137–41.	*Quercus*
FRPP 91	$(CT)_{20}$	Mariette *et al*., 2001 Ann. For. Sci. 58: 203-206.	*Pinus*
FRPP 94	$(CT)_{22}$	Mariette *et al*., 2001 Ann. For. Sci. 58: 203-206.	*Pinus*
ITPH 4516	$(CT)_{27}$	Mariette *et al*., 2001 Ann. For. Sci. 58: 203-206.	*Pinus*
PtTX4001	$(CA)_{15}$	Gonzàlez-Martìnez *et al*., 2004a TAG 109: 103-111.	*Pinus*

Regione ITS

Per il *F. ornus,* il *P. orientalis*, l'*I. aquifolium*, la *B. aetnensis*, la *Z. sicula*, il *T. baccata* e l'*A. nebrodensis,* la variabilità genetica è stata analizzata tramite lo studio della regione ribosomale nucleare ITS. Le reazioni di amplificazione sono state condotte in un volume finale di 20 Ìl, utilizzando i primer universali per questa regione e le condizioni di amplificazione come riportato da White *et al.* (1990), Baldwion e Robichaux, (1995), Muir *et al.* (2001).

Analisi con marcatori plastidiali

Le reazioni di amplificazione sono state condotte in un volume finale di 20 Ìl come riportato da Paffetti *et al.* (2001) utilizzando i primer universali (*c* e *d*) per la regione *trn*L-*trn*F del DNA del cloroplasto descritta da Taberlet *et al.* (1991).

Per le popolazioni di *Fagus sylvatica* sono state condotte delle ulteriori indagini nella regione intergenica tra *trn*D e *trn*T (DT) e tra *orf*184 e *pet*A (OA) del cloroplasto. Per tali regioni, nelle reazioni di amplificazione, condotte come riportato in precedenza, sono stati utilizzati i primer per gli spaziatori intergenici della regione DT (Demesure *et al.*, 1995) e della regione OA (Grivett *et al.*, 2001). I prodotti di amplificazione delle regioni DT e OA (1 Ìg di DNA) sono stati digeriti con gli enzimi di restrizione *Hae*III e *Hinf*I (Takara, Japan), rispettivamente, seguendo le specifiche della ditta produttrice. Le miscele sono state analizzate tramite elettroforesi su gel di poliacrilammide all'8% (p/v) in condizioni non denaturanti. I gel, una volta colorati con bromuro di etidio e fotografati, sono stati analizzati con uno "scanner gel UVP" (Photo-Capt, Vilbert Loormat, France). I profili dei prodotti digeriti dei due frammenti sono stati comparati con i profili ottenuti dai frammenti digeriti del DNA di controllo di cui sono noti gli aplotipi (gentilmente forniti da Remy Petit e Thomas Geburek).

Condizioni di "sizing" per SSR

I campioni microsatelliti amplificati sono stati analizzati tramite separazione su elettroforesi a capillare su un ABI PRISM 310 Genetic Analyzer (Applied Biosystem). Per il "sizing" dei microsatelliti viene utilizzato come standard di pesi molecolari noti il Liz 500 (Applied Biosystem) al fine di poter determinare con precisione le dimensio-

ni del frammento amplificato e quindi le dimensioni delle varianti alleliche.

La dimensione dei frammenti è stata automaticamente calcolata utilizzando il software GeneMapper® ver. 4.0.

Sequenziamento

I prodotti di amplificazione della regione ITS del ribosoma e della regione *trn*L-*trn*F del DNA del cloroplasto sono stati direttamente purificati utilizzando il QIAquick® PCR purification kit (Quiagen) da gel utilizzando il QIAquick® Gel Extraction kit (Quiagen) seguendo in entrambi i casi le specifiche istruzioni riportate dalla ditta.

Il sequenziamento diretto del DNA amplificato è stato fatto in entrambe le direzioni da reazioni di amplificazione indipendenti utilizzando il metodo Sanger (Sanger *et al.*, 1977) e il kit "Sequenase" (USB) con le necessarie modifiche per il sequenziamento diretto da PCR.

Analisi dei dati molecolari

La stima della variabilità genetica tra ed entro le popolazioni è stata condotta utilizzando la procedura AMOVA (Analysis of Molecolar Variance) (Excoffier *et al.*, 1992) e il programma ARLEQUIN ver. 2.000 (Schneider *et al.*, 2000) che dà anche i valori degli indici F_{st} ed F_{is}. Si ricorda che, l'indice F_{st} misura la componente della varianza genetica fra le popolazioni e l'indice di fissazione F_{is} (Wright 1951, 1965) esprime lo scostamento dell'eterozigosi osservata (H_o) nelle popolazione rispetto a quella attesa (H_a) secondo la legge di Hardy-Weinberg: se l'indice F_{is} è positivo, si ha un eccesso di omozigoti nella popolazione.

I parametri della diversità genetica totale (h_t), della diversità genetica della popolazione (h_k), e della differenziazione genetica tra popolazioni (G_{st}) sono stati calcolati seguendo i metodi descritti da Pons e Petit (1995). Il contributo alla diversità totale dato da una popolazione (C_t), il contributo dato dalla diversità intrinseca della popolazione (C_s), il contributo dato dalla divergenza della popolazione (C_d), e la ricchezza allelica di una popolazione (P_b) sono stati calcolati come riportato da Petit *et al.*, (1997a).

Le sequenze ottenute in questa indagine sono state allineate

mediante CLUSTAL X (Thompson *et al.,* 1997). I dendrogrammi sono stati ottenuti con il metodo Neighbor-Joining utilizzando la distanza *2-parameter* di Kimura (1980), ed è stato condotto un *bootstrap* con 500 replicazioni utilizzando il programma MEGA 4.0 (*Molecular Evolutionary Genetics Analyses*) (Tamura *et al.*, 2007).

Al fine di correlare filogeneticamente le varianti alleliche ITS è stato utilizzato il *software* Network 4.2.0.1 (Bandelt *et al.*, 1995); l'analisi viene condotta secondo la teoria parsimoniosa[14].

[14] Parsimonia: l'analisi parsimoniosa consiste nel considerare ed accertare il minimo numero di variazioni, (mutazioni).

9. Bibliografia

Afzal-Rafii Z., Dodd R.S. (2007). *Chloroplast DNA supports a hypothesis of glacial refugia over postglacial recolonization in disjunct populations of black pine* (Pinus nigra) *in western Europe*. Mol. Ecol. 16, 723-736.

Aguinagalde I., Hampe A., Mohanty A., Martin J.P., Duminil J., Petit R.J. (2005). *Effects of life-history traits and species distribution on genetic structure at maternally inherited markers in European trees and shrubs*. J. of Biogeography 32, 329-339.

Agúndez D., Degen B., von Wuehlisch G., Alía R. (1997). *Genetic variation of Aleppo pine* (Pinus halepensis Mill) *in Spain*. Forest Genetics 4, 201–209.

Aldrich P.R., Glaubitz J.C., Parker G.R., Rhodes O.E. Jr., Michler C.H. (2005). *Genetic structure inside a declining red oak community in old-growth forest*. J. of Heredity 96, 627-634.

Allendorf F.W., Luikart G. (2007). *Conservation and the genetics of populations*. Blackwell Publishing Ltd.

Bacilieri R., Ducousso A., Kremer A. (1995). *Genetic, morphological and phenological differentiation between* Quercus petraea (Matt.) Liebl. *and* Quercus robur L. *in a mixed stand of Northwest of France*. Silvae Genetica 44, 1-10.

Bacilieri R., Ducousso A., Kremer A. (1996). *Comparison of morphological characters and molecular markers for the analysis of hybridisation in sessile and pedunculate oak*. Ann. Sci. For. 53, 79-91.

Bagnaresi U., Fratello G., Giannini R., Pinzauti S., Proietti A., Raddi S., Roffi F. (1999). *Analisi di modelli colturali multifunzionali in fustaie delle Alpi orientali*. In: *Progetto Strategico Foreste e produzioni forestali nel territotio montano*. Regione Siciliana, S. Agata di Militello 10-11 Aprile 1997.

Bagnaresi U., Giannini R., Merlo M., Grassi G., Minotta G., Paffetti D., Pini Prato E., Brunetti M., Proietti Placidi A.M. (2004). *Caratteristiche strutturali, biodiversità e produzioni sostenibili delle peccete disetanee del Comelico*. Ann. Acc. It. Sci. For. LIII, 143-196.

Baldwin B.G., Robichaux R.H. (1995). *Historical biogeography and ecology of the Hawaiian silverword alliance* (Asteraceae). In*: Hawaiian Biogeography: Evolution on a Hot Spot Archipelago*. (Ed. Wagner W.L. and A. Funk). Smithsonian Institution Press, Washington, DC.

Bandelt H-J., Forster P., Sykes B.C., Richards M.B. (1995). *Mitochondrial portraits of human populations*. Genetics 141, 743-753.

Bellarosa R., Simeone M.C., Papini A., Schirone B. (2005). *Utility of ITS sequence data for phylogenetic reconctruction of Italian* Quercus *spp*. Mol. Phyl. Evol. 34, 355-370.

Besnard G., Tagmount A., Baradat P., Vigouroux A., Bervillé, A. (2002). *Molecular approach of genetic affinities between wild and ornamental* Platanus. Euphytica 126, 401-412

Bodenes C., Labbe T., Pradere S., Kremer A. (1997). *General vs. local differentiation between two closely related white oak species*. Mol. Ecol. 6, 713-724.

Boffa J.M. (2000). *West African agroforestry parkland: Keys to conservation and sustainable management*. Unasylva 51, 11-17.

Boot D., Boulter D., Neave D., Rotherrham T., Welsh D. (1993). *Natural forest landscape management in Canada. Setting a global standard for implementing sustainable development.*, Ottawa, Canada.

Bordacs S., Popescu F., Slade D., Csaikl U.M., Lesur I., Borovics A., Kezdy P., Konig A.O., Gomory D., Brewer S., Burg K., Petit R.J. (2002). *Chloroplast DNA variation of white oaks in northern Balkans and in the Carpathian Basin*. For. Ecol. Man. 156, 197-209.

Bormann F.H., Likens G.E. (1979). *Pattern and process in a forested ecosystem*. Springer-Verlag, New York.

Borsch T., Hilu K. W., Quandt D., Wilde, V., Neinhuis, C., Barthlott, W. (2003). *Noncoding plastid trnT-trnF sequences reveal a well resolved phylogeny of basal angiosperms*. J. Evol. Biol. 16, 558-576.

Bousquet J., Strauss S.H., Li P. (1992). *Complete congruence between morphological and* rbc*L-based molecular phylogenies in birches and related species (Betulaceae).* Mol. Biol. Evol. 9, 1076-1088.

Bowe L.M., Coat G., de Pamphilis C.W. (2000). *Phylogeny of seed plants based on all three genomic compartments: Extant gymnosperms are monophyletic and Gnetales' closest relatives are conifers.* PNAS 97, 4092-4097.

Bowman K.O., Hutcheson K, Odum E.P., Shenton L.R. (1971). *Comments on the distribution of indices of diversity.* In: *Statistical Ecology* (ed. G.P. Patil ECPaWEW). Pennsylvania State University press, Pennsylvania State pp. 315-366.

Braine J., Lisenfeld U., Due P.-A., Leon S. (2000). *Formation of molecular gas in the tidal debris of violent galaxy-galaxy interactions.* Nature 403, 867-869.

Braun-Blanquet J. (1964). *Pflanzensoziologie.* Springer-Verlag, Wien.

Bremer B., Bremer K., Heidari N., Erixon P., Olmstead R.G., Anderberg A.A., Kallersjo M., Barkhordarian E. (2002). *Phylogenetics of asterids based on 3 coding and 3 non-coding chloroplast DNA markers and the utility of non-coding DNA at higher taxonomic levels.* Mol. Phyl. Evol. 24, 274-301.

Brewer S., Cheddadi R., de Beaulieu J.L., Reille M. (2002). *The spread of deciduous Quercus throughout Europe since the last glacial period.* For. Ecol. Man. 156, 27-48.

Brillouin L. (1962). *Science and information Theory*, Second edition. Academic Press Inc. LTD, London.

Broekmeyer M.E.A., Vos W. (1993). *Forest reserves in Europe: a review.* In: *European Forest Reserves.* (ed. Broekmeyer MEA, Vos, W., Koop, H.). European Forest Reserves Workshop, 6-8 May 1992, Wageningen Netherlands.

Brown S., Kresovich S. (1996). *Molecular characterization for genetic resources conservation.* In: *Genomic mapping in plants* (ed. Paterson A). RG Landes Austin, TX, USA.

Bruschi P., Vendramin G.G. (1998). *Ricerche preliminari sull'utilizzazione di marcatori microsatellite nello studio della struttura genetica del popolamento di* Quercus petraea (Matt.) Liebl. *e di* Quercus pubescens Willd. *della Macchia di Berignone - Tatti* (Volterra). Monti e Boschi 5, 21-23.

Bruschi P., Vendramin G.G., Bussotti F., Grossoni P. (2000). *Morphological and molecular differentiation between* Quercus petraea *(Matt.) Liebl. and* Quercus pubescens *Willd. (Fagaceae) in Northern and Central Italy*. Ann. Bot. 85, 325-333.

Bruschi P., Vendramin G.G., Bussotti F., Grossoni P. (2003). *Morphological and molecular diversity among Italian population of* Quercus petraea *(Fagaceae)*. Annals of Botany 91, 707-716.

Bucci G., Anzidei M., Madaghiele A., Vendramin G.G. (1998). *Detection of haplotypic variation and natural hybridization in halepensis-complex pine species using chloroplast simple sequence repeat (SSR) markers*. Mol. Ecol. 7, 1633-1643.

Bucci G., Gonzalez-Martinez S.C., Le Provost G., Plomion C., Ribeiro M.M., Sebastiani F., Alia R., Vendramin G.G. (2007). *Range-wide phylogeography and gene zones in* Pinus pinaster *Ait. revealed by chloroplast microsatellite markers*. Mol. Ecol. 16, 2137-2153.

Burban C., Petit R.J. (2003). *Phylogeography of maritime pine inferred with organelle markers having contrasted inheritance*. Mol. Ecol. 12, 1487-1495.

Burrough P.A. (1986). *Principles of geographical information systems for land resources assessment*. Oxford University press, Oxford.

Bussotti F., Grossoni P. (1997). *Querce europee e mediterranee: problemi tassonimici*. L'Italia Forestale e Montana 4, 240-260.

Camus A. (1936 - 1938). *Les Chènes. Monographie du genre Quercus*. 1.P. Lechevalier ed., Paris.

Chagné D., Lalanne C., Madur D., Kumar S., Frigério J-M., Krier C., Decroocq S., Savouré A., Bou-Dagher-Kharrat M., Bertocchi E., Brach J., Plomion C. (2002). *A high density genetic map of maritime pine based on AFLPs*. Ann. For. Sci 59, 627-636.

Chagné D., Chaumeil P., Ramboer A., Collada C., Guevara A., Cervera M., Vendramin G.G., Garcia V., Frigerio J.M., Echt C., Richardson T., Plomion C. (2004). *Cross-species transferability and mapping of genomic and cDNA SSRs in pines*. TAG 109, 1204-1214.

Chapin III F.S., Zavaleta E.S., Eviner V.T., Naylor R.L., Vitousek P.M., Reynolds H.L., Hooper D.U., Lavorel S., Sala O.E., Hobbie S.E., Mack M.C., Diaz S. (2000). *Consequences of changing biodiversity*. Nature 405, 234-242.

Chen Z.D., Manchester S.R., Sun H.Y. (1999). *Phylogeny and evolution of the Betulaceae as inferred from DNA sequences, morphology, and paleobotany*. American J. of Botany 86, 1168-1181.

Cheng Y., Nicolson R.G., Tripp K., Chaw S-M. (2000). *Phylogeny of* Taxaceae *and* Cephalotaxaceae *genera inferred from Chloroplast* mat*K gene and nuclear rDNA ITS region*. Mol. Phyl. Evol. 14, 353-365.

Ciancio O., Corona P. (2000). *Risorse forestali italiane e prospettive di sviluppo*. Accademia delle Scienze, Roma.

Ciancio O., Corona P., Marchetti M., Nocentini S. (2002). *Metodologia per la gestione delle risorse forestali nei Parchi nazionali*. In: *Linee guida per la gestione sostenibile nei Parchi Nazionali*. (ed. Ciancio O. CP, Marchetto M., Nocentini S.). Acc. It. Sci. For., Firenze.

Clark I. (1979). *Practical Geostatistics*. Elsevier Applied Science Publishers, London, New York.

Coart E., Lamote V., De Loose M.D., Van B., Bockstaele E.V., Lootens P., Roldán R., Roldán-Ruiz I. (2002). *AFLP markers demonstrate local genetic differentiation between two indigenous oak species* [Quercus robur *L. and* Quercus petraea *(Matt.) Liebl.*] *in Flemish populations*. TAG 105, 431-439.

Cody M.L. (1975). *Towards a theory of continental species diversity bird distribution over Maditerranean habitat gradients*. In: *Ecology and Evolution of Communities* (ed. Diamond MLCaJM), pp. 214-257. Hardward University Press, Cambridge.

Comps B., Thièbaut 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., Gomory J., Letouzey J., Thièbaut B., Petit R.J. (2001). *Diverging trends between heterozygosity and allelic richness during postglacial colonization in the European beech*. Genetics 157, 389 - 397.

Conte L., Cotti C., Schicchi R., Raimondo F.M., Cristofolini G. (2004). *Detection of ephermeral genetic sub-structure in the narrow endemic* Abies nebrodensis *(Lojac.) Mattei (Pinaceae) using RAPD markers*. Plant Biosys. 138, 279-289.

Cottrell J.E., Munro R.C., Tabbener H.E., Gillies A.C.M., Forrest G.I., Deans J.D., Lowe A.J. (2002). *Distribution of chloroplast DNA variation in British oaks* (Quercus robur *and* Q. petraea): *the influence of postglacial colonisation and human management*. For. Ecol. Man. 156, 181-195.

Crow J.F., Kimura M. (1970). *An introduction to population genetics theory*. Harper & Row Publishers, New York.

Csaikl U.M., Burg K., Fineschi S., Konig A.O., Matyas G., Petit R.J. (2002a). *Chloroplast DNA variation of white oaks in the alpine region*. For. Ecol. Man. 156, 131-145.

Csaikl U.M., Glaz I., Baliuckas V., Petit R.J., Jensen JS. (2002b). *Chloroplast DNA variation of white oak in the Baltic countries and Poland*. For. Ecol. Man. 156, 211-222.

Cuenoud P., Del Pero Martinez M.A., Loizeau P-A., Spichiger R., Andrews S., Manen J-F. (2000). *Molecular Phylogeny and Biogeography of the Genus* Ilex L. *(Aquifoliaceae)*. Ann. Bot. 85, 111-122.

De Philippis A. (1949). *I diradamenti boschivi nella scienza, nella sperimentazione, nell'arte colturale* Universitaria Ed., Firenze.

Demesure B.N., Sodzi B.N., Petit R.J. (1995). *A set of universal primers for amplification of polymorphic noncoding regions of mitochondrial and chloroplast DNA in plants*. Mol. Ecol. 4, 129–131.

Demesure B., Comps B., Petit R.J. (1996). *Chloroplast DNA Phylogeography of the Common Beech* (Fagus sylvatica *L.) in Europe*. Evolution 50, 2515-2520.

Denk T., Grimm G.W. (2005). *Phylogeny and biogeography of Zelkova* (*Ulmaceae* sensu stricto) *as inferred from leaf morphology, ITS sequence data and the fossil record*. Bot. J. Linnean Society 147, 129-157.

Derory J., Mariette S., Gonzaléz-Martínez S.C., Chagné D., Madura D., Gerber S., Brach J., Persyn F., Ribeiro M.M., Plomion C. (2002). *What can nuclear microsatellites tell us about maritime pine genetic resources conservation and provenance certification strategies?* Ann. For. Sci. 59, 699-708.

Di Martino A., Raimondo F.M. (1979). *Biological and chorological survey of the Sicilian flora*. Webbia 34, 309-335.

Di Noto G., Grossoni P., Bussotti F. (1995). *Variabilità morfologica nel genere* Quercus *L. (Fagaceae) nel territorio delle Madonie: confronto fra exsiccata dell'*Herbarium Panormitanum *e campioni raccolti in natura*. Informatore Botanico Italiano27, 303-304.

Di Noto G., Schicchi R., Grossoni P., Bussotti F. (1998). *Contributo metodologico alla conoscenza delle querce caducifoglie siciliane: analisi macro e micromorfologiche*. Monti e Boschi 3/4, 33-36.

Dong P.H., Kramer H. (1985). *Beziehungen zwishen Zuwachs und Kronenparametern in immissionsgeschaedigten Nadelholzbestaenden*. Deutscher Verband Forstlicher Forschungsanstalten, Sektion Ertragskunde

Dow B.D., Ashley M.V., Howe H.F. (1995). *Characterisation of highly variable (GA/CT)n microsatellites in the bur oak*, Quercus macrocarpa. TAG 91, 137-141.

Ducci F., Prietti R., Favre J.M. (1999). *Allozyme assessment of genetic diversità within the relic Sicilian fir* Abies nebrodensis *(Lojac.) Mattei*. Ann. For. Sci. 56, 345-355.

Duminil J., Pemonge M.H., Petit R.J. (2002). *A set of 35 consensus primer pairs amplifying genes and introns of plant mitochondrial DNA*. Mol. Ecol. Notes 2, 428-430.

Dumolin-Lapegue S., Demesure B., Fineschi S., Corre V. L., Petit R. J. (1997). *Phylogeographic structure of white oaks throughout the European continent*. Genetics 146, 1475-1487.

Dumolin-Lapegue S., Pemonge M.H., Petit R.J. (1998). *Association between chloroplast and mitochondrial lineages in oaks*. Mol Biol Evol 15, 1321-1331.

Dupouey J.L., Badeau V. (1993). *Morphological variability of oaks* (Q. robur *L.*, Q. petraea *(Matt.) Liebl.,* Q. pubescens *Willd.) in northeastern France: preliminary results*. Ann. Sciences Forestières 50 35-40.

Eisner T., Lubchenco J., Wilson E.O., Wilcove D.S., Bean M.J. (1995). *Building a scientifically sound policy for protecting endangered species*. Science 268, 1231-1233.

Elena-Rossellò J.A., Cabrera E. (1996). *Isozymes variation in natural populations of Cork-oak* (Quercus suber L.). Silvae Genetica 45, 229-235.

Emborg J. (1998). *Understorey light conditions and regeneration with respect to the structural dynamics of a near-natural temperate deciduous forest in Denmark*. For. Ecol. Man. 106, 83-95.

Emborg J., Christensen M., Heilmann-Clausen J. (2000). *The structural dynamics of Suserup Skov, a near-natural temperate deciduous forest in Denmark*. For. Ecol. Man. 126, 173-189.

Emiliani G., Paffetti D., Vettori C. Giannini R. (2004). *Geographic distribution of genetic variability of* Fagus sylvatica *L. in Southern Italian populations*. Forest Genetics 11, 231-237.

Eriksson G., Namkoong G., Roberds J.H. (1993). *Dynamic gene conservation for uncertain futures*. For. Ecol. Man. 62, 15-37.

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.

Ferris C., Oliver R.P., Davy A.J., Hewitt G.M. (1993). *Native oak chloroplasts reveal an ancient divide across Europe*. Mol. Ecol. 2, 337-344.

Ferris C., King R.A., Vainola R., Hewitt G.M. (1998). *Chloroplast DNA recognizes three refugial sources of European oaks and suggests independent eastern and western immigrations to Finland*. Heredity 80, 584-593.

Fierotti G. (1997). *I suoli della Sicilia*. Arti Grafiche Pezzino s.r.l., Palermo.

Fineschi S., Taurchini D., Scudieri G. (1998). *Polimorfismo del DNA cloroplastico in popolazioni di* Quercus pubescens *Willd. della Sicilia*. Monti e Boschi 5, 17-20.

Fineschi S., Anzidei M., Cafasso D., Cozzolino S., Garfì G., Pastorelli R., Salvini D., Taurchini D., Vendramin G.G. (2002a). *Molecular markers reveal a strong genetic differentiation between two European relic tree species*: Zelkova abelicea *(Lam.) Boissier and* Z. sicula *Di Pasquale, Garfì & Quézel* (Ulmaceae). Cons. Gen. 3, 145-153.

Fineschi S., Taurchini D., Grossoni P., Petit R.J., Vendramin G.G. (2002b). *Chloroplast DNA variation of white oaks in Italy*. For. Ecol. Man. 156, 103-114.

Fineschi S., Cozzolino S., Migliaccio M., Musacchio A., Innocenti M., Vendramin G.G. (2004a). *Sicily represents the Italian reservoir of chloroplast DNA diversity of* Quercus ilex *L.* (Fagaceae). Ann. For. Sci. 62, 79-84.

Fineschi S., Cozzolino S., Migliaccio M., Vendramin G.G. (2004b). *Genetic variation of relic tree species: the case of Mediterranean* Zelkova abelicea *(Lam.) Boisser and Z. sicula Di Pasquale, Garfi and Quezel* (Ulmaceae). For. Ecol. Man. 197, 273-278.

Fineschi S., Vendramin G.G. (2004). *La diversità cloroplastica delle querce italiane: evidenze di una maggiore ricchezza genetica nelle popolazioni meridionali e insulari*. Forest@ 1, 82-87.

Finkeldey R, Mátyás G. (2003). *Genetic variation of oaks* (Quercus *spp.) in Switzerland. 3. Lack of impact of postglacial recolonization history on nuclear gene loci*. TAG 106, 346-352.

Finkeldey R. (2001a). *Genetic variation of oaks* (Quercus *spp.) in Switzerland. 1. Allelic diversity and differentiation at isozyme gene loci*. For Genet 8, 185-195.

Finkeldey R. (2001b). *Genetic variation of oaks* (Quercus *spp.) in Switzerland. 2. Genetic structures in "pure" and "mixed" forests of pedunculate oak* (Q. robur *L.) and sessile oak* [Q. petraea *(Matt.) Liebl.*]. Silvae Genetica 50, 22-30.

Forcier L.K. (1975). *Reproductive strategies and co-occurrence of climx tree species*. Science 189, 808-810.

Fourré J.L., Berger P., Niquet L., Andre P. (1997). *Somatic embryogenesis and somaclonal variation in Norway spruce: morphogenetic, cytogenetic and molecular approaches*. TAG 94, 159-169.

Franklin J.F., Spies T.A., Pelt R.V., Carey A.B., Thornburgh D.A., Berg D.R., Lindenmayer D.B., Harmon M.E., Keeton W.S., Shaw D.C., Bible K., Chen J. (2002). *Disturbances and structural development of natural forest ecosystems with silvicultural implications, using Douglas-fir forests as an example*. For. Ecol. Man. 155, 399-423.

Gaston K.J. (2000). *Global patterns in biodiversity*. Nature 405, 220-227.

Gellini R., Grossoni P. (1997) *Botanica Forestale - II Angiosperme* CEDAM, Padova.

Gerber S., Mariette S., Streiff R., Bodenes C., Kremer A. (2000). *Comparison of microsatellites and amplified fragment length polymorphism markers for parentage analysis*. Mol. Ecol. 9, 1037-1048.

Giannini R., Magini E. (1977). *Sul trattamento dei boschi da seme*. L'Italia Forestale e Montana XXXII, 229-240.

Giannini R., Stettler R.F., Giordano E. (1998). *Biodiversità e miglioramento genetico in una selvicoltura sostenibile*. 2° Congresso Nazionale di Selvicoltura, Venezia 24-27 giugno 1998. 175-218.

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

Giannini R., Vendramin G.G., Sebastiani F., Emiliani G., Paule L. (2003). *Retention of old forest stands and individual old trees*. In: *Encyclopedia of Life Support Systems*. Eolss Publishers.

Gomez A., Vendramin G.G. Gonzalez-Martinez S.C., Alia R. (2005). *Genetic diversity and differentiation of two Mediterranean pines* (Pinus halepensis *Mill. and* Pinus pinaster *Ait.*) *along a latitudinal cline using chloroplast microsatellite markers*. Diversity and Distributions 11, 257-263.

Gomory D., Paule L., Brus R., Zhelev P., Tomovic Z., Gracan J. (1999). *Genetic differentiation and phylogeny of beech on the Balkan peninsula*. J. Evol. Bio. 12, 746-754.

Gomory D., Yakovlev I., Zhelev P., Jedináková J., Paule L. (2001). *Genetic differentiation of oak populations within the* Quercus robur/Quercus petraea *complex in Central and Eastern Europe*. Heredity 86, 557-563.

Gomory D., Paule. L., Shvadchak. I.M., Popescu F., Sulkowska M., Hynek V., Longauer R. (2003). *Spatial patterns of the genetic differentiation in European beech* (Fagus sylvatica *L.*) *at allozyme loci in the Carpathians and the adjacent regions*. Silvae Genetica 52, 78-83.

González-Martínez S.C., Agúndez D., Alía R., Salvador L., Gil L. (2001). *Geographical variation of gene diversity of* Pinus pinaster . In: *Genetic response of forest systems to changing environmental conditions* (ed. eds Schubert R M-SG). Kluwer Academic Press, Dordrecht.

González-Martínez S.C. Gerber S., Cervera M.T., Martínez-Zapater J.M., Gil L., Alía R. (2002). *Seed gene flow and fine-scale structure in a Mediterranean pine* (Pinus pinaster *Ait.*) *using nuclear microsatellite markers*. TAG 104, 1290–1297.

González-Martínez S.C., Mariette S., Ribeiro M.M., Burban C., Raffin A., Chambel M.R., Ribeiro C.A.M., Aguiar A., Plomion C., Alia R., Gil L., Vendramin G.G., Kremer A. (2004a). *Genetic resources in maritime pine (*Pinus pinaster *Aiton): molecular and quantitative measures of genetic variation and differentiation among maternal lineages*. For. Ecol. Man. 197, 103-115.

González-Martínez S.C., Robledo-Arnuncio J.J., Collada C., Díaz A., Williams C.G., Alía R., Cervera M.T. (2004b). *Cross-amplification and sequence variation of microsatellite loci in Eurasian hard pines*. TAG 109, 103–111.

Goor A.Y., Barney C.W. (1968). *Forest tree planting in arid zones*. Ronald Press Co., New York.

Grassi G., Minotta G., Giannini R., Bagnaresi U. (2003). *The structural dynamics of managed uneven-aged conifer stands in the Italian eastern Alps*. For. Ecol. Man. 185, 225-237.

Grivet D., Heinze B., Vendramin G.G., Petit R.J. (2001). *Genome walking with consensus primers: application to the large single copy region of chloroplast DNA*. Mol. Ecol. Notes 1, 345-349.

Grivet D., Deguilloux M-F., Petit R.J., Sork V.L. (2006). *Contrasting patterns of historical colonization in white oaks* (Quercus spp.) *in California and Europe*. Mol. Ecol. 15, 4085-4093.

Gugerli F., Sperisen C., Buchler U., Brunner I., Brodbeck S., Palmer J.D., Qiu Y-L. (2001). *The Evolutionary Split of Pinaceae from Other Conifers: Evidence from an Intron Loss and a Multigene Phylogeny*. Mol. Phyl. Evol. 21, 167-175.

Hamann A., Koshy M.P., Namkoong G., Ying C.C. (2000). *Genotype ? environment interactions in* Alnus rubra: *developing seed zones and seed-transfer guidelines with spatial statistics and GIS*. For. Ecol. Man. 136, 107-119.

Harbourne M., Douglas G., Waldren S., Hodkinson T. (2005). *Characterization and primer development for amplification of chloroplast microsatellite regions of* Fraxinus excelsior. J. of Plant Res. 118, 339-341.

Heuertz M., Carnevale S., Fineschi S., Sebastiani F., Hausman J.F., Paule L., Vendramin G.G. (2006). *Chloroplast DNA phylogeography of European ashes*, Fraxinus *sp. (Oleaceae): roles of hybridization and life history traits*. Mol. Ecol. 15, 2131-2140

Hey J. (1991). *The structure of genealogies and the distribution of fixed differences between DNA-sequences samples from natural populations*. Genetics 128, 831-840.

Heywood J.S. (1986). *The effect of plant size variation on genetic drift in populations of annuals*. The American Naturalist 127, 851-861.

Heywood H. (1998). *The Mediterranean region. A major centre of plant diversity*. In: *Wild food and non-food plants: information networking* (ed. Heywoods VH, Skoula M.), pp. 5-15. Proceeding of the II MEDUSA Regional Workshop. Cahiers CIHEAM Option Mediterraneennes.

Hilfiker K., Gugerli F., Schütz J-P., Rotach P., Holderegger R. (2004). *Low RAPD variation and female-biased sex ratio indicate genetic drift in small populations of the dioecious conifer* Taxus Baccata *in Switzerland*. Cons. Genetics 5, 357-365.

Hofmann A. (1960). *Il faggio in Sicilia*. Gianasso Editore, Sondrio.

Hudson R.R. (1990). *Gene genealogies and the coalescent process*. Oxf. Surv. Evol. Biol 7, 1-44.

Hughes J.B., Daily G.C., Ehrlich P.R. (1997). *Population diversity: its extent and extinction*. Science, 689 - 692.

Huntley B., Birks H.J.B. (1983). *An Atlas of Past and Present Pollen Maps for Europe: 0–13000 Years Ago*. Cambridge University Press, Cambridge, UK.

Huston M.A., Aarssen L.W., Austin M.P., Cade B.S., Fridley J.D., Garnier E., Grime J.P., Hodgson J., Lauenroth W.K., Thompson K., Vandermeer J.H., Wardle D.A., Hector A., Schmid B., Beierkuhnlein C., Caldeira M.C., Diemer M., Dimitrakopoulos P.G., Finn J.A., Freitas H., Giller P.S., Good J., Harris R., Hogberg P., Huss-Danell K., Joshi J., Jumpponen A., Korner C., Leadley P.W., Loreau M., Minns A., Mulder C.P.H., O'Donovan G., Otway S.J., Pereira J.S., Prinz A., Read D.J., Scherer-Lorenzen M., Schulze E.D., Siamantziouras A.S.D., Spehn E., Terry

A.C., Troumbis A.Y., Woodward F.I., Yachi S., Lawton J.H. (2000). *No consistent effect of plant diversity on productivity.* Science 289, 1255a-.

Hutcheson K. (1970). *A test for comparing diversities based on the Shannon formula*. J. Theor. Biol. 29, 151-154.

IUCN (2001). *IUCN Red list Categories and Criteria: Version 3.1* IUCN Species Survival Commission,, Switzerland and Cambridge UK.

James A.N. (1999). *Institutional constraints to protected area funding*. Parks 9, 15-26.

Jeandroz G., Faivre-Rampant F., Pugin A. Bousquet J., Bervillé A. (1995). *Organization of nuclear ribosomal DNA and species-specific polymorphism in closely related* Fraxinus excelsior *and* F. oxyphylla. TAG 91, 885-892.

Jeandroz S., Roy A., Bousquet J. (1997). *Phylogeny and phylogeography of the circumpolar genus* Fraxinus *(oleaceae) based on internal transcribed spacer sequences of nuclear ribosomal DNA*. Mol. Phy. Evol.7, 241-251.

Jensen J.S., Gillies A., Csaikl U., Munro R., Madsen S.F., Roulund H., Lowe A. (2002). *Chloroplast DNA variation within the Nordic countries*. For. Ecol. Man. 156, 167-180.

Jimenez P., Agundez D., Alia R., Gil L. (1999). *Genetic variation in central and marginal populations of* Quercus suber *L.*. Silvae Genetica 48, 278-284.

Jiménez P., López de Heredia U., Collada C., Lorenzo Z., Gil L. (2004). *High variability of chloroplast DNA in three Mediterranean evergreen oaks indicates complex evolutionary history*. Heredity 93, 510-515.

Johnson R.C., Bradley V., Evans M.A. (2005). *Seed sampling method, genetic structure and growyh of model rye-grass population after three regeneration cycles*. PGR Newsletter 144, 1-7.

Jump A.S., Hunt J.M. Martinez-Izquierdo J.A., Penuelas J. (2006). *Natural selection and climate change: temperature-linked spatial and temporal trends in gene frequency in* Fagus sylvatica. Mol. Ecol. 15, 3469-3480.

Jump A.S., Penuelas J. (2007). *Extensive spatial genetic structure revealed by AFLP but not SSR molecular markers in the wind-pollinated tree*, Fagus sylvatica. Mol. Ecol.16, 925-936.

Karp A. (2000). *The new genetic era: will it help us in managing genetic diversity?*. SAT 21 Meeting, IPGRI, FRIM, Kuala Lumpur, Malaysia

Karpinska B., Karpinski S., Hällgren J.E. (1997). *The chlB gene encoding a subunit of light-independent protochlorophyllide reductase is edited in chloroplasts of conifers*. Current Genetics 31, 343-347.

Kaul R.N. (1970). *Afforestation in Arid zones* Dr. W. JUNK N.V. edn. Publishers The Hague.

Kelleher C.T., Hodkinson T.R., Douglas G.C., Kelly D.L. (2005). *Species distinction in Irish populations of* Quercus petraea *and* Q. robur: *morphological versus molecular analyses*. Ann. Bot. 96, 1237-1246.

Keys R.N., Autino A., Edwards K.J., Fady B., Pichot C., Vendramin G.G. (2000). *Characterization of nuclear microsatellites in* Pinus halepensis *Mill. and their inheritance in* P. halepensis *and* Pinus brutia *Ten*. Mol. Ecol. 9, 2155–2234.

Kimura M. (1980). *A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences*. J. of Mol. Evol. 16, 11B120.

Kleinschmit J.R.G., Bacilieri R., Kremer A., Roloff A. (1995). *Comparison of morphological and genetic traits of pedunculate oak (*Q. robur *L.) and sessile oak (*Q. petraea *(Matt.) Liebl.)*. Silvae Genetica 44, 256-269.

Konig A.O., Ziegenhagen B., van Dam B.C., Csaikl U.M., Coart E., Degen B., Burg K., de Vries S.M.G., Petit R.J. (2002). *Chloroplast DNA variation of oaks in western Central Europe and genetic consequences of human influences*. For. Ecol. Man. 156, 147-166.

Korol L., Madmony A. Riov Y., Schiller G. (1995). Pinus halepensis *x* Pinus brutia *subsp. brutia hybrids? Identification using morphological and biochemical traits*. Silvae Genetica 7, 186–190.

Koshy M.P., Namkoong G., Kageyama P., Stella A., Gandara F., Amarl W. (2002). *Desion-making strategies for conservation and use of forest genetic resources*. In: *Managing plant genetic diversity* (ed. JMM Engels VR, AHD Brown e MT Jackson,). IPGRI, Rome, Italy

Krebs C.J. (1985). *Ecology: the experimental analysis of distribution and abundance* Harper and Row, New York.

Kremer A., Petit R.J., Zanetto A., Fougère V., Ducousso A., Wagner D., Chauvin C. (1991). *Nuclear and organelle diversity in* Quercus robur *and* Q. petraea. In: *Variation in European Populations of Forest Trees* (ed. Muller-Starck G, Ziehe, M. (Eds.). Sauerländer's Verlag, Frankfurt am Main.

Kremer A., Zanetto A. (1997). *Geographical structure of gene diversity in* Quercus petraea *(Matt.) Liebl. II. Multilocus patterns of variation*. Heredity 78, 476-489.

Kremer A., Dupouey J.L., Deans J.D., Cottrell J., Csaikl U., Finkeldey R., Espinel S., Jensen J., Kleinschmit J.R.G., Van Dam B., Ducousso A., Forrest I., Lopez de Heredia U., Lowe A.J., Tutkova M., Munro R.C., Steinhoff S., Badeau V. (2002). *Leaf morphological differentiation between* Quercus robur *and* Quercus petraea *is stable across western European mixed oak stands.* Annals of Forest Science 59, 777-787.

La Mantia T., Marchetti M., Cullotta S. Pasta S. (2000). *Materiali conoscitivi per una classificazione dei tipi forestali e preforestali della Sicilia. I parte: metodologia ed inquadramento generale.* L'Italia Forestale e Montana 5, 307-326.

La Mantia T., Marchetti M., Cullotta S., Pasta S. (2001). *Materiali conoscitivi per una classificazione dei tipi forestali e preforestali della Sicilia. II parte: descrizione delle categorie.* L'Italia Forestale e Montana 1, 24-47.

La Mantia T., Pasta S. (2005). *The Sicilian phanerophytes: still a noteworthy patrimoni, soon a lost resources? Monitoring and indicators of forest biodiversity in Europe - from ideas to operationality*. EFI Proceeding (Ed. Marchetti M.) 51, 515-525.

Lambardi M., De Carlo A. (2003). *Application of tissue culture to the germplasm conservation of temperate broad-leaf trees*. In: *Micropropagation of Woody Trees and Fruits* (ed. (eds) SMJaKI), pp. 815-840. Kluwer Ac. Pub., Dordrecht.

Langlet O. (1971). *Two hundred years genecology*. Taxon 20, 653-722.

Le Corre V., Dumolin-Lapegue S., Kremer A. (1997). *Genetic variation at allozyme and RAPD loci in sessile oak* Quercus petraea *(Matt.) Liebl.: the role of history and geography*. Mol. Ecol.6, 519-529.

Le Corre V., Roussel G., Zanetto A., Kremer A. (1998). *Geographical structure of gene diversity in* Quercus petraea

(Matt.) Liebl. III. Patterns of variation identified by geostatistical analyses. Heredity 80, 464-473.

Leibundgut H. (1978). *Die waldpflege*. Paule Hamp, Bern-Stuttgart, pp. 204.

Leonardi S., Menozzi P. (1995). *Genetic variability of* Fagus sylvatica *L. in Italy: the role of post-glacial recolonization*. Heredity 75, 35-44.

Li Y-C., Korol A.B., Fahima T., Beiles A., Nevo E. (2002). *Microsatellites: genomic distribution, putative functions and mutational mechanisms: a review*. Mol. Ecol. 11, 2453-2465.

Loreau M., Naeem S., Inchausti P., Bengtsson J., Grime J.P., Hector A., Hooper D.U., Huston M.A., Raffaelli D., Schmid B., Tilman D., Wardle D.A. (2001). *Biodiversity and ecosystem functioning: current knowledge and future challenges*. Science 294, 804-808.

Lu M-Z., Szmidt A.E., Wang X-R. (1998). *RNA editing in gymnosperms and its impact on the evolution of the mitochondrial coxI gene*. Plant Mol. Biol.37, 225-234.

Luck G.W., Daily G.C., Ehrlich P.R. (2003). *Population diversity and ecosystem services*. Trend Ecol. Evol. 18, 331 - 336.

Lumaret R., Mir C., Michaud H., Raynal V. (2002). *Phylogeographical variation of chloroplast DNA in holm oak (*Quercus ilex *L.)*. Mol. Ecol.11, 2327-2336.

Lumaret R., Tryphon-Dionnet M., Michaud H., Sanuy A., Ipotesi E., Born C., Mir C. (2005). *Phylogeographical variation of chloroplast DNA in cork oak* (Quercus suber). Ann. Bot. 96, 853-861.

Mace G.M., Gittleman J.L., Purvis A. (2003). *Preserving the tree of life*. Science 300, 1707-1709.

Maggini F., Marrocco R., Gelati M.T., Dominicis R.I. (1998). *Lengths and nucleotide sequences of the internal spacers of nuclear ribosomal DNA in gymnosperms and pteridophytes*. Plant Syst. Evol. 213, 199-205.

Magini E. (1972). *Il miglioramento delle piante forestali in Italia*. Sementi Elette 18.

Magini E. (1979). *Metodi di miglioramento delle piante forestali*. CLUSF, Firenze.

Magri D., Vendramin G.G., Comps B., Dupanloup I., Geburek T., Gomory D., Scaron, A.N., Latalowa M., Litt T., Paule L., Roure J.M., Tantau I., van der Knaap W.O., Petit R.J., de Beaulieu J-L. (2006). *A new scenario for the Quaternary history of European beech populations: palaeobotanical evidence and genetic consequences*. New Phytologist 171, 199-221.

Magurran A.M. (1983). *Ecological diversity and its measurement* Royal Society. University Research Fellow University College of North Wales, Bangor.

Manen J.F., Boulter M.C., Naciri-Graven Y. (2002). *The complex history of the genus* Ilex *L.* (Aquifoliaceae): *evidence from the comparison of plastid and nuclear DNA sequences and from fossil data*. Plant Syst. Evol. 235, 79-98.

Manos P.S., Doyle J.J., Nixon K.C. (1999). *Phylogeny, biogeography, and processes of molecular differentiation in* Quercus *subgenus* Quercus *(Fagaceae)*. Mol. Phy. Evol.12, 333-349.

Marchetti M., Lombardi F. (2006). *Analisi quali-quantitativa del legno morto in soprassuoli non gestiti: il caso di Bosco Pennataro", alto Molise*. L'Italia Forestale e Montana 4, 275-302.

Margalef R. (1972). *Homege to evelyn hutchinson, or why is there upper limit to diversity*. Trans. Connect. Acad. Arts. Sci. 44, 211-235.

Marguglio T. (1972). *Il pino marittimo di Pantelleria*. Editrice Selinus, Palermo.

Margules C.R., Pressey R.L. (2000). *Systematic conservation planning*. Nature 405, 243-253.

Mariette S., Chagnè D., Decrocq S., Vendramin G.G., Lalanne C., Madur D., Olomion C. (2001). *Microsatellite markers for* Pinus pinaster *Ait*. Ann. For. Sci 58, 203-206.

Matheron G. (1971). *The theory of regionalized variables and its application* Ecole Nationale Superieure des Mines, Paris.

Mátyás G., Sperisen C. (2001). *Chloroplast DNA polymorphisms provide evidence for postglacial re-colonisation of oaks* (Quercus *spp.*) *across the Swiss Alps*. TAG 102, 12-20.

Mayer H., Neumann M., Sommer H.G. (1980). *Bestandesaufbau und verjüngungsdynamik unter dem einfluss natürlicher*

wilddchten im kroatischen urwaldreservat Corkova Uvala/Plitvicer seen. Schweiz. Z. Forstwes. 131, 45-70.

Mayol M., Rossello J.A. (2001). *Why nuclear ribosomal DNA spacers (ITS) tell different stories in* Quercus. Mol. Phy. Evol. 19, 167-176.

McCann K. (2007). *Protecting biostructure*. Nature 446, 29.

Mercurio R., Spampinato G. (2001). *Primo contributo alla definizione tipologica delle sugherete della Calabria*. Congresso SISEF - "Alberi e Foreste per il Nuovo Millennio 15-18 Ott 2001 pp. 483-490.

Mir C., Toumi L., Jarne P., Sarda V., Di Giusto F., Lumaret R. (2006). *Endemic North African* Quercus *afares Pomel originates from hybridisation between two genetically very distant oak species* (Q. suber *L. and* Q. canariensis *Willd.): evidence from nuclear and cytoplasmic markers*. Heredity 96, 175-184.

Morandini R., Ducci F., Menguzzato G. (1994). Abies nebrodensis *(Lojac).Mattei - inventario 1992*. Ann. Ist. Sper. Selv. 22, 5-51

Mosseler A., Major J.E., Rajora O.P. (2003). *Old-growth red spruce forests as reservoirs of genetic diversity and reproductive fitness*. TAG 106, 931-937.

Muir G., Fleming C.C., Schltterer C. (2000). *Taxonomy: Species status of hybridizing oaks*. Nature 405, 1016-1016.

Muir G., Fleming C.C., Schlotterer C. (2001). *Three Divergent rDNA clusters predate the species divergence in* Quercus petraea *(Matt.) Liebl. and* Quercus robur *L.* Mol. Biol. Evol. 18, 112-119.

Muir G., Schlotterer C. (2005). *Evidence for shared ancestral polymorphism rather than recurrent gene flow at microsatellite loci differentiating two hybridizing oaks* (Quercus *spp.*). Mol. Ecol. 14, 549-561.

Müller-Starck G., Ziehe M. (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*, pp. 125-140. Ed. Müller-Starck, G., Ziehe M.

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.

Noss R.F. (1990). *Indicators for monitoring biodiversity: A hierarchical approach*. Cons. Biol 4, 355-364.

Noss R.F. (1999). *Assessing and monitoring forest biodiversity: a suggested framework and indicators*. For. Ecol. Man. 115, 135-146.

Nunney L., Campbell K.A. (1993). *Assesing minimum viable population size-demography meets population genetics*. Trends Ecol. Evol. 8, 234 - 239.

Ogniben L. (1976). *Geologia e dissesti*. In: *Carta della Montagna*. Geotecneco, Pesaro.

Olalde M., Herran A., Espinel S., Goicoechea P.G. (2002). *White oaks phylogeography in the Iberian Peninsula*. For. Ecol. Man. 156, 89-102.

Oldemann R.A.A. (1990). *Forests: elements of Sylvology* Springer, Berlin.

Oliver C.D., Larson B.C. (1990). *Forest stand dynamics* Mc-Graw-Hill, New York.

Orme C.D.L., Davies R.G., Burgess M., Eigenbrod F., Pickup N., Olson V.A., Webster A.J., Ding T., Rasmussen P.C., Ridgely R.S., Stattersfield A.J., Bennett P.M., Blackburn T.M., Gaston K., Owens I.P.F. (2005). *Global hotspots of species tichness are not congruent with endemism or threat*. Nature 436, 1016-1019.

Paffetti D., Lippi F., Giannini, R. (1998). *Indagini preliminari sulla variabilità genetica in* Taxus baccata *L. in Sardegna*. *Preliminary studies on genetic variability in* Taxus baccata *L. in Sardinia*. In: BIODIVERSITÀ: Germoplasma locale e sua valorizzazione. A cura di Mario Agabbio. Carlo Delfino Editore, pp. 773-776.

Paffetti D., Vettori C., Giannini R. (2001). *Relict populations of* Quercus calliprinos *Webb on Sardinia island identified by chloroplast DNA sequences*. Forest Genetics 8, 1-11.

Paffetti D., Vettori C., Caramelli D., Vernesi C., Lari M., Paganelli A., Paule L., Giannini R. (2007). *Unexpected presence of* Fagus orientalis *complex in Italy as inferred from 45,000-year-old DNA pollen samples from Venice lagoon*. BMC Evolutionary Biology 7 (2) S6

Panis B., Lambardi M. (2005). *Status of cryopreservation technologies in plants (crops and forest trees)*. In: *The Role of*

Biotechnology in Exploring and Protecting Agricultural Genetic Resources. (ed. RJaSA), pp. 61-78. FAO, Rome.

Parducci L., Szmidt A.E. (1999). *PCR-RFLP analysis of cpDNA in the genus* Abies. TAG 98, 802-808.

Parducci L., Szmidt A.E., Madaghiele A., Anzidei M., Vendramin G.G. (2001a). *Genetic variation at chloroplast microsatellites (cpSSRs) in* Abies nebrodensis *(Lojac.) Mattei and three neighboring* Abies *species*. TAG 102, 733–740.

Parducci L., Szmidt A.E., Ribeiro M.M., Drouzas A.D. (2001b). *Taxonomic position and origin of the endemic sicilian fir* Abies nebrodensis *(Lojac.) Mattei based on allozyme analysis*. Forest Genetics 8, 119-127.

Pastorelli R., Smudlders J.M., Van't Westende P.C., Vosman B., Giannini R, Vettori C., Vewndramin G.G. (2003). *Characterization of microsatellite marker in* Fagus sylvatica *L. and* Fagus orientalis *Lipsky*. Mol. Ecol. 3, 76-78.

Peterken G.F. (1996). *Natural woodland, ecology and conservation in Northen temperate Regions*. Cambridge Univ. Press.

Petit R.J., Wagner W.L., Kremer A. (1993). *Ribosomal DNA and chloroplast DNA polymorphism in a mixed stands of* Quercus robur *and* Quercus petraea. Annales des Sciences Forestières 50 (Suppl. 1), 41s-47s.

Petit R.J., Bahrman N., Baradat P. (1995). *Comparison of genetic differentiation in maritime pine (*Pinus pinaster *Ait) estimated using isozymes, total proteins and terpenic loci*. Heredity 75, 382–389.

Petit R.J., El Mousadik A., Pons. O. (1997a). *Identifying populations for conservation on the basis of genetic markers*. Cons. Biol. 12, 844–855.

Petit R.J., Pineau E., Demesure B.N., Bacilieri R., Ducousso A., Kremer A. (1997b). *Chloroplast DNA footprints of post-glacial recolonization by oaks*. Proceedings Natural Academy of Science 94, 9996-10001.

Petit R.J., Brewer S., Bordacs S., Burg K., Cheddadi R., Coart E., Cottrell J., Csaikl U.M., van Dam B., Deans J.D., Espinel S., Fineschi S., Finkeldey R., Glaz I., Goicoechea P.G., Jensen J.S., Konig A.O., Lowe A.J., Madsen S.F., Matyas G., Munro R.C., Popescu F., Slade D., Tabbener H., de Vries S.G.M., Ziegenhagen B., de Beaulieu J-L., Kremer

A. (2002a). *Identification of refugia and post-glacial colonisation routes of European white oaks based on chloroplast DNA and fossil pollen evidence*. For. Ecol. Man. 156, 49-74.

Petit R.J., Csaikl U.M., Bordacs S., Burg K., Coart E., Cottrell J., van Dam B., Deans J.D., Dumolin-Lapegue S., Fineschi S., Finkeldey R., Gillies A., Glaz I., Goicoechea P.G., Jensen J.S., Konig A.O., Lowe A.J., Madsen S.F., Matyas G., Munro R.C., Olalde M., Pemonge M-H., Popescu F., Slade D., Tabbener H., Taurchini D., de Vries S.G.M., Ziegenhagen B., Kremer A. (2002b). *Chloroplast DNA variation in European white oaks: Phylogeography and patterns of diversity based on data from over 2600 populations.* For. Ecol. Man. 156, 5-26.

Petit R.J., Aguinagalde I., de Beaulieu J-L., Bittkau C., Brewer S., Cheddadi R., Ennos R., Fineschi S., Grivet D., Lascoux M., Mohanty A., Muller-Starck G., Demesure-Musch B., Palme A., Martin J.P., Rendell S., Vendramin G.G. (2003). *Glacial Refugia: Hotspots but not melting pots of genetic diversity*. Science 300, 1563-1565.

Piazza A., Menozzi P., Cavalli-Sforza L. (1981). *The making and testiong of geographic gene-frequency maps.* Biometrics 37, 635-659.

Pielou E.C. (1969). *An introduction to mathematical ecology* Wiley, New York.

Pignatti S. (1982). *Flora d'Italia* EDAGRICOLE, Bologna.

Pimm S.L., Ayres M., Balmford A., Branch G., Brandon K., Brooks T., Bustamante R., Costanza R., Cowling R., Curran L.M., Dobson A., Farber S., Fonseca G.A., Gascon C., Kitching R., McNeely J., Lovejoy T., Mittermeier R.A., Myers N., Patz J.A., Raffle B., Rapport D., Raven P., Roberts C., Rodriguez J.P., Rylands A.B., Tucker C., Safina C., Samper C., Stiassny M.L., Supriatna J., Wall D.H., Wilcove D. (2001). *Environment. Can we defy nature's end?* Science. 293, 2207-2008.

Pons O., Petit, R.J. (1995). *Estimation, variance and optional sampling of gene diversity. I. Haploid locus.* TAG 90, 462–470.

Powell W., Morgante M., Andre C., McNicol, J. W., Machray, G. C., Doyle, J. J., Tingey, S. V., Rafalski, J. A (1995). *Hypervariable microsatellites provide a general source of polymorphic DNA markers for the chloroplast genome.* Current Biology 5, 1023-1029.

Priod G., Monteleone I., Pividori M., Belletti P. (2002). *Il bosco del Vaj. Biodiversità e problematiche delle popolazioni relitte di faggio.* Sherwood 77, 13-19.

Prober S.M., Brown A.H.D. (1994). *Conservation of the grassy white box woodlands: population genetics and fragmentation of* Eucalyptus albens. Cons. Biol. 8, 1003 - 1013.

Raddi S., Giannini R. (1995). *Indagini preliminari dell'effetto dei tagli successivi uniformi sulla struttura genetica di boschi di faggio.* Raisa - Grafica Tiburtina s.r.l., Roma.

Raimondo F.M. (1999). *La vegetazione della Sicilia. In: Linee guida del Piano territoriale paesaggistico regionale.* Assessorato Beni Culturali, Ambientali e della Pubblica Istruzione. GURS n. 46 del 24 novembre 1999, supplemento ordinario n. 1.

Raimondo F.M., Gianguzzi L., Ilardi V. (1994). *Inventario delle specie a rischio nella flora vascoolare nativa della Sicilia*. Quaderni di Botanica Ambientale e Applicata 3, 65-132.

Raimondo F.M., Schicchi R., Bazan G. (2001). *Protezione delle specie endemiche minacciate*, Palermo. Iniziativa Comunitaria Interreg II C. Azione pilota ARCHI-MED.

Rauch E.M., Bar-Yam Y. (2004). *Theory predicts the uneven ddistribution of genetic diversity within species.* Nature, 449-452.

Remmert H. (1991). *The mosaic-cycle concept of ecosystem overview*. In: *The mosaic-cycle concept of ecosystems.* (ed. H. R), pp. 1-21. Springer-Verlag, Berlin.

Rendell S., Ennos R.A. (2003). *Chloroplast DNA diversity of the dioecious European tree* Ilex aquifolium *L. (English holly).* Mol. Ecol.12, 2681-2688.

Ribeiro M.M., Mariette S., Vendramin G.G., Szmidt A.E., Plomion C., Kremer A. (2002). *Comparison of genetic diversity estimates within and among populations of maritime pine using chloroplast simple-sequence repeat and amplified fragment length polymorphism data.* Mol. Ecol. 11, 869-877.

Rossi P., Vendramin G.G., Giannini R. (1996). *Estimation of mating system parameters in two Italian natural populations of* Fagus sylvatica. Can. J. For. Res. 25, 1187-1192.

Rydin C., Källersjö M., Friis E.M. (2002). *Seed plant relationships and the systematic position of genetales based on nuclear*

and chloroplast dna: conflicting data, rooting problems, and the monophyly of conifers. Int. J. Plant Sci 163, 197-214.

Salvador L., Alía R., Agúndez D., Gil L. (2000). *Genetic variation and migration pathways of maritime pine (*Pinus pinaster *Ait) in the Iberian peninsula*. TAG 100, 89-95.

Sander T., Konig S., Rothe G.M., Janssen A., Weisgerber H. (2000). *Genetic variation of European beech (*Fagus sylvatica *L.) along an altitudinal transect at mount Vogelsberg in Hesse, Germany*. Mol. Ecol. 9, 1349-1361.

Sanger F., Nicklen S., Coulson A.R. (1977). *DNA sequencing with chain-terminating inhibitors*. PNAS 74, 5463 - 5467.

Saporito L. (1999). *Aspetti ecologici e selvicolturali della quercia da sughero in Sicilia*. Sherwood, Foreste ed Alberi oggi, n°51, 5-10.

Saporito L. (2001). *Biodiversità e conservazione del germoplasma forestale in Sicilia*. Atti Seminario su "Biodiversità nei paesaggi agrari e forestali". Regione Sicilia. Azienda Foreste Demaniali. Collana editoriale Sicilia Foreste, volume n° 15.

Saporito L., Cipolla V., Antinoro S. (2003). *Il demanio forestale della regione Sicilia - Regione Siciliana*. Officine Grafiche Riunite, Palermo.

Savard L., Michaud M., Bousquet J. (1993). *Genetic diversity and phylogenetic relationships between birches and alders using ITS, 18S rRNA, and rbcL gene sequences*. Mol. Phy. Evol. 2, 112-118.

Scherzinger W. (1996). *Naturschutz im Wald, qualitatsziele einer dynamischen waldentwicklung*. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart.

Schiller G., Conkle M.T., Grunwald C. (1986). *Local differentiation among Mediterranean populations of Aleppo pine in their isozymes*. Silvae Genetica 7, 11–18.

Schneider S., Roessli D., Excoffier L. (2000). *ARLEQUIN - A software for population genetics data analysis*. http://anthro.wnige.ch/arlequin.

Schwarz W. (1970). *The influence of photoperiod on flushing and frost- and heat-resistance in* Pinus cembra *and* Rhododendron ferrugineum. Flora 159, 258-285.

Scotti-Saintagne C., Mariette S., Porth I., Goicoechea P.G., Barreneche T., Bodenes C., Burg K., Kremer A. (2004). *Genome scanning for interspecific differentiation between*

two closely related oak species [Quercus robur *L. and* Q. petraea *(Matt.) Liebl.*]. Genetics 168, 1615-1626.

Shannon C.E., Weaver W. (1949). *The matematical theory of communication*. University of Illinois Press, Urbana, 117 S.

Simpson E.H. (1949). *Measurement of diversity*. Nature 163, 688.

Soulè M.E., Mills L.S. (1992). *Conservation genetics and conservation biology: a troubled marriage*. In: *Species and Ecosystem Conservation*. (ed. Sandlund O.T HK, Brown A.H.D. eds). Scandinavian University University Press, Oslo.

Steinkellner H., Fluch S., Turetschek E., Lexer C., Streiff R., Kremer A., Burg K., Glössl J. (1997). *Identification and characterization of (GA/CT)n- microsatellite loci from* Quercus petraea. Plant Mol. Biol. 33, 1093-1096.

Streiff R., Labbe T., Bacilieri R., Steinkellner H., Glossl J., Kremer A. (1998). *Within-population genetic structure in* Quercus robur *L. and* Quercus petraea *(Matt.) Liebl. assessed with isozymes and microsatellites*. Mol. Ecol. 7, 317-328.

Susmel L. (1991). *Evoluzione della selvicoltura in alcune aree del Veneto*. Atti giornata preparatoria - Secondo Convegno Nazionale di Selvicoltura, Asiago 15-28, pp. 15-28.

Susmel L., Viola F., Bassato G. (1976) – Ecologia della lecceta dul Supramonte di Orgosolo (Sardegna Centro-orientale). Cedam, Padova

Suszka B. (1974). *Storage of beech (*Fagus sylvatica *L.) seed for up to 5 winters*. Arboretum Kornickie.

Taberlet P., Gielly G., Pautou G., Bouvet J. (1991). *Universal primers for amplification of three non-coding regions of chloroplast DNA*. Plant Mol. Biol. 17, 1105-1109.

Tamura K., Dudley J., Nei M., Kumar S. (2007). *MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) Software Version 4.0*. Mol. Biol. Evol., 24, 1596-1599.

Teisserie H., Fady B., Pichot C. (1995). *Allozyme variation in five french populations of Aleppo pine* (Pinus halepensis *Miller)*. Forest Genetics 7, 225–236.

Templeton A.R., Robertson R.J., Brisson J., Stranburg J. (2001). *Disrupting evolutionary processes: the effect of habitat fragmentation on collared lizards in the Missouri Ozarks*. PNAS 287, 2474 - 2476.

Thompson J.D., Gibson T.J., Plewniak F., Jeanmougin F., Higgins D.G. (1997). *The CLUSTAL_X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools.* Nucl. Acids Res. 25, 4876-4882.

Toumi L., Lumaret R. (1998). *Allozyme variation in cork oak (*Quercus suber *L.): the role of phylogeography and genetic introgression by other Mediterranean oak species and human activities.* TAG 97, 647-656.

Toumi L., Lumaret R. (2001). *Allozyme characterisation of four Mediterranean evergreen oak species.* Bioch. Syst. Ecol. 29, 799-817.

Troggio M., Di Masso E., Leonardi S., Ceroni M., Bucci G., Piovani P., Menozzi P. (1996). *Inheritance of RAPD and I-SSR markers and population parameters estimation in European becch (*Fagus sylvatica *L.).* Forest Genetics 3, 173-181.

Tutin T., Burges N.A., Chater A.O., Edmondson J.R., Heywoods V.H., Moore D.M., Valentine D.H., Walters S.M., Webb D.A. (1993). *Flora europaea.* Cambridge University Press, Cambridge.

Valbuena-Carabana M., Gonzalez-Martinez S.C., Sork V.L., Collada C., Soto A., Goicoechea P.G., Gil L. (2005). *Gene flow and hybridisation in a mixed oak forest (*Quercus pyrenaica *Willd. and* Quercus petraea *(Matts.) Liebl.) in central Spain.* Heredity 95, 457-465.

Valbuena-Carabana M., Gonzalez-Martinez S.C., Hardy O.J., Gil L. (2007). *Fine-scale spatial genetic structure in mixed oak stands with different levels of hybridization.* Mol. Ecol.16, 1207-1219.

Vane-Wright R.I., Humphries C.J., Williams P.H. (1991). *What to protect? Systematics and the agony of choice.* Biol. Conserv. 55, 235-254.

Vendramin G.G., Lelli L., Rossi P., Morgante M. (1996). *A set of primers for the amplification of 20 chloroplast microsatellites in Pinaceae.* Mol. Ecol. 5, 595-598.

Vendramin G.G., Anzidei M., Madaghiele A., Bucci G. (1998). *Distribution of genetic diversity in* Pinus pinaster *Ait. as revealed by chloroplast microsatellites.* TAG 97, 456–463.

Vettori C., Paffetti D., Paule L., Giannini R. (2004a). *Identification of the* Fagus sylvatica *L. and* Fagus orientalis *Lipsky species and intraspecific variability.* Forest Genetics 11, 223-230.

Vettori C., Vendramin G., Anzidei M., Pastorelli R., Paffetti D., Giannini R. (2004b). *Geographic distribution of chloroplast variation in Italian populations of beech* (Fagus sylvatica *L.*). TAG 109, 1-9.

Vicario F., Vendramin G.G., Rossi P., Liò P., Giannini R. (1995). *Allozyme, chloroplast DNA and RAPD markers for determining genetic relationships between* Abies alba *and the relic population of* Abies nebrodensis. TAG 90, 1012-1018.

Vornam B., Decarli N., Gailing O. (2004). *Spatial Distribution of genetic variation in a natural beech stand (*Fagus sylvatica *L.) based on microsatellite markers*. Cons. Genet. 5, 561-570.

Vysny J., Shvadchak I., Comps B., Gomory D., Paule L. (1995). *Genetic diversity and differentiation of beech populations in Western Ukraine: the Ukranian Carpathians and adiacent terrirories*. Russ. J. Genet. 31, 1309-1319.

Wallander E., Albert V.A. (2000). *Phylogeny and classification of* Oleaceae *based on rps16 and trnL-F sequence data*. Am. J. Bot. 87, 1827-1841.

Watt A.S. (1925). *On the ecology of British beechwoods with special reference to their regeneration. Part II, section II and III: The development and structure of beech communities on the Sussex Downs (continued)*. J. Ecol. 13, 27-73.

Watt A.S. (1947). *Patter and process in the plant community*. J. Ecol. 35, 1-17.

Westfall R.D., Conkle M.T. (1992). *Allozyme markers in breeding zones designation* In: *Population Genetics of Forest Trees*. (ed. Adams WT SS, Copes DL, Griffin AR), pp. 279–309. Kluwer Academic Publisher, Dordrecht.

White T.J., Bruns T., Lee S., Taylor J. (1990). *Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics*. In: *PCR protocols: a guide to methods and application*. (ed. Innis M. GD, Sninsky J., White T.), pp. 315 - 322. Academic press, San Diego.

Whittaker R.H. (1960). *Vegetation of the Siskiyou mountains. Oregon and California*. Ecol. Monogr. 30, 279-338.

Whittemore A.T., Schaal B.A. (1991). *Interspecific gene flow in sympatric oaks*. PNAS 88, 2540-2544.

Wright S. (1931). *Evolution in Mendelian populations*. Genetics 16, 97-159.

Wright S. (1939). *Statistical genetics in relation to evolution. Actualités scientifiques et industrielles 802*. Paris, Herman & cie,

Wright S. (1951). *The genetical structure of populations*. Ann. Eugen. 15, 323-354.

Wright S. (1965). *The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to system of mating*. Evol. Ecol. 19, 395-420.

Young A., Boyle T., Brown T. (1996). *The population genetic consequences of habitat fragmentation in plants*. Trends Ecol. Evol. 11, 413-419.

Zhou Z.K. (1992). *Origin, phylogeny and dispersal of* Quercus *from China*. Acta Bot. Yunnanica 14, 227-236.

Zobel B., Talbert J. (1984). *Applied forest tree improvement*. John Wiley and Sons, New York.

10. Appendice

Vengono fornite alcune notizie sulle specie non riguardanti i test site.

Boschi di cerro

L'areale del cerro (*Quercus cerris* L.)[1] in Sicilia è molto contenuto: per il 98% ricade sui monti Nebrodi. Sporadico è presente sull'Etna, sui Peloritani e sui monti di Palermo (Tab. 1). Vegeta tra 700-800 m (fino 1200-1400). Di interesse le cerrete presenti nei Comuni di Capizzi (Bosco S. Antonio), Randazzo (Bosco del Flascio) e Maniace (Bosco Semantile).

Tab. 1. Boschi a prevalenza di cerro nelle varie Province del Demanio Forestale Regionale. (da: Saporito *et al.,* 2003).

Provincia	**Comune**	**Superficie (ha)**
Catania	Bronte	1790
	Randazzo	1790
	Sant'Alfio	14
	TOTALE	**3594**
Enna	Cerami 68	
	TOTALE	**68**
Messina	Capizzi	61
	Caronia	502
	Cesarò	505
	Longi	592
	Messina	52
	Militello Rosmarino	251
	Mistretta	66
	Raccuia	6
	Rometta	20
	Tortorici	38
	TOTALE	**2093**
	TOTALE SICILIA	**5755**

[1] Nei Nebrodi è stasta segnalata una varietà da Borzì (1911) come *Quercus cerris* var. *gussonei* Borzì elevata recentemente al rango di specie (*Q. gussonei* (Borzì) Brullo) (Gellini e Grossoni, 1997).

Formazioni di Quercia spinosa

La quercia spinosa (*Quercus coccifera* L.) è un arbusto sempreverde presente nel bacino del Mediterraneo centrale ed occidentale.

Come per molte altre specie quercine anche la quercia spinosa presenta difficoltà nella sistematica. Alcuni Autori riconoscono la sola specie *Quercus coccifera*; altri (es. Pignatti in Flora d'Italia, 1982) considerano due specie separate, sebbene all'interno del gruppo quercia spinosa: *Q. coccifera* L. e *Q. calliprinos* Webb. Le due specie differiscono per l'areale di vegetazione. Alla *Q. coccifera* viene assegnato un'areale prettamente tirrenico mentre alla *Q. calliprinos* un'areale jonico. In Italia i popolamenti più importanti li troviamo in Puglia, Basilicata e Sicilia (Sabato, 1972). Non si riscontrano grosse differenze nella tipologia stazionale e nel tipo di suolo in cui vegetano *Q. coccifera* e *Q. calliprinos*: la prima è frequente su suoli calcarei, marnoso-calcarei o anche argilloso-sabbiosi; la *Q. calliprinos* su terre rosse decalcificate, derivate da calcari, ma anche su suoli silicei come in Sardegna. La letteratura indica che in Sicilia la *Q. coccifera* si risconta nell'area occidentale (soprattutto nel Palermitano) mentre la *Q. calliprinos* nella Sicilia meridionale (Camus, 1936-1938). Sulla costa settentrionale di interesse è il nucleo presente a Punta Catalfano in Comune di Bagheria. Altri piccoli nuclei sono presenti nella parte Sud dell'Isola nelle aree di Gela, Vittoria, Capo Passero, Capo Mongerbino e Capo Rama.

Boschi di rovere

Dalla letteratura la rovere (*Quercus petraea* (Matt.) Liebl.) in Sicilia è presente con un popolamento compatto nel Parco delle Madonie mentre sui monti Nebrodi è rinvenibile in gruppi sporadici. Quello di più ampia estensione è localizzato nel bacino del torrente Vicaretto sulle Madonie a quote comprese fra 1000 m e 1500 m s.l.m. Di particolare interesse è il bosco Pomieri (Piano Sempria – Piano Costantino), in Comune di Petralia Sottana (PA). Il soprassuolo di tale bosco è assai irregolare e rappresenta la risultante di attività d'uso diversificato nel tempo che ha visto comunque un rapporto molto stretto con le attività pastorali (bovini in prevalenza). Le utilizzazioni legnose hanno contribuito poi a determinare lo stato attuale che è rappresentato da fisionomie riferibili a pascoli alberati, popolamenti monoplani costituiti da piante in fase di maturità avanzata, popolamenti tendenzialmente chiusi, biplani, costituiti da alberi ultracentenari e alberi o gruppi di alberi di classi piccole (15-25 cm) e medie (40-50 cm). Deve essere sottolineata la presenza di alberi ultracentenari di aspetto maestoso che conferiscono al popo-

lamento forte attrattività (bosco vetusto). In generale, considerando superfici vaste (1-2 ettari), il soprassuolo ha una struttura biplana con un piano formato dalle chiome delle piante monumentali con altezza di 20-22 m e un secondo piano di 13-15 m.

Boschi di Pino laricio

La popolazione naturale di pino nero (*Pinus laricio* Poiret) in Sicilia è localizzata sulle pendici Nord-Est e Sud-Ovest dell'Etna, dove occupa una superficie di circa 4000 ettari. Questa è distribuita su una fascia altitudinale compresa tra 1000 e 2000 m. Il pino si associa alle quote inferiori al castagno (diffuso in parte dall'uomo) ed alla roverella, mentre alle quote superiori al faggio ed alla betulla.

Boschi di pino d'Aleppo

In Sicilia il *Pinus halepensis* (Miller) è stato diffuso nelle aree costiere attraverso rimboschimenti. L'unico popolamento autoctono (anche questo messo in dubbio da alcuni Autori) fa parte della Riserva Naturale "Pineta di Vittoria" in Provincia di Ragusa che si estende su di un'area di circa 800 ettari. Il popolamento è tutto quello che rimane di una foresta più ampia conosciuta fin dall'antichità. La forte contrazione è avvenuta ad opera dell'uomo che ha destinato alla coltura agraria le aree più favorevoli (aree pianeggianti) e che è stato causa di incendi purtroppo ripetuti nel tempo. Il soprassuolo è oggi costituito da gruppi di piante e/o da piante singole di pino di differenti dimensioni intercalati da piccole aree con specie tipiche della macchia.

Boschi di Pino marittimo

In Sicilia le pinete naturali di *Pinus pinaster* (Aiton) sono quelle dell'isola di Pantelleria.

Della presenza del pino marittimo sull'isola di Pantelleria ha riferito Gussone, (1843) riconoscendone l'indigenato. Successivamente Furia (1863) indica come la superficie boscata si sia contratta di 1/3 dal 1839 al 1863. Agostini, (1968), in considerazione della ubicazione e della vastità della superficie occupata, conferma l'origine autoctona del pino di Pantelleria.

Il pino attualmente ricopre una superficie di circa 830 ettari suddivisa in più nuclei, distribuita tra le quote di 250 e di 830 m. Il

nucleo principale occupa il versante occidentale di Montagna Grande, il più alto monte dell'isola, e si estende su circa 350 ettari; altri tre nuclei occupano aree in località monte Gibele, Cuddia Attalora e Serra Ghirlanda.

Il pino spesso si trova associato al leccio e ginepro licio (*Juniperus phoenicia* L.) che in alcuni casi entrano addirittura in concorrenza. Il sottobosco, di frequente molto denso, è rappresentato dalle piante tipiche della macchia mediterranea oltre che da un endemismo dell'isola: la *Genista aspalathoides* Lam..

Platano orientale

Il platano (*Platanus orientalis* L.) è originario del Mediterraneo orientale. A seguito della sua coltivazione soprattutto per scopi ornamentali e paesaggistici, che hanno anche visto la diffusione di ibridi artificiali, la presenza di questa entità può essere molto ampia (Magini, 1957; Pignatti, 1982; Gellini e Grossoni, 1997). Circa l'indigenato nel Meridione d'Italia ed in Sicilia in particolare, vi sono pareri discordanti. Si ricorda che secondo il Philippi (da: Pignatti, 1982) sarebbe stato introdotto in Sicilia da Dionisio il Vecchio e da allora si sarebbe mantenuto come pianta naturalizzata. Del Platano orientale, come già indicato, si conoscono numerose varietà: *digitata* (= *laciniata*), *flabellifolia, cuneata*, ecc., (Gellini e Grossoni, 1997) che si distinguono per la forma della foglia. Il *P. hybrida* Brot. (= *Platano acerifolia* (Aiton) Willd.) è ora classificato dal Pignatti (1982) come specie; in passato è stato ritenuto come una varietà del platano orientale, ma anche come un ibrido fissato fra il *P. orientalis* L. e il *P. occidentalis* L. (Nordamer.) introdotto nel secolo XVIII secolo, soprattutto con scopi ornamentali. Il platano orientale in Sicilia è diffuso in boschetti cedui ma più frequentemente con esemplari singoli, che si riscontrano in formazioni riparie del versante orientale dei monti Peloritani ed Iblei. In particolare sui monti Iblei, questa specie, è presente nella Cava Grande del Cassibile e nella Valle dell'Anapo.

Orniello

In Sicilia l'orniello (*Fraxinus ornus* L.) è diffuso, allo stato spontaneo, in tutta la Regione formando piccoli gruppi o presentandosi come pianta isolata. Lo troviamo alle quote basse come sulla costa della Riserva dello Zingaro, nella Valle dell'Anapo, ma può spingersi sui rilievi principali dell'isola fino a 1400 m di quota. E' specie pioniera in grado di resistere a condizioni climatiche molto variabili. Non ha particolari esigenze nei confronti dei suoli, pertanto lo ritro-

viamo sia su terreni sciolti e profondi sia su terreni argillosi o pietrosi. Nell'ambito del tipo (*F. ornus* L. x tipica Fiori = *F. Ornus* var. *angustifolia* Ten.) e soprattutto della var. *rotundifolia* Lam., sono stati selezionati, attraverso il tempo, "cultivar" ad elevata produzione di manna, non sempre ben differenziati per caratteri morfologici e quindi per lo più con significato di "razze" (Magini, 1956).

Condizioni climatiche particolarmente favorevoli per la coltivazione del frassino da manna si riscontrano nei territori di Pollina e Castelbuono, dove ancora oggi questa produzione ha un certo interesse.

Boschi di Betulla

La betulla dell'Etna (*Betula aetnensis* Raf.) è un endemismo presente sulle pendici del vulcano Etna.

La specie occupa la stessa fascia vegetazionale del faggio e del pioppo tremulo e spesso segna il limite superiore della vegetazione arborea, dove è presente con forme cespugliose.

Nel versante orientale, tra i 1500 e 1900 m di quota, il bosco di betulla rappresenta la nota vegetale dominante del paesaggio. Occupa una superficie di circa 600 ettari prevalentemente nei Comuni di S. Alfio (210 ha), Linguaglossa (150 ha), Milo (90 ha) e Castiglione di Sicilia (40 ha).

Zelkova

Il genere *Zelkova* è oggi fortemente ridotto in Europa, essendo presente attualmente soltanto in Sicilia ed a Creta, in aree molto ristrette rispettivamente con le specie *Zelkova sicula* Di Pasquale, Garfì & Quezel (Di Pasquale *et al.*, 1992; Garfì, 1997) e la *Z. abelicea* Boissier. La presenza della specie nell'Italia peninsulare si fa risalire a oltre 30000 anni fa (polline fossile rinvenuto nei pressi di Roma) (Follieri *et al.*, 1986) quindi si può dedurre che il suo areale si è ristretto in tempi relativamente recenti.

In Sicilia il nucleo sopravvissuto, individuato soltanto nel 1991(Di Pasquale *et al.*, 1992), è localizzato nel Bosco Pisano sul versante settentrionale dei monti Iblei ed è costituito da 200-250 individui arbustivi o striscianti.

Abete dei Nebrodi

L'abete dei Nebrodi (*Abies nebrodensis* (Lojac) Mattei) può essere associato ad un'altra decina di specie "che in epoche diverse si

sono evolute ai margini del bacino mediterraneo" (Morandini *et al*., 1994).

L'*A. nebrodensis* presente sulle Madonie ha caratteri morfologici molto vicini a quelli di *A. alba* Miller il cui areale giunge fino alla Calabria con caratteri tipici della specie.

La popolazione relitta (32 esemplari censiti nel 1993 da Mazzola *et al,*. 1993), si trova nel Vallone della Madonna degli Angeli (monte Pene, monte Cavallo e monte Scalone) (Comune di Polizzi Generosa), tra le quote 1400 e 1700 m nella fascia vegetazionale del faggio e quella delle querce caducifloglie.

Agrifoglio

L'agrifoglio (*Ilex aquifolium* L.) è l'unico rappresentante in Europa del Genere *Ilex* (Pignatti, 1982) ad occupare un'area molto estesa dal Nord Europa al Mediterraneo, Mar Nero e Mar Caspio.

L'Ilex aquifolium L. è specie legata ai climi di tipo oceanico con piovosità prevalente nei mesi estivi. Nel bacino Mediterraneo, dove dominano climi temperato-caldi e più xerici, l'agrifoglio si rifugia più di frequente alle quote più elevate, dove si associa al faggio ed alle querce caducifoglie. L'associazione faggio-agrifoglio viene ritenuta dal Pavari (1957) come una delle espressioni più tipiche del *Fagetum* (in cui comunque l'agrifoglio è presente quasi esclusivamente nel piano dominato) soprattutto nel meridione d'Italia.

In Sicilia è presente in maniera sporadica nelle stazioni più fresche ed ombrose del *Castanetum* e del *Fagetum*. Di interesse la popolazione di Piano Pomo sulle Madonie caratterizzata da esemplari secolari.

Maestosi faggi in abito autunnale, al margine del bosco di Piano Battaglia (Madonie).
(Foto: A.M. Proietti).

L'interno della faggeta matura di Piano Battaglia (Madonie)
(Foto: A.M. Proietti).

La faggeta di Tassita caratterizzata da un soprassuolo a tratti pluristratificato (Nebrodi).
(Foto: A.M. Proietti).

Ceduo di faggio invecchiato di Pian dei Cervi sulle Madonie.
(Foto: A.M. Proietti).

I giganti di roverella nella Riserva di Malabotta (Nebrodi)
(Foto: A.M. Proietti).

La sughereta di Niscemi a tratti si presenta come un bosco vetusto (Caltanissetta).
(Foto: A.M. Proietti).

Giovane soprassuolo di sughera sottoposto a decortica. Si noti la presenza del cotico erboso utilizzato a pascolo e la frequenza dei fusti di origine agamica. (Foto: A.M. Proietti).

Foresta Zirbetto, bosco Moglie (Nebrodi) lecceta matura sub-nuda.
(Foto: A.M. Proietti).

Il “grande vecchio” della sughereta di Niscemi (Caltanissetta).
(Foto: A.M. Proietti).

Nella Riserva dello Zingaro (Trapani) l'orniello si associa alla palma nana. (Foto: A.M. Proietti).

Lungo le sponde del fiume Anapo (Siracusa) è presente il Platano orientale. (Foto: A.M. Proietti).

Sulle pendici della valle dell'Ippari è presente la popolazione relitta di Pino d'Aleppo della Riserva Naturale di Vittoria (Ragusa).

Vetusta pianta di tasso a Tassita (Nebrodi).
(Foto: A.M. Proietti).

Rametti e foglie di *Zelkova sicula*, foresta di Buccheri (Siracusa).
(Foto: A.M. Proietti).

Bibliografia

Agostini R. (1968). *Revisione dell'areale italiano del Pino marittimo* (Pinus pinaster *Aiton*). Arch. Bot. e Biog. It. XLIV, 184-202.

Borzì A. (1911). *Le querce della Flora Italiana*. Palermo.

Camus A. (1936 - 1938). *Les Chènes. Monographie du genre Quercus.* 1.P. Lechevalier ed., Paris.

De Philippis A. (1949). *I diradamenti boschivi nella scienza, nella sperimentazione, nell'arte colturale.* Universitaria Ed., Firenze.

Di Pasquale G., Garfì G., Quèzel P. (1992). *Sur la présence d'un Zelkova nouveau en Sicilie sud-orientale* (*Ulmaceae*). Biocosme Mésogéen 8-9, 401 - 409.

Follieri M., Magri D., Sadori L. (1986). *Late Pleistocene* Zelkova *extinction in central Italy.* New Phytol. 103, 269-273.

Furia B. (1863). *Memoria sulla posizione agraria, silvana e commerciale dell'isola di Pantelleria e sulla possibilità di costruirvi un porto Macodin Carini e Caronna.* Palerrmo.

Garfì G. (1997). *On the flowering of* Zelkova sicula (*Ulmaceae*), *a new species from Sicily. Additional description and comments*. Gior. Bot. Ital.

Gellini R., Grossoni P. (1997). *Botanica Forestale* - CEDAM, Padova.

Gussone J. (1843). *Florae Siculae Synopsis*. Ed. Tipis tramater, Napoli.

Magini E. (1956). *Orniello* (Fraxinus ornus *L.*). Monti e Boschi 11-12.

Magini E. (1957). *Platano orientale* (Platanus orientalis *L.*). Monti e Boschi, 11-12.

Mazzola P., Venturella G., Schicchi R. (1993). *Piano di gestione e strategie di conservazione* in situ *ed* ex situ *di* Abies nebrodensis *(Lojac.) Mattei*. Giorn. Bot. It. (127) 3: 584.

Morandini R., Ducci F., Menguzzato G. (1994). Abies nebrodensis (*Lojac*) *Mattei - inventario 1992*. Ann. Ist. Sper. Selv. 22, 5-51.

Pavari A. (1957). *Agrifoglio* (Ilex aquifolium *L.*). Monti e Boschi, 567-569.

Pignatti S. (1982). *Flora d'Italia*. EDAGRICOLE, Bologna.

Sabato S. (1972). *Considerazioni sul significato fitogeografico ed ecologico di* "Quercus coccifera" *L. S.L. nel salento (Puglia)*. Webbia 27, 517-549.

Mazzola P., Venturella G., Schicchi R. (1993). *Piano di gestione e strategie di conservazione* in situ *ed* ex situ *di* Abies nebrodensis *(Lojac.) Mattei*. Giorn. Bot. It. (127) 3: 584.

Morandini R., Ducci F., Menguzzato G. (1994). Abies nebrodensis (*Lojac*) *Mattei - inventario 1992*. Ann. Ist. Sper. Selv. 22, 5-51.

Pavari A. (1957). *Agrifoglio* (Ilex aquifolium *L.*). Monti e Boschi, 567-569.

Pignatti S. (1982). *Flora d'Italia*. EDAGRICOLE, Bologna.

Sabato S. (1972). *Considerazioni sul significato fitogeografico ed ecologico di* "Quercus coccifera" *L. S.L. nel salento (Puglia)*. Webbia 27, 517-549.

Finito di stampare
nel mese di ottobre 2007