

**UDK: 575:635.054**

Prethodno saopštenje *Preliminary report*

## **CITOGENETIKA DRVENASTIH VRSTA**

Lazar Kesić<sup>1</sup>, Saša Orlović<sup>1</sup>, Vladislava Galović<sup>1</sup>

**Izvod:** Citogenetika je posebna oblast genetike koja se bavi uzrocima naslednih promena na nivou struktura i procesa u ćelijama. Ova nauka ima poseban osvrt na proučavanje morfologije i ponašanja hromozoma tokom ćelijske deobe (mitoze i mejoze). Do danas su osmišljene brojne molekularne i genetičke metode za proučavanje hromozoma. Sredinom 70-tih godina prošlog veka razvijeno je nekoliko metoda bojenja hromozoma putem tehnika traka (G, Q, R, C), koje su i danas u širokoj upotrebi za identifikaciju hromozoma kako u biljnoj tako i u humanoj dijagnostici jer daju značajne informacije ne samo o brojnom stanju hromozoma ili veličini genoma već i o promenama u naslednoj osnovi jednog organizma. Primenom ovih metoda unapređena su saznanja o morfologiji i broju hromozoma kao i o načinu nasleđivanja i nivou otpornosti na faktore spoljne sredine kod različitih biljnih vrsta. Cilj rada je bio da se analiziraju dosadašnji rezultati u oblasti šumarske citogenetike kao i sagledavanje mogućnosti primene hromozomske citologije i njenih metodologija u oplemenjivanju i selekciji ekonomski važnih šumskih drvenastih vrsta.

**Ključne reči:** Citogenetika, G-banding, hromozomi, šumarstvo

## ***CYTOGENETICS OF TREE SPECIES***

**Abstract:** *Cytogenetics is a field of genetics which investigates relations between chromosomes and cell behavior, particularly during mitosis and meiosis. Rapid development and great interest in cytogenetics occur in the middle of the last century when DNA was discovered. Nowadays, there is a plenty of molecular and genetic methods which examine chromosomes and cell behaviors. Since 1970's, methods of banding (G, Q, R, C), which are still widely used today to identify chromosomes in plant and human diagnostics, since they provide important information not only on the numerous state of chromosome or genome size,*

---

<sup>1</sup> Master Lazar Kesić, istraživač saradnik (E-mail: [kesic.lazar@uns.ac.rs](mailto:kesic.lazar@uns.ac.rs)); prof. dr Saša Orlović, naučni savetnik; dr Vladislava Galović, viši naučni saradnik; Univerzitet u Novom Sadu, Institut za nizijsko šumarstvo i životnu sredinu, Novi Sad, Srbija

<sup>1</sup>Lazar Kesić, MSc, research assistant (E-mail: [kesic.lazar@uns.ac.rs](mailto:kesic.lazar@uns.ac.rs)); prof. dr Saša Orlović, principal research fellow; dr Vladislava Galović, senior research associate; University of Novi Sad, Institute of Lowland Forestry and Environment, Novi Sad, Serbia

*but also on changes in the hereditary basis of one organism. The application of these methods enhanced the knowledge not only of the morphology and number of chromosomes, but also of method of inheritance and the level of resistance to environmental factors in different plant species. The aim of this paper was to analyze the previous results in the field of forest cytogenetics, as well as to examine the possibilities of applying chromosomal cytology and its methodologies in breeding and selection of economically important forest species.*

**Keywords:** Cytogenetics, G-banding, chromosomes, forestry

## UVOD

Citogenetika je nauka koja proučava morfologiju, strukturu i svojstva hromozoma, njihovo ponašanje tokom deobe somatskih ćelija u toku rasta i razvoja (mitoze) i deobu germinativnih ćelija tokom reprodukcije (mejoze), kao i njihov uticaj na fenotip (Kashtwari et al., 2017). Citogenetika takođe uključuje proučavanje faktora koji izazivaju hromozomske promene (Dimitrijević i Lazović, 2012). Glavna koncentracija genetičkog materijala nalazi se u jedru eukariotske ćelije, dok se kod prokariota nalaze u nukleoidu (Borojević et al., 1974). Pored jedra postoje još dve organele koje sadrže sopstvenu DNK, a to su hloroplasti i mitohondrije, dok se kod prokariota dodatni genetički materijal nalazi u plazmidima i epizomoma (Levin, 2002; Birchler, 2011).

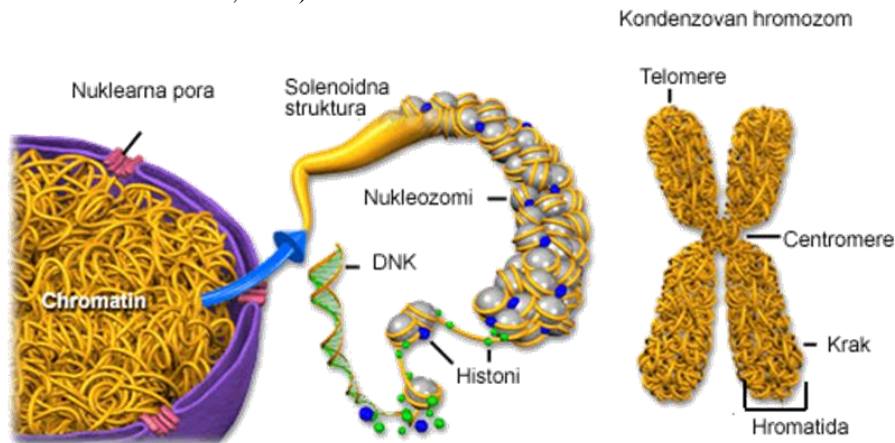
Hromatin predstavlja jedarni materijal, građen pretežno od DNK, ali sadrži i tri forme RNK (informaciona - iRNK, ribozomalna - rRNK i transportna - tRNK), histone i neke nehistske proteine koji imaju ulogu u pakovanju DNK u hromosome i u ekspresiji pojedinih gena (Savić Pavićević i Matić, 2011). Hromatin se uočava u interfaznom jedru (to je jedro ćelije koja nije u deobi, već se nalazi u tzv. interfazi) (Shakoori, 2017b). Naziv hromatina (hromozoma) potiče od grc. *chromos* što znači boja, odnosno, lepo se boji određenim baznim bojama (Borojević et al., 1974).

Heterohromatin se u nukleusu vidi kao taman region, gusto je kondenzovan i bogat je A-T nukleotidima. Ovaj region nije bogat genima koji su transkripcijski aktivni i najčešće je raspoređen po periferiji jedra. U centralnom delu jedra gradi manja ili veća ostrva, a u manjoj meri je vezan i za nukleolus. Količina heterohromatina u ćeliji govori nam o njenoj aktivnosti. Veća količina heterohromatina ukazuje na slabu metaboličku aktivnost ćelije (Levin, 2002; Birchler, 2011; Shakoori, 2017b).

Euhromatin je najčešće smešten u centralnom delu jedra i znatno je svetlije obojen od heterohromatina jer predstavlja despiralizovani hromatin. Bogat je G-C nukleotidima i transkripcijski je aktivan (Savić Pavićević i Matić, 2011; Dimitrijević i Lazović, 2012; Shakoori, 2017b).

Tokom ćelijske deobe hromatin se kondenzuje u strukture poznate kao hromozomi. Smanjenje dužine molekula DNK u ćeliji, koji je udružen sa proteinima, označava se kao pakovanje DNK. Postoje tri nivoa pakovanja DNK. Prvi nivo pakovanja podrazumeva asocijaciju DNK sa histonskim proteinima pri

čemu se hromatin smanjuje za šest puta, a ta tvorevina naziva se nukleozom. Nukleozomi se sastoje od proteinskog jezgra, građenog od histona, oko kojeg lanac DNK pravi dupli navoj u dužini od 146 nukleotida, a potom se spušta i namotava oko proteinskog jezgra susednog nukleozoma i tako celom dužinom hromozoma (Slika 1.). Drugi nivo pakovanja je organizovanje nukleozoma u strukturu vlakna, čime se postiže smanjenje DNK za oko 40 puta. Treći nivo pakovanja podrazumeva dodatnu kondenzaciju vlakna, pri čemu se dužina DNK u euhromatinu smanjuje za oko 1000 puta, a u heterohromatinu za oko 10000 puta (Birchler, 2011; Savić Pavićević i Matić, 2011; Shakoori, 2017a). Hromozomi postaju jasno vidljivi i intenzivno obojeni u ranoj mitozu. Građeni su od nukleozoma, složenih globularnih struktura koje su raspoređene jedna iznad druge celom dužinom hromozoma. Tokom kondenzacije hromozoma u mitozu, nukleozomi se veoma čvrsto pakuju jedan uz drugi, jer se usled izražene spiralizacije DNK, skraćuje rastojanje između njih. Nasuprot ovome, u interfaznom jedru pojedinačni hromozomi nisu vidljivi, jer je hromatin u velikoj meri despiralizovan (Levin, 2002; Birchler, 2011; Savić Pavićević i Matić, 2011).



**Slika 1.** Pakovanje hromatina i izgled hromozoma

*Figure 1. Packing of chromatin and looks of chromosome*

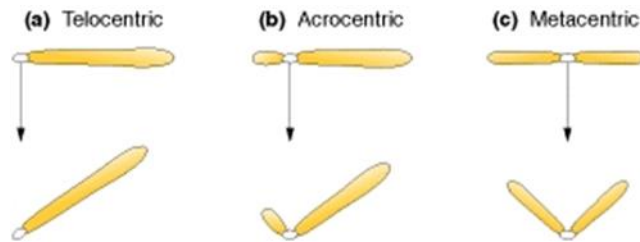
(preuzeto sa / source: [http://www.biologija.rs/ORGANELE/pakovanje\\_hromozoma.gif](http://www.biologija.rs/ORGANELE/pakovanje_hromozoma.gif))

Histonski proteini koji ulaze u sastav nukleozoma su isti za sve eukariotske ćelije, a podeljeni su u pet glavnih grupa H1, H2A, H2B, H3 i H4. Proteinsko jezgro nukleozoma je izgrađeno od po dva H2A, H2B, H3 i H4 proteina i DNK molekula, koji čine strukturu koja se naziva histonski oktamer (Shakoori, 2017b). Histon H1 se još i naziva vezni histon jer povezuje veznu DNK i DNK jezgra, ali ne ulazi u sastav histonskog oktamera. Histoni H3 i H4 spadaju u evoluciono najočuvanije proteine među eukariotima, dok H2A i H2B pokazuju izvesne varijacije u aminokiselinskoj sekvenci koje su specifične za vrstu (Levin, 2002; Savić

Pavićević i Matić, 2011). Sa tim u vezi, na osnovu H2A i H2B proteina moguće je vršiti filogenetska istraživanja vrsta i rodova (Eriksson et al., 2001).

Hromozomi se sastoje od 2 hromatide spojene centromerom koja predstavlja primarno suženje na hromozomu i ima ulogu u orijentaciji i kretanju hromozoma tokom ćelijske deobe. Delovi hromozoma koji su locirani iznad i ispod centromere označeni su kao kraci hromozoma (Dimitrijević i Lazović, 2012).

Akrocentrični hromozomi se odlikuju time što je centromera jako pomerenka ka jednom kraju hromozoma, pa razlikujemo dugi q krak i kratki p krak. Na akrocentričnim hromozomima (Slika 2.) pored primarnog postoji i sekundarno suženje koje je smešteno pri samom vrhu njihovih kraćih krakova. Upravo na mjestu ovog suženja je smeštena sekvenca DNK odgovorna za kodiranje sinteze RNK. U interfaznom jedru sekundarna suženja akrocentričnih hromozoma obrazuju nukleolus (Marques de Resende, 2017).



**Slika 2.** Tipovi hromozoma  
**Figure 2.** Types of chromosomes

(Preuzeto sa / Source: [http://www.biologija.rs/ORGANELE/klasifikacija\\_hromozoma.jpg](http://www.biologija.rs/ORGANELE/klasifikacija_hromozoma.jpg))

Broj hromozoma je karakterističan za svaku vrstu i stalan je u telesnim ćelijama. Skup svih hromozoma jednog organizma naziva se kariotip, dok kariogram predstavlja hromosome poređane po veličini i obliku (Dimitrijević i Lazović, 2012; Marques de Resende, 2017).

Promene u genomima koje obuhvataju cele hromosome ili njihove delove se mogu nazvati hromozomske aberacije. U zavisnosti od aberacije, odnosno od toga da li se među hromozomima javlja promena u građi ili broju, aberacije mogu biti strukturne i numeričke aberacije (Savić Pavićević i Matić, 2011)

Numeričke aberacije se odlikuju promenama u broju hromozoma. Na osnovu prirode promene u pogledu broja hromozoma, razlikuju se poliploidija i aneuploidija. Poliploidija predstavlja proces uvećanja monoploidnog broja hromozoma ili uvećanja kompletne garniture hromozoma, dok je aneuploidija uvećanje ili smanjenje osnovne garniture za jedan ili veći broj hromozoma (Comai, 2005; Shakoori, 2017a).

Cilj rada je bio da prikazemo mogućnosti koje pružaju citogenetička istraživanja, sa osvrtom na šumske biljne vrste. Pomoću citogenetičkih istraživanja možemo da utvrdimo specifičnosti kod vrsta na ćelijskom nivou, sagledamo veličinu genoma (Libby et al., 1969), istražujemo promene na hromozomima što nam

pomaže u istraživanjima u populacionoj genetici (Matesanz et al., 2014; Ducci i Donnelly, 2017), epigenetici (Avramidou et al., 2018, u štampi). Poznavanje veličine genoma je važan preduslov za pripremu sekvenciranja sledeće generacije (*engl.* next generation sequencing-NGS) (Qaisar et al., 2017). Epigenetika je naučna disciplina genetike, koja proučava nasledne promene u ekspresiji gena koje nisu uzrokovane promenama u DNK molekulu. Pored toga, epigenetička istraživanja se koriste za proučavanje dugoročnih promena koje nisu nasledne. Za razliku od genetike, epigenetika se zasniva na promenama izvan DNK molekula i promenama u ekspresiji gena koje su posledica faktora spoljašnje sredine (Eriksson et al., 2001). Zajedničko većini epigenetičkih fenomena je odstupanje od Mendelovih zakona nasleđivanja. U njihovoj osnovi su specifične promene u ekspresiji gena. Fenomeni vezani za ekspresiju su efekat varijegacije (*engl.* Position effect variegation-PEV), imprinting kao i paramutacije. Efekat varijegacije je uzrokovan utišavanjem (*eng.* *silecing*) gena u nekim ćelijama u okviru heterohromatina putem transpozicije. Efekat varijegacije je takođe povezan sa promenama u konformaciji hromatina (Elgin i Reuter, 2013). Genomski imprinting je epigenetički fenomen koji uzrokuje da se geni ekspimiraju na način koji je specifičan za roditelja. Ovaj fenomen uključuje metilaciju DNK i metilaciju histonskih proteina bez promene DNK sekevence. Metilacija u biološkim sistemima predstavlja dodavanje metil grupe (R – CH<sub>3</sub>) ili zamenu nekog atoma ili neke druge grupe metil grupom (Ferguson-Smith, 2011). U epigenetici, paramutacije predstavljaju interakciju između dva alela na jednom lokusu, pri čemu jedan alel indukuje naslednu promenu na drugom alelu. Promenu može biti izvršena preko metilacije DNK ili modifikacije histonskih proteina (Haring et al., 2010). Dokazano je da histonski elementi mogu imaju regulacionu funkciju u ćeliji pored transkripcijskih faktora i promotorskih regiona (Eriksson et al., 2001).

## MOLEKULARNE METODE ZA ISTRAŽIVANJE U CITOGENETICI

Kombinovanje genetskog mapiranja, sekvenciranja, molekularne citogenetike i uporedne analize pokazale su se kao dobre metode za proučavanje citogenetike, od osnove biljnog carstva do interspecijske i intraspecijske hibridizacije (Aversano et al., 2012). Široko upotrebljena metoda u citogenetici je *in situ* hibridizacija, koja predstavlja jaku vezu između hromozomskog i molekularnog nivoa genoma. Proces *in situ* hibridizacije se zasniva na činjenici da se pod određenim uslovima jednostruki lanac DNK vezuje za holomogi deo DNK i na taj način omogućuje određivanje pozicije na kojim hromozomima se nalaze određene sekvence gena. Praktično, veštački sintetizovana probna sekvenca DNK se označava ili radioaktivno ili u današnje vreme često visoko fluorescentnim hemijskim grupama. Zatim se na predmetnom staklu omogućuje hibridizacija hromozomske DNK sa obeleženim probama i nakon ispiranja nevezanih proba citološki preparat se može bojiti i ispitivati autoradiografski ili pod UV lampom u cilju lokalizacije proba vezanih za hromozome. *In situ* hibridizacija je veoma moćna

tehnika kojom je moguća pouzdana indentifikacija hromozoma, omogućava pozicioniranje jedinstvenih i ponovljenih sekvenci duž DNK (Savić Pavićević i Matić, 2011; Aversano et al., 2012). Genetsko mapiranje predstavlja tehniku koja se takođe koristi u indentifikaciji poliploida, ali se problem javlja kod diploidnih vrsta jer se ne dobija dovoljna genetička udaljenost u slučaju velikih populacija (Porceddu et al., 2002). Mapiranje gena je realizacija svakog metoda koji je omogućava lociranje gena i njihove međusobne udaljenosi i rasporeda na hromozomu. Suština svih genomskih mapiranja je da se uspostavi kolekcija molekularnih markera na odgovarajućim pozicijama u genomu. Genetsko mapiranje je bazirano na molekularnim markerima, a najčešće korišćeni su RFLP markeri (restriction fragment length polymorphism – polimorfizam dužine restrikcionih fragmenata) (Aversano et al., 2012). U RFLP metodi, DNK uzorak se, pomoću restrikcionih enzima, cepa (digestira) na komade, a samim tim restrikcioni fragmenati su u gel elektroforezi razdvojeni, u skladu sa njihovim dužinama. Ovaj metod je već u velikoj meri zastario zbog uspona tehnologija jeftinog sekvenciranja DNK. RFLP je važan alat u mapiranju genoma, lokalizaciji gena za genetičke poremećaje, procenu rizika za pojavu naslednih bolesti i testiranje roditeljstva. Uporedna genomski analiza je tehnika koja se koristi u citogenetici kojom je moguće utvrditi glavne evolucione mehanizme nastanka poliploida, što je dokazano kod različitih vrsta pšenice (Chantret et al., 2005; Gao et al., 2007).

Za bojenje hromozoma koriste se Romanovsky boje koje uključuju boje Giemsa, Leishman i Wright. Najčešće se koristi tehnika bojenja sa Giemsa bojom koja ravnomerno boji hromozome, a centromere ostaju nepromenjene što omogućava merenje dužine hromozoma, položaj centromere i raspon krakova (Dimitrijević i Lazović, 2012; Shabir et al., 2017). Tehnike bojenja se široko koriste u citogenetici, a ovde ćemo spomenuti metodu traka kojom se hromozomi mogu definisati prema karakterističnom rasporedu traka duž hromozomske ose. Ovom metodom se pomoću boja koje se vezuju direktno za DNK dobijaju trake specifične za svaki hromozom (Blancato, 1999; Carpenter, 2002). Ovom metodom se postiže bolji uvid u hromozomske homologe, koji su bez tehnika traka bili teško prepoznatljivi. Svaka tehnika traka vezana je za samo određene hromozomske regije (G-metoda boji hromatide, T-metoda boji telomere, NOR-centromere). Svaki hromozom ima specifičan profil traka što omogućuje razlikovanje pojedinih hromozoma unutar kariotipa. Pomoću tehnike traka svaki hromozom pokazuje celom dužinom svetlije i tamnije trake koje predstavljaju euhromatinska i heterohromatinska područja hromozoma, te su se bolje identifikovali ne samo celi hromozomi, već i njihovi pojedini delovi, čime je omogućeno otkrivanje velikog broja do tada neotkrivenih hromozomskih aberacija (Dimitrijević i Lazović, 2012). Najčešće korišćena tehnika traka je G tehnika traka (*eng.* G-banding) (Slika 3). To je metoda u kojoj se hromozomi tretiraju tripsinom, a nakon toga boje ljubičastom bojom Giemsa. Svaki homologni par ima jedinstven profil G-pruga što omogućuje prepoznavanje pojedinih hromozoma u kariotipu (Fominaya et al., 1988). Hromozomski preparati tretirani kolhicinom se analiziraju pod svetlosnim mikroskopom. Kolhicin je po hemijskoj strukturi alkaloid

i ima citostatičko delovanje jer kada se doda u određenoj količini zaustavlja mitozu ćelija tako što sprečava obrazovanje deobnog vretena i polimerizaciju mikrotubula (Derman, 1952). Tretirane ćelije zaustavljaju deobu u svim fazama i mogu se posmatrati. Pregleda se 15-20 metafaznih ćelija, i nakon toga se određuje broj hromozoma. Metafazne ćelije se pregledaju jer su hromozomi tokom metafaze najviše kontrahovani što omogućavaju najbolju vizuelizaciju i proučavanje. Za detaljnu analizu izabere se najmanje 5 najkvalitetnijih metafaznih pločica (Gill et al., 1974). Detaljna analiza temelji se na poređenju svake trake na jednom hromozomu sa trakom homologog hromozoma. Nakon mikroskopske analize fotografišu se najkvalitetnije metafazne ćelije. Iseku se svi hromozomi, slože u parove prema veličini i uzorku traka i obrazuje se kariotip i kariogram (Seabright, 1971; Shabir et al., 2017). Ovom metodom moguće je ustanoviti numeričke i strukturne aberacije, detektovanje hromozomskih rearanžmana, promene u hromozomskom delu, procenat zastupljenosti euhromatina i heterohromatina u ćeliji/hromozomu i analiza kariotipa.

Chen RY et al.



**Slika 3.** Kariotip hromozoma urađen metodom G-traka  
*Figure 3. Karyotype of chromosome done by G-banding method*  
(Preuzeto od / Source: Chen et al., 1994)

## ZAKLJUČAK

Citogenetska istraživanja u šumarstvu su izuzetno važna i neophodna kako bi se steklo znanje vezano za genetiku, konzervaciju šumskih genetičkih resursa, molekularnu biologiju i druge oblasti šumarstva. Poznavanje genoma drvenastih vrsta predstavlja osnovu za dalja istraživanjima u selekciji i programima oplemenjivnja.

Pomoću citogenetičkih istraživanja možemo da utvrdimo specifičnosti kod vrsta na ćelijskom nivou, sagledamo veličinu genoma, istražujemo promene na hromozomima što nam pomaže u istraživanjima u populacionoj genetici, epigenetici i prilikom sekvenciranja kompletnih genoma. Međutim ova istraživanja mogu da reše mnogo veće probleme. Pomoću istraživanja histonskih proteina (H2A i H2B) moguće je rešiti problematične statuse pojedinih vrsta ili blisko srodnih taksona. Metode traka moguće je koristiti u istraživanju hromozomskih aberacija, promenama u strukturi i broju hromozoma, procenat zastupljenosti euhromatina i heterohromatina u ćeliji/hromozomu i analiza kariotipa.

## LITERATURA

- Aversano, R., Ercolano, M. R., Caruso, I., Fasano, C., Rosellini, D., Carputo, D. (2012): Molecular tools for exploring polyploid genomes in plants. *International journal of molecular sciences* 13(8): 10316-10335.
- Avramidou, E. (2018): Epigenetics vs genetics: unraveling the importance beyond the gene in natural forest populations. *Topola in press*.
- Birchler, J. (Ed.) (2011): *Plant Chromosome Engineering*. Division of Biological Sciences University of Missouri Columbia, MO, USA.
- Blancato, J.K. (1999): Fluorescence in situ hybridization. U: Gersen SL, Keagle MB, (Eds). *The principles of clinical cytogenetics*. Totowa: Human Press: 443-473.
- Borojević, S., Borojević, K., Postolović, A. (1976): *Genetika*. Univerzitet u Novom Sadu.
- Carpenter, N.J. (2002): Molecular cytogenetics: 46 chromosomes, 46 years and counting. *Nature Reviews: Genetics* 3: 769-778.
- Chantret, N., Salse, J., Sabot, F., Rahman, S., Bellec, A., Laubin, B., Gautier, M. F. (2005): Molecular basis of evolutionary events that shaped the hardness locus in diploid and polyploid wheat species (*Triticum* and *Aegilops*). *The Plant Cell* 17(4): 1033-1045.
- Comai, L. (2005): The advantages and disadvantages of being ploidy. *Nature Reviews Genetics* 11: 836 – 846.
- Derman, H. (1952): Polyploidy in the apple: Found Seven Years After Colchicine Treatment. *Journal of Heredity* 43(1): 7-8.



- Dimitrijević, A., Lazović, J. (2012): Istorijat tehnološkog razvoja citogenetike. PONS, 62.
- Ducci, F., Donnelly, K. (2017): Forest tree marginal populations in Europe-report on the state of knowledge on forest tree marginal and peripheral populations in Europe. *Annals of Silvicultural Research* 41(3): 1-12.
- Elgin, S.C., Reuter, G. (2013): Position-effect variegation, heterochromatin formation, and gene silencing in *Drosophila*. *Cold Spring Harbor perspectives in biology* 5(8), a017780.
- Eriksson, G., Ekberg, I., Clapham, D. (2001): An introduction to forest genetics. Genetic Center, Department of Plant Biology and Forest.
- Ferguson-Smith, A.C. (2011): Genomic imprinting: the emergence of an epigenetic paradigm. *Nature Reviews Genetics* 12(8): 565-575.
- Fominaya, A., Vega, C., Ferrer, E. (1988): Giemsa C-banded karyotypes of *Avena species*. *Genome* 30(5): 627-632.
- Gao, S., Gu, Y., Wu, J., Coleman-Derr, D., Huo, N., Crossman, C., Jia, J., Zuo, Q., Ren, Z., Anderson, O. (2007): Rapid evolution and complex structural organization in genomic regions harboring multiple prolamin genes in the polyploid wheat genome. *Plant Molecular Biology* 65: 189–203.
- Gill, B. S., Kimber, G. (1974): Giemsa C-banding and the evolution of wheat. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 71, 4086–4090.
- Haring, M., Bader, R., Louwers, M., Schwabe, A., van Driel, R., Stam, M. (2010): The role of DNA methylation, nucleosome occupancy and histone modifications in paramutation. *The Plant Journal* 63(3): 366-378.
- Kashtwari, M., Showkat, A.Z., Wani, A.A (2017): Laboratory Techniques of Studying Plant Chromosomes. U: *Banding Techniques in Chromosome Analysis*. Shabir, P.A., Wani, A.A., Nawchoo, I.A. (Eds.). *Chromosome Structure and Aberrations*: 75 – 107.
- Levin, D. A. (Ed.) (2002): *The role of chromosomal change in plant evolution*. Oxford University Press.
- Libby, W. J., Stettler, R. F., Seitz, F. W. (1969): Forest genetics and forest-tree breeding. *Annual Review of Genetics* 3(1): 469-494.
- Marques de Resende, K.F. (2017): Karyotype Evolution: Concepts and Applications. U: *Banding Techniques in Chromosome Analysis*. Shabir, P.A., Wani, A.A., Nawchoo, I.A. (Eds.). *Chromosome Structure and Aberrations*: 181 – 200.
- Matesanz, S., Valladares, F. (2014): Ecological and evolutionary responses of Mediterranean plants to global change. *Environmental and Experimental botany* 103: 53-67.
- Porceddu, A. Albertini, E. Barcaccia, G., Falistocco, E., Falcinelli, M. (2002): Linkage mapping in apomictic and sexual Kentucky bluegrass (*Poa pratensis* L.) genotypes using a two way pseudo-testcross strategy based on AFLP and SAMPL markers. *Theoretical and Applied Genetics* 104: 273–280.

- Qaisar, U., Tayyeb, A., Bhat, T.A. (2017): Techniques of Chromosomal Studies. U: Banding Techniques in Chromosome Analysis. Shabir, P.A., Wani, A.A., Nawchoo, I.A. (Eds.). Chromosome Structure and Aberrations, 307 – 330.
- Savić Pavićević, D., Matić, G. (2011): Molekularna biologija 1. NNK International, Beograd.
- Seabright, M. (1971): A rapid banding technique for human chromosomes. Lancet 2: 971-972.
- Shabir, P.A., Wani, A.A., Nawchoo, I.A. (2017): Banding Techniques in Chromosome Analysis. U: Banding Techniques in Chromosome Analysis. Shabir, P.A., Wani, A.A., Nawchoo, I.A. (Eds.). Chromosome Structure and Aberrations: 167 – 180.
- Shakoori, A.R. (2017a): Introduction to Chromosome. U: Banding Techniques in Chromosome Analysis. Shabir, P.A., Wani, A.A., Nawchoo, I.A. (Eds.). Chromosome Structure and Aberrations: 1 – 11.
- Shakoori, A.R. (2017b): Organization of Genetic Material into Chromosomes. U: Banding Techniques in Chromosome Analysis, Shabir, P.A., Wani, A.A., Nawchoo, I.A. (Eds.). Chromosome Structure and Aberrations: 41 – 73.

### **Summary**

#### **CYTOGENETICS OF TREES**

by

*Lazar Kesić, Saša Orlović, Vladislava Galović*

*Cytogenetics is a field of genetics which investigates relations between chromosomes and cell behavior, particularly during mitosis and meiosis. Rapid development and great interest in cytogenetics occur in the middle of the last century when DNA was discovered. Nowadays, there is a plenty of molecular and genetic methods which examine chromosomes and cell behaviours. Since 1970's, methods of banding (G, Q, R, C), which are still widely used today to identify chromosomes in plant and human diagnostics, since they provide important information not only on the numerous state of chromosome or genome size, but also on changes in the hereditary basis of one organism. The application of these methods enhanced the knowledge not only of the morphology and number of chromosomes, but also of method of inheritance and the level of resistance to environmental factors in different plant species. The aim of this paper was to analyze the previous results in the field of forest cytogenetics, as well as to examine the possibilities of applying chromosomal cytology and its methodologies in breeding and selection of economically important forest species.*