

4. CONCLUSIONI

La distribuzione ecogeografica degli alleli citoplasmatici, la stima della diversità genetica per marcatori nucleari in relazione a differenti fonti di variabilità, insieme alla stima del flusso genico, oltre a dare un contributo alla conoscenza dei profili di ricolonizzazione post-glaciale (Taberlet 1998, Magri 2006), possono altresì avere un ruolo più applicativo, soprattutto a scala locale, per la gestione.

La conoscenza della struttura genetica di *Fagus sylvatica* e dei flussi genici a livello sito specifico, può essere la base di partenza per tracciare le linee guida di una conservazione e gestione sostenibile delle faggete nell'area investigata. Inoltre, per una migliore comprensione dei fattori selettivi che potrebbero influire sulla variabilità e sulle condizioni di equilibrio delle popolazioni, sarebbe necessario correlare i dati molecolari genetici con i dati storici, di archivio sulle diverse modalità di gestione o di eventuali impatti, (incendi o altro), che avrebbero potuto interessare in vario modo le popolazioni di faggio di questa area, negli ultimi due secoli (Noss 1999).

Non sempre sono state osservati effetti significativi sulla struttura genetica delle popolazioni forestali dovuti alla modalità di gestione dei boschi (Buitveld et al., 2007); ciò nonostante, ulteriori studi a livello di sito sono necessari.

Al fine di dotare le pubbliche amministrazioni di strumenti utili alla gestione delle aree protette e con la prospettiva di un completo recepimento delle direttive e dei regolamenti europei (dir. 92/43/CEE, dir. 1999/105/CEE) è anche utile conoscere le dinamiche genetiche sintetizzate in questo studio. E' possibile pertanto identificare le unità di conservazione (Ledig 1986), in base alle misure di diversità genetica (Petit et al., 1998).

Infatti, come si evince da questo studio in accordo con Vettori et al. (2004) e Magri et al. (2006), le popolazioni meridionali di faggio meritano di essere conservate, perché caratterizzate da una maggiore diversità genetica e dalla presenza di genotipi unici e rari.