

Genetische Variabilität von Populationen von *Taxus baccata* L.

Genetic variability of English yew populations

Ivana ROMŠÁKOVÁ & Ladislav PAULE

Schlagwörter: Eibe, genetische Variabilität, Mikrosatelliten.

Key words: english yew, genetic variability, microsatellites.

Zusammenfassung: Wir haben die genetische Variabilität der Eibe (*Taxus baccata* L.) untersucht. Die Eibe ist eine gefährdete und zumeist geschützte Baumart mit weitem Verbreitungsareal. Einundvierzig natürliche Populationen von *Taxus baccata* und eine von *T. cuspidata* und eine von *T. brevifolia* wurden mit Hilfe von 7 Kernmikrosatelliten-Genorten analysiert. Von bisherigen Untersuchungen sieht man, dass *Taxus* eine Baumart mit hoher genetischer Variabilität ist (genetische Vielfalt $A=22-69$ und genetische Diversität $H_e=0,667$). Alle Populationen weisen auf ein Heterozygotendefizit hin. Dieses Defizit kann das Ergebnis entweder von Verwandtenpaarung innerhalb von Populationen oder der Präsenz von Null-Allelen sein. Die Analysen zeigen eine deutliche genetische Differenzierung der Populationen. (Allerdings, es sind nur vorläufige Ergebnisse, weil noch nicht alle Populationen und Loci ausgewertet sind. Das gesamte Datenset wird nochmals analysiert.)

Summary: We investigated genetic variation of English yew (*Taxus baccata* L.), an endangered species with wide distribution area. Fortyone natural populations of *Taxus baccata* and one of *T. cuspidata* and one of *T. brevifolia* were analysed using seven microsatellite loci. English yew was found to possess high levels of genetic variation, both concerning allelic multiplicity ($A=22-69$) and gene diversity ($H_e=0,667$). In all populations, a significant surplus of heterozygotes was observed. The high heterozygosity deficiency could be interpreted as a result of inbreeding within English yew populations or another potential explanation for the heterozygote deficit might be the presence of null alleles. The evaluation of genetic differentiation showed that the populations are strong differentiated. (However, these are only preliminary results. Only a part of the populations and loci are analysed so far. The whole data set will be evaluated again.)

Das Objekt unseres Forschungsinteresses ist die gemeine Eibe *Taxus baccata* L. Obwohl es bei diesem Genus verschiedene taxonomische Meinungen gibt, werden im Allgemeinen die Populationen von *Taxus* in Europa, Nordafrika, Kleinasien, im Kaukasus und im nördlichen Iran zu *Taxus baccata* gezählt.

Eibe ist eine der ältesten Baumarten im Europa. Noch vor einigen Jahrhunderten war sie häufig und heutzutage ist sie in manchen Ländern eine seltene, gefährdete und zumeist geschützte Baumart. Es ist ein Paradoxon, dass diese Species trotz ihrer Anspruchslosigkeit und großer Anpassungsfähigkeit fast ausgestorben ist. Für diesen Zustand sind mehrere Gründe genannt z.B. schlechte Anpassung, Übernutzung im Mittelalter, hoher Wilddruck, Konkurrenzschwäche, Forstwirtschaft (Kahlschlag und Fichtenmonokulturen) usw.

Die Slowakei gehört zu den Ländern, in denen Bestände von *Taxus* noch häufig sind, aber auch hier ist ihr Rückgang zu sehen. Größere Eibenvorkommen in der Slowakei sind meist als Naturschutzgebiete ausgewiesen. Aber trotz der Schutz- und Gesetzmassregeln verschwindet die Eibe auch aus geschützten Gebieten.

Das Areal der Eibe ist disjunkt, sie kommt häufig in kleinen, stark fragmentierten Beständen vor, oft mit sehr beschränkten Möglichkeiten für Genfluss. Das kann zu einer Verringerung der genetischen Variabilität in diesen Vorkommen führen. Die Reduktion der Variabilität ist ein negatives Phänomen und kann eine Verminderung der Anpassungsfähigkeit verursachen. Solche Populationen sind dann mehr empfindlich z.B. auch gegen klimatische Veränderungen. Nur große genetische Vielfalt ermöglicht Anpassungsvorgänge, die bei den sich gegenwärtig verändernden Umweltbedingungen notwendig sind.

In der Vergangenheit war *Taxus* nicht so oft ein Ziel von Forschungsarbeiten. Heute wird der Eibe mehr Aufmerksamkeit geschenkt besonders aus Artenschutzgründen und auch wegen des Gehaltes von Stoffen, die für Krebsheilung verwendbar sind. Es gibt nur wenig Informationen über die genetische Variabilität von *Taxus baccata*, die meisten sind Isoenzymanalysen (LEWANDOWSKI et al. 1992, THOMA 1992, LEWANDOWSKI et al. 1995, THOMA 1995, HERTEL 1996, HERTEL & KOHLSTOCK 1996, RAJEWSKI et al. 2000, ZATLOUKAL et al. 2001, CAO et al. 2004, PAUL & TRÖBER 2006, LEINEMANN & HATTEMER 2006). Molekulare Marker bei der Analyse genetischer Variabilität der Eibe haben PAFFETTI et al. (1999), HILFIKER (2002), COLLINS et al. (2003), HILFIKER et al. (2004), CAO et al. (2004), DUBREUIL et al. (2008) benutzt. Alle Forschungsarbeiten, die zur Verfügung stehen, haben Populationen aus einem begrenzten Gebiet analysiert. Das Ergebnis unserer Forschung sollte eine weitgehende Analyse sein, die die genetische Variabilität von Populationen repräsentieren, die das natürliche Verbreitungsgebiet der Eibe darstellt.

Man weiß sehr wenig über genetischer Variabilität von *Taxus*populationen in ihrem natürlichen Verbreitungsgebiet. Wir wollten diese Informationen

mit den Ergebnissen unserer Untersuchung ergänzen. Solche Informationen sind notwendig um rechtzeitig Massnahmen aufzunehmen und konnten zur Erarbeitung differenzierter Strategien für die Erhaltung des genetischen Potentials und der Wiedereinbringung der Eibe unter Berücksichtigung ihrer gegenwärtigen Situation benutzt werden.

2. Material

Als Untersuchungsmaterial wurden getrocknete Nadeln von *Taxus baccata* benutzt. Für diese Studie haben wir Proben aus 18 Ländern (Tab. 1). Es wurden durchschnittlich 30 Individuen pro Population gesammelt.

Die Proben stammen von Individuen aus natürlichen Populationen. Wir haben auch Nadeln aus *Taxus brevifolia* und *Taxus cuspidata* benutzt. Diese sind nur durch eine Population vertreten. Das Ziel unserer Forschung ist die genetische Analyse von Populationen, die das gesamte natürliche Verbreitungsareal (Abb. 1) repräsentieren.

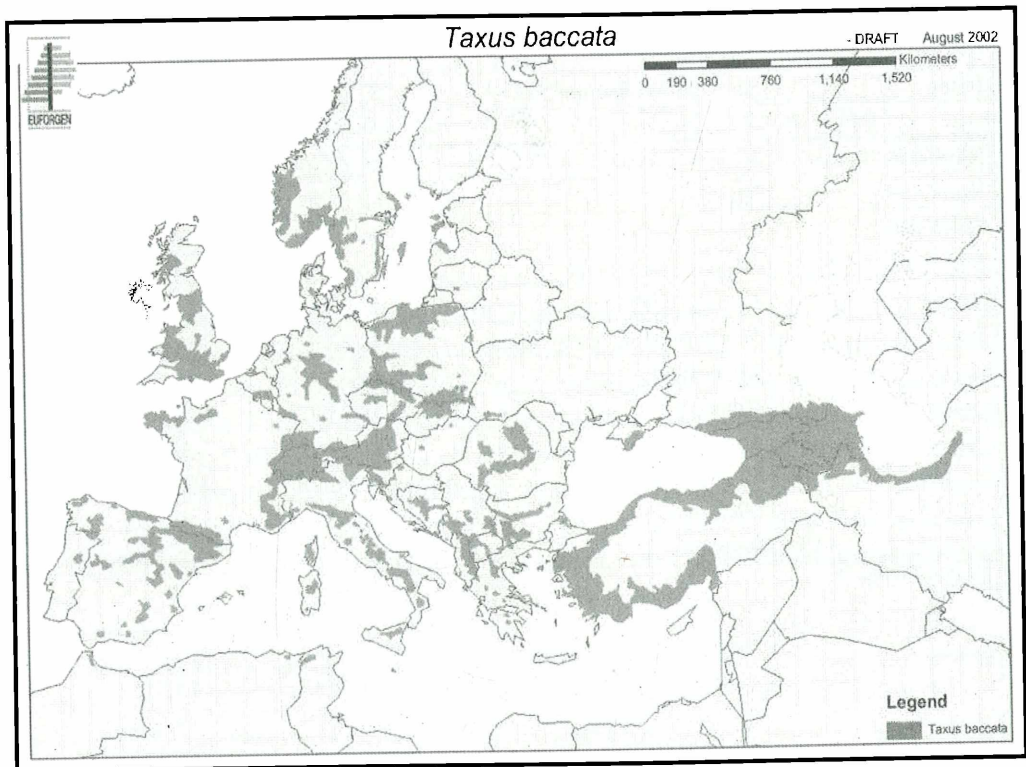


Abb.1: Natürliches Verbreitungsareal der Eibe.

Tab 1: Geographische Koordinaten und Gebiete der analysierten Populationen.

Land	Population	Geographische Breite	Geographische Länge
Algerien	Tala Guilef	36,4667	4,1000
Bulgarien	Vitoša	42,5333	23,2500
Bosnien und Herzegovina	Ajdonovici / Olovo	44,0667	18,5500
	Konjic	43,5500	17,9833
	Plješevica	44,7500	20,8500
Deutschland	Dissau und Steinberg (Thüringen)	50,6833	10,0667
	Heiligenstadt	51,3833	10,1333
Dänemark	Monkebjerck, Strandskov	55,6167	9,8167
Georgien	Nichbisi	41,8333	44,5500
Irland	Donegal	55,6550	-8,1161
	Glengarra Wood	52,1800	-8,0700
	Kilmacurragh	52,9292	-6,2331
Norwegen	Gjuvslandslia	60,0500	6,0000
Österreich	Mond See	47,8667	13,3333
Polen	Skarzysko-Kamienna	51,0117	20,8833
	Wipowo	53,7667	20,8333
Russland	Khosta	43,6666	39,6500
Rumänien	Tudora	47,0500	26,6833
Slowenien	Unec	45,8333	14,3000
Slowakei	Becherovská tisina	49,4500	21,3000
	Dolné Vestenice	48,7000	18,4000
	Harman. tisina, Malý Šturec	48,8333	19,0167
	Kamienka	49,3500	20,5666
	Kňazová	48,9500	18,2833
	Lučivná	49,2166	19,1833
	Muráň	48,7666	20,0000
	Pavelcovo	48,7666	19,1000
	Plavno	48,7500	19,2666
Tschechische Republik	Dolina Belá		-
	Moravský kras	49,3500	16,7666
	Šumava Predhorie	49,3500	13,5167
	Železná ruda	49,1333	13,2333
Ukraine	Kniazhdvir, Kolomyja	48,5666	24,8833
	Krym, Mtinch (Male Sadowe)	44,6167	33,8500
	Krym, Czatyvdach	44,7667	34,3000
	Ugolka	48,2333	23,7333
Grossbritannien	Buster Hill	50,9667	-0.9917

	Kingley Vale NNR, West Sussex	50,5500	-0,8333
	Private woodland in Wiltshire, Great Yews	51,0833	-1,8347
	Private woodland in Wiltshire, Little Yews	51,0305	-1,8167
	Crompton, Newlands Corner	50,2333	-0,5000

Tab. 2: Charakteristika der verwendeten *Taxus baccata* Mikrosatelliten.

Name von Locus	Sequenz von Primer (5'-3')	Länge von PCR Produkt	PCR Reaktion
TAX23	F: TCAGCCTTATTCGAGTTTTC FAM R: TGAAGTAGCTTTGCTTGTA	147–193 bp	B+C
TAX26	F: TCCTCAAATGTAAACCGAGT TAMRA R: GGAAGTTCATCTTTCATGC	200–298 bp	B+C
TAX31	F: CAAATGAGGGGTAGGACTAT FAM R: TGCACACATCTATCTACATTTTC	207–271 bp	A
TAX36	F: CAGAGTCTTTTGGGCTTCTA TAMRA R: CCTTGAATCTTTTCCTTTT	110–300 bp	B
TAX60	F: TACATGGCCTTTTGGATTTA HEX R: GGGTTTACACCCATAAACAA	100–164 bp	B
TAX86	F: CCCTAGGGTTGGTGGAAATTT FAM R: TGTGGGAATGCCATTTAAGCA	152–382 bp	B+C
TAX92	F: GCCTATTTCGAAACCATAGA FAM R: GTGATGGAACTGCCATATCT	noch nicht ausgewertet	A

Die Amplifizierungen wurden im Gesamtvolumen von 10 μL durchgeführt; enthaltend 20 ng DNA, 1 $\times$ PCR Puffer (Promega), 0,2 μL von jedem Primer, 0,2 mM von jedem dNTP, 1,5 mM (A) oder 2,5 mM MgCl_2 (B), 0,4%BSA (C) und 0,75 U Taq Polymerase (GoTag, Promega). Für die Amplifizierungen der DNA wurde Perkin-Elmer GeneAmp 9700 Zyklus und folgende Bedingungen benutzt: 5 min 94° C danach erfolgten 10 „touchdown“ Zyklen von 30 s bei 94° C, 40 s bei 60° C (1° C niedriger per Zyklus) und 40 s bei 72° C und 25 Zyklen von 30 s bei 94° C, 30 s bei 50° C, 40 s bei 72° C mit dem Endextension-Schritt von 7 min bei 72° C. Für die Separation von PCR-Produkten wurde der MegaBACE 1000 Sequenzer (GE Healthcare) verwendet. Die Grösse von Allelen war mittels Grössenstandard MegaBACE ET400-R und MegaBACE Fragment Profiler Version 1.2 Software (GE Healthcare) bestimmt. Die Datenanalyse wurde mit den Programmen PHYLIP v.3.61 (FELSENSTEIN 2003), GENETIX 4.05 (BELKHIR et al. 1996), STRUCTURE 2.2 (PRITCHARD et al. 2000), CONVERT (GLAUBITZ 2004), GENEPOP (ROUSSET 2007) durchgeführt. Für alle Analysen waren 41 *Taxus baccata*-Populationen und sechs Loci benutzt. Die erwartete Heterozygotie H_e und die beobachtete Heterozygotie H_o , paarweise F_{ST} und der Genfluss (Nm) wurden mit GENETIX berechnet. Der Genfluss zwischen den 41 Populationen wurde nach der Formel $Nm = (1-F_{ST})/4 \cdot F_{ST}$ berechnet, wobei N

für die effektive Populationsgröße und m für die Migrationsrate steht. Paarweise genetische Differenzierung zwischen Populationen wurde mit Hilfe des F_{ST} -Wertes geschätzt (WEIR & COCKERHAM 1984). Um die Signifikanz der Populationsdifferenzierung zu testen, wurde GENEPOP benutzt (100 000 „iterations“ und 1000 „dememorisation steps“). Der UPGMA-Stammbaum wurde mittels des Programmes PHYLIP gebildet. Um die geografisch-genetische Struktur zu untersuchen, wurde auch eine im Programm STRUCTURE implementierte Clusteranalyse durchgeführt. Bei der Analyse wurden als Grundeinstellungen das „population admixturemodel without sampling information“ und das „correlated allele frequencies model“ gewählt.

4. Ergebnisse

Die Ergebnisse sind nur vorläufig, weil noch nicht alle Populationen und Locusen ausgewertet sind. Alle untersuchten Genorte weisen Polymorphismen in *Taxus baccata* aus. Es waren zusammen 244 verschiedene Allele bei ca. 1200 Individuen identifiziert. Zwischen 19 und 59 Allele pro Locus wurden gefunden (Tab. 3). Der Locus TAX36 ist am stärksten polymorph.

Tab. 3: Charakteristiken von Mikrosatelliten und Anzahl der Allelen.

Name von Locus	Anzahl von Allelen	Länge von PCR Produkt
TAX23	19	147–193 bp
TAX26	49	200–298 bp
TAX31	33	207–271 bp
TAX36	59	110–300 bp
TAX60	32	100–164 bp
TAX86	52	152–382 bp

In Abb. 2 sieht man die Anzahl an privaten Allelen, also Allelen, die man nur in einer Population finden kann. Slowakische Population Dolné Vestenice, ukrainische Population Krym-Czatyvdach und Population Olovo aus Bosnien haben den größten Anteil von privaten Allelen. Großen Anteil von privaten Allelen haben Populationen nur wenn Genfluss sehr niedrig ist. Und das war bei allen diesen Populationen bestätigt.

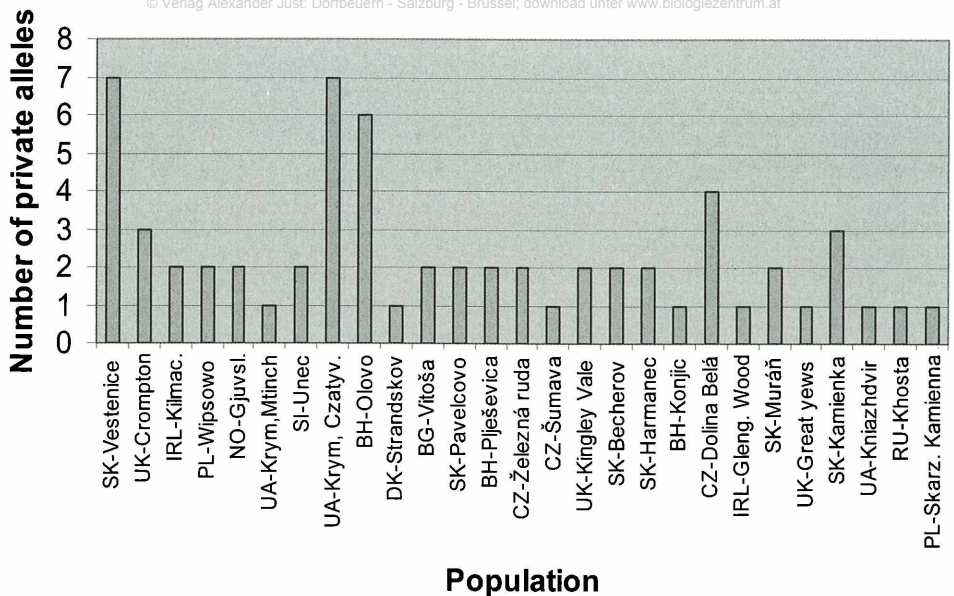


Abb. 2: Anzahl von privaten Allelen.

In Tab. 4 sind die Anzahl der analysierten Bäume insgesamt (N), die Anzahl der Allele insgesamt (A), die durchschnittliche Anzahl der Allele pro Genort A/L , die erwartete Heterozygotie H_e und die beobachtete Heterozygotie H_o über alle Genloci und Wright Fixation Index- F_{IS} aufgelistet.

Tab. 4: Ausmaß der genetischen Variation in analysierten Populationen

Population	N	A	A/L	H_o	H_e	F_{IS}
ALG-Tala Guilef	30	34	5,7	0,498	0,515	0,034
AT-Mond See	32	39	6,5	0,489	0,492	0,005
BG-Vitoša	29	35	5,8	0,606	0,639	0,052
BH-Konjic	24	41	6,8	0,442	0,731	0,395
BH-Olovo	24	50	8,3	0,527	0,741	0,289
BH-Plješevica	24	43	7,2	0,540	0,761	0,291
CZ-Dolina Belá	28	44	7,3	0,564	0,740	0,238
CZ-Moravský Kras	30	60	10	0,621	0,722	0,139
CZ-Šumava predhorie	36	48	8	0,514	0,670	0,234
CZ-Železná ruda	26	56	9,3	0,445	0,774	0,425
DE-Heiligenstadt	24	45	7,5	0,554	0,750	0,261
DE-Dissau, Thüringen	24	47	7,8	0,514	0,626	0,180
DK-Strandskov	30	22	3,7	0,533	0,562	0,051
GE-Nichbisi	30	38	6,3	0,648	0,658	0,015
IRL-Donegal	20	28	4,7	0,494	0,608	0,188
IRL-Glengarra Wood	20	32	5,3	0,483	0,677	0,287

IRL-Kilmacurragh	20	29	4,8	0,557	0,619	0,100
NO-Gjuvslandslia	24	39	6,5	0,507	0,584	0,132
PL-Skarzynsko kamiena	29	44	7,3	0,648	0,716	0,095
PL-Wipsowo	38	35	5,8	0,424	0,559	0,242
RU-Khosta	29	55	9,2	0,560	0,663	0,155
RO-Tudora	15	25	4,2	0,563	0,594	0,052
SI-Unec	21	38	6,3	0,585	0,725	0,193
SK-Becherovská tisina	15	31	5,2	0,432	0,638	0,323
SK-Dolné Vestenice	37	69	11,5	0,413	0,790	0,477
SK-Harmanecká tisina	32	52	8,7	0,348	0,723	0,519
SK-Kamienka	30	36	6	0,410	0,554	0,260
SK-Kňazová	18	57	9,5	0,506	0,803	0,370
SK-Lučivná	32	62	10,3	0,499	0,749	0,334
SK-Muráň	19	33	5,5	0,344	0,734	0,531
SK-Pavelcovo	26	60	10	0,404	0,813	0,503
SK-Plavno	31	43	7,2	0,441	0,607	0,273
UA-Kniazhdivir	30	46	7,7	0,490	0,690	0,290
UA-Czantydach, Krym	29	53	8,8	0,379	0,763	0,503
UA-Mtinch, Krym	33	29	4,8	0,436	0,552	0,210
UA-Ugolka	9	22	3,7	0,500	0,588	0,150
UK-Buster Hill	30	49	8,2	0,492	0,774	0,364
UK-Crompton	30	48	8	0,467	0,735	0,365
UK-Great yews	39	39	6,5	0,340	0,620	0,452
UK-Kingley Vale	40	38	6,3	0,432	0,562	0,231
UK-Little yews	33	36	6	0,384	0,534	0,281
Taxus brevifolia	16	20	3,3	0,309	0,167	-0,850
Taxus cuspidata	12	6	1	0,394	0,088	-3,477

Es wurden 41 *Taxus baccata*-Populationen und eine von *Taxus cuspidata* und eine von *Taxus brevifolia* analysiert. Slowakische Populationen Dolné Vestenice, Lučivná, Pavelcovo und tschechische Population Moravský kras besitzen die höchste genetische Vielfalt gemessen an der Anzahl der unterschiedlichen Allele über alle beobachtete Genorte hinweg. Es sind Populationen mit großer Individuenanzahl. Die Population Strandskov (Dänemark) trotz vieler analysierter Individuen und die ukrainische Population Ugolka (wenig analysierte Individuen) haben wenig Allele pro Genort. Den höchsten Wert von H_o zeigen die Populationen Nichbisi (Georgia) und polnische Skarzynsko kamiena. Den niedrigsten Wert von H_o hat die Population „Great yews“ aus England. Der höchste Wert von H_e besitzt die slowakische Population Pavelcovo und den niedrigsten Wert von H_e hat die österreichische Population Mond See. Durchschnittlich über alle Genloci sind die Werte der beobachteten Heterozygotie niedriger als die Werte der erwarteten Heterozygotie in allen untersuchten Populationen von *Taxus baccata*. Durchschnittliche Werte von Wright's Fixation Index sind positiv, was bedeutet, dass die Mehrheit von Genorten nicht im Har-

dy-Weinberg-Gleichgewicht sind. Das weist auf ein Heterozygotendefizit hin. Die Gründe für diesen Zustand können verschiedene sein z.B. Verwandtenpaarung als Ergebnis niedriger Populationsgrösse und/oder fragmentierte Distribution oder Präsenz von Null-Allelen.

In Tab. 5 sieht man den Vergleich der genetischen Variabilität zwischen verschiedenen Taxusarten. Die Analysen zeigen, dass die gemeine Eibe eine genetisch sehr variable Art ist. Die grau hinterlegten Arten wurden mit Isoenzymen analysiert.

Tab. 5: Charakteristika der genetischen Variation in einigen Koniferarten

Species	N	A/L	Ho	He
<i>T.baccata</i> this study	9-40	3,7-11,5	0,340-0,648	0,492-0,813
<i>T.baccata</i> (LEWANDOWSKI <i>et al.</i> 1995)	-	-	0,073-0,780	0,070-0,626
<i>T.baccata</i> (PAUL & TRÖBER 2006)	38-103	2,4-2,6	0,198-0,398	0,213-0,393
<i>T.baccata</i> (CAO <i>et al.</i> 2003)	9-58	2,2-3	0,185-0,464	0,197-0,414
<i>T.baccata</i> (DUBREUIL <i>et al.</i> 2008)	10-26	-	0,264-0,495	0,533-0,929
<i>T.cuspidata</i> this study	12	1	0,394	0,088
<i>T.cuspidata</i> (LEE <i>et al.</i> 2000)	19-36	1,6-2,1	0,137-0,226	0,132-0,201
<i>T.cuspidata</i> (KWON & KIM 2002)	21-36	6-10	-	0,298-0,327
<i>T.wallichiana</i> (GAO <i>et al.</i> 2007)	3-33	-	-	0-0,770
<i>T.canadensis</i> (SENNEVILLE <i>et al.</i> 2000)	25-35	1,27-1,36	0,071-0,132	0,064-0,122
<i>T.brevifolia</i> this study	16	3,3	0,309	0,167
<i>T.brevifolia</i> (El-Kassaby & Yanchuk 1994)	10-42	1,5-1,9	0,067-0,119	0,131-0,186
<i>T.brevifolia</i> (WHEELER <i>et al.</i> 1995)	20-54	1,35-1,59	0,091-0,157	0,092-0,159

Für die Auswertung der genetischen Differenzierung wurde der F_{ST} -Wert (nach WEIR & COCKERHAM 1984) benutzt. Durch die F_{ST} -Wert (Tab. 6) wird deutlich, dass das gesamte Untersuchungsmaterial untergliedert ist und die Populationen stark differenziert sind. Durchschnittliche Wert von F_{ST} zeigt, dass ca 19% der gesamten Variation mit den Unterschieden zwischen Populationen verursacht ist und der größte Anteil (ca 91%) der genetischen Variabilität wurde innerhalb von Populationen gefunden.

Tab. 6: Single- und Multilocus F_{ST} -Werte. © V. M. ... - Brüssel; download unter www.biologiezentrum.at

Locus name	F_{ST}
Tax23	0,163
Tax26	0,185
Tax31	0,204
Tax36	0,194
Tax60	0,177
Tax86	0,205
Total	0,188
St.Dev.	$\pm 0,016$

Dann waren noch paarweise genetische Differenzierung (paarweise F_{ST} -Werte) und Genfluss (Nm-Werte) berechnet. Fast alle F_{ST} -Werte (808 der insgesamt 820 paarweisen genetischen Distanzen) waren statistisch signifikant und die F_{ST} -Werte lagen im Bereich von 0,06 bis 0,45. Die meisten F_{ST} -Werte sind einander ähnlich und auch ähnlich zu gesamten F_{ST} -Werten. Am meisten unterschiedlich ist die Population aus Algerien mit einem durchschnittlichen F_{ST} Wert von 0,31. Auf Basis der paarweisen F_{ST} -Werte wurde der Genfluss Nm als die Anzahl der Migranten zwischen Populationen pro Generation berechnet. Die Nm-Werte waren unterschiedlich zwischen Paaren von Populationen und im Bereich von 0,37 bis 22,6. Der höchste Nm-Wert wurde mit 22,60 zwischen den slowakischen Populationen Lúčivná und Harmanecká tisina ermittelt.

Der niedrigste Wert betrug 0,37 zwischen der österreichischer Population Mond See und der algerischen Population - Tala Guilef. Intensiver Genfluss war zwischen benachbarten Populationen z.B. die slowakischen Populationen haben hohe Werte von Nm. Im Gegenteil niedrige Werte von Genfluss haben z.B. die Populationen mit hohem Anteil von privaten Allelen.

Für die Auswertung der Ergebnisse wurden noch das Programm STRUCTURE 2.2 benutzt. STRUCTURE identifiziert 17 Cluster (Abb. 3). Große Nummer von Clustern bestätigt die relativ grossen genetischen Unterschiede in den gesamten Daten. Bulgarische Population Vitoša hat den Hauptbestandteil im ersten Cluster ähnlich wie *Taxus cuspidata*. Ukrainische Population Mtinch hat den Hauptkomponent im privaten Cluster, welches nur wenig mit anderen Populationen vertreten ist. Ähnlich ist das mit der österreichischer Population - Mond See und mit der Population Kingley Vale aus England. Tschechische und deutsche Populationen teilen den gleichen Cluster. Ukrainische Populationen Ugolka und Kniazhdvir und *Taxus brevifolia* haben den Hauptbestandteil in gleichem Cluster. Englische Populationen teilen den gleichen Cluster. Die Populationen Nijbisi aus Georgien und rumänische Tudora und Population Khosta aus Russland haben den Hauptbestandteil in gleichem Cluster. Ebenso ist das mit den Populationen aus Bosnien zusammen mit tschechischer Population Dolina Belá. Slowakische Populationen Pavelcovo und Dolné Vestenice zusammen mit slowenischer Population Unec haben den Hauptbestandteil in gleichem Cluster.

© Verlag Alexander J. J. Dörflinger - Salzburg
 Polnische Populationen teilen den gleichen Cluster mit englischer Population „Great yews“ Dänische Population – Monkebjerck und algerische Tala Guilef haben den Hauptbestandteil in gleichem Cluster.

Abb. 3: „Clustering“ von Populationen - STRUCTURE 2.2
 (1 000 000 iterations of data collection after a burn-in of 10 000 iterations)

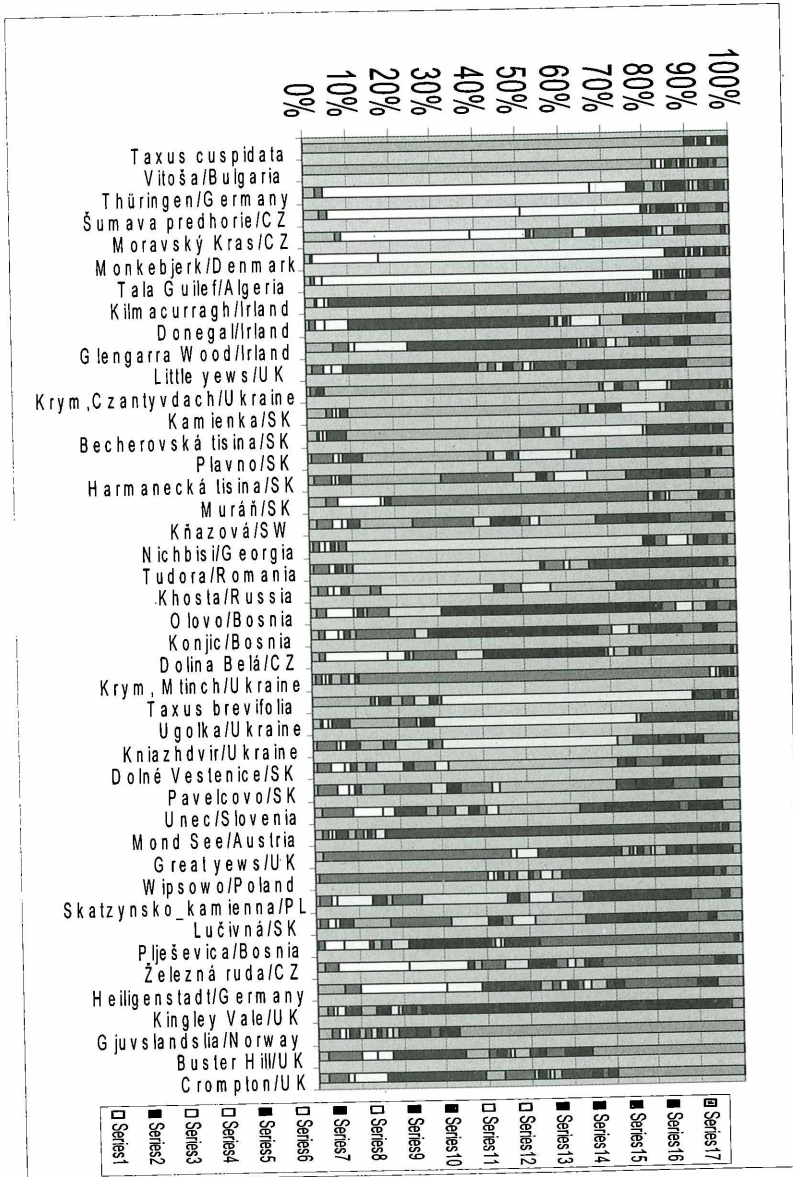
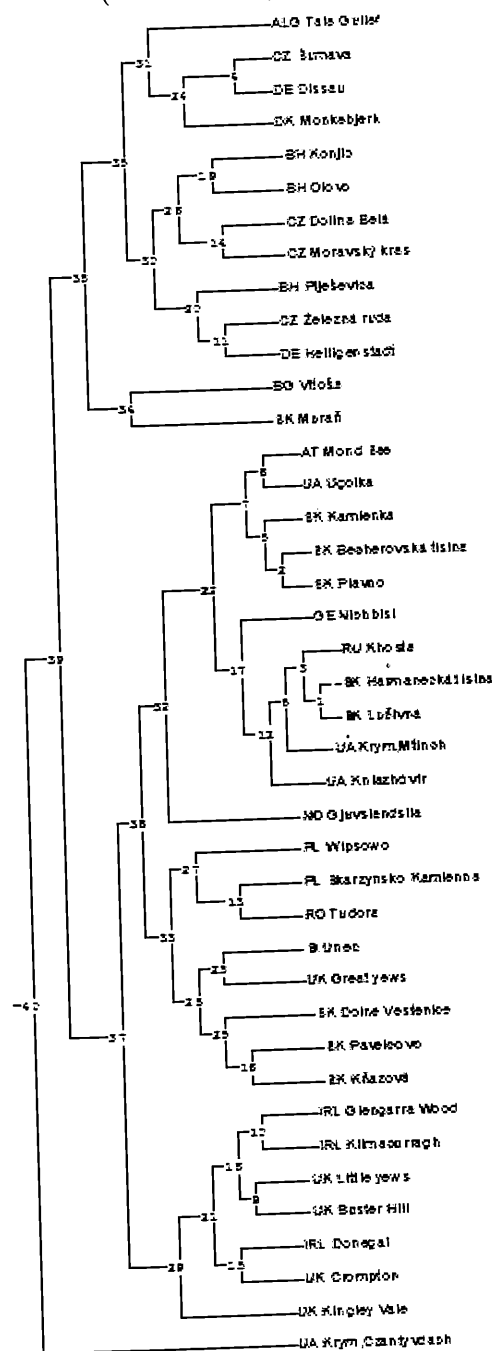


Abb. 4: UPGMA Stammbaum gegründet auf Nei's genetischen Distanzen (PHYLIP 3.61).



In Abb. 4 sieht man die visuelle Darstellung von Distanzrelationen zwischen Populationen. Die Differenzierung von Populationen schaut ähnlich wie vorherige Abbildung. Die Population Czantyvdoch ist ganz unterschiedlich von anderen Populationen; wir vermuten, weil es eine sehr alte Population ist.

5. Schlussfolgerung

Mit diesem Beitrag wollten wir Ihnen ein kurzer Überblick über unsere Forschung bieten. Alle angegebenen Ergebnisse sind nur vorläufig, weil noch nicht alle Populationen und Locus ausgewertet sind. Es sollen noch Populationen aus anderen Ländern (Iran, Belgien, Albanien, Schweiz, Spanien, Estland, Frankreich, Kroatien, Ungarn, Lettland, Holland, Schweden, Türkei) ausgewertet werden und danach werden die Ergebnisse nochmal berechnet als ein Datenset.

6. Danksagung

Die vorliegende Untersuchung wurde durch finanzielle Unterstützung der VEGA (Slowakische Grant Agentur für Wissenschaft) Nu.1/3262/06.ermöglicht. Alle Analysen wurden in der Kooperation mit Giovanni G. Vendramin und in den Laboratorien von Genexpress in Florenz durchgeführt.

7. Literatur:

- BELKHIR, K., BORSA, P., CHICHI, L., RAUFASTE, N., BONHOMME, F., 1996: GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, DNSR UMR 5171, Université de Montpellier II, Montpellier France.
Available: <http://www.univ-montp2.fr/~genetix/genetix/gentix.htm>
- CAO, C. P., LEINEMANN, L., ZIEHE, M. & FINKELDEY, R., 2004: Untersuchungen zur genetischen Variation und Differenzierung von Eibenbeständen mit Hilfe von Isoenzym- und DNS-Markern. Allg. Forst- u. J.-Ztg., 175. (1–2).
- COLLINS, D., MILL, R. R., MÖLLER, M., 2003: Species separation of *Taxus baccata*, *T. canadensis*, and *T. cuspidata* (Taxaceae) and origins of their reputed hybrids inferred from RAPD and cpDNA data. American Journal of Botany, 90(2): 175–182.
- DOYLE, J.J. & DOYLE, J.L., 1987: A rapid DNA isolation procedure from small quantities of fresh leaf tissues. Phytochemical Bulletin, 19: 11–15.
- DUBREUIL, M., SEBASTIANI, F., MAYOL, M., GONZÁLEZ-MARTÍNEZ, S.G., RIBA, M., VENDRAMIN, G.G., 2008: Isolation and characterization of polymorphic nuclear microsatellite loci in *Taxus baccata* L. Conservation Genetics, 9(6): 1665–1668.

- EL-KASSABY, Y., & YANCHUK, A.D., 1994: Genetic diversity, differentiation and inbreeding in Pacific yew from British Columbia. *Journal of Heredity* **85**: 112–117.
- FELSENSTEIN, J., 2003: PHYLIP: Phylogeny Inference Package v.3.61. Department of Biology, University of Washington, <http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html>
- GAO, L.M., MÖLLER, M., ZHANG, X.-M., HOLLINGSWORTH, M.L., LIU, J., MILL, R.R., GIBBY, M., LI, D.-Z., 2007: High variation and strong phylogeographic pattern among cpDNA haplotypes in *Taxus wallichiana* (Taxaceae) in China and North Vietnam. *Molecular Ecology*, **16**(22): 4684–4698.
- GLAUBITZ, J.C., 2004: CONVERT: A user-friendly program to reformat diploid genotypic data for commonly used population genetic software packages. *Molecular Ecology Notes*, **4**: 309–310.
Available: <http://www.agriculture.purdue.edu/fnr/html/faculty/Rhodes/Students%20and%20Staff/glaubitz/software.htm>
- HERTEL, H., 1996: Vererbung von Isoenzymmarkern bei Eibe (*Taxus baccata* L.). *Silvae Genetica*, **45**: 284–290.
- HERTEL, H., & KOHLSTOCK, N., 1996: Genetische Variation und geographische Struktur von Eibenvorkommen (*Taxus baccata* L.) in Mecklenburg-Vorpommern. *Silvae Genetica*, **45**: 290–294.
- HILFIKER, K., 2002: Untersuchungen zur genetischen Struktur der Eibe in der Schweiz. Diplomarbeit, Eidgenössische Forschungsanstalt WSL, Birmensdorf, 30pp.
- HILFIKER, K., HOLDEREGGER, R., ROTACH, P., & GUGERLI, F., 2004: Dynamics of genetic variation in *Taxus baccata*: local versus regional perspectives. *Can. J. Bot.*, **82**: 219–227.
- 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. *Conservation Genetics*, **5**: 1–9.
- KWON, H.Y. & KIM, Z.-S., 2002: I-SSR Variation Within and Among Korean Populations in *Taxus cuspidata*. *Jour. Korean For. Soc.*, **91**(5): 654–660.
- LEE, S.W., CHOI, W.Y., KIM, W.W., AND KIM, Z.S., 2000: Genetic Variation of *Taxus cuspidata* Sieb. Et Zucc. in Korea. *Silvae Genetica*, **49** (3): 124–130.
- LEINEMANN, L., HATTEMER, H.H., 2006: Genetic variation and mating pattern in a stand of yew (*Taxus baccata* L.). *Allgemeine Forst- und Jagdzeitung*, **177** (12): 217–224
- LEWANDOWSKI, A., BÜRCZYK, J. & MEJNARTOWICZ, L., 1992: Inheritance and Linkage of Some Allozymes in *Taxus baccata* L., *Silvae Genetica*, **41**: 342–347.

- LEWANDOWSKI, A., BURCZYK, J. & MEJNARTOWICZ, L., 1995: Genetic structure of English yew (*Taxus baccata* L.) in the Wierzchlas Reserve: implications for genetic conservation. *Forest Ecology and Management*, **73**: 221–227.
- PAFFETTI, D., LIPPI, F., GIANNINI, R., 1999: Indagini preliminari sulla variabilità genetica in *Taxus baccata* L. In: Sardegna. <http://biodiversita.ba.cnr.it/giannini.htm>
- PAUL M. & TRÖBER, U., 2006: Erhaltung und Charakterisierung genetischer Ressourcen der Eibe (*Taxus baccata* L.) in Sachsen als Teil eines Verbundprojektes. *Archiv f. Forstwesen u. Landsch. Ökol.*, **40** (2) 70–78.
- PRITCHARD, J.K., STEPHENS, M., DONNELLY, P., 2000: Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, **155**: 945–959. Available: <http://pritch.bsd.uchicago.edu/software.html>
- RAJEWSKI, M., LANGE, S. & HATTEMER, H.H., 2000: Reproduktion bei der Generhaltung seltener Baumarten – das Beispiel der Eibe (*Taxus baccata* L.). *For. Snow Landsc. Res.*, **75**: 251–266.
- ROUSSET, F., 2007: GENEPOP'007: a complete re-implementation of the GENEPOP software for Windows and Linux. *Mol Ecol Notes*. Doi: 10.1111/j.1471-8286.2007.01931.x
- SENNEVILLE, S., BEAULIEU, J., DAOUST, G., DESLUARIERS, M., AND BOUSQUET, J., 2001: Evidence for low genetic diversity and metapopulation structure in Canada yew (*Taxus canadensis*): considerations for conservation. *Can. J. For. Res.*, **31**: 110–116.
- THOMA, S., 1992: Genetische Variation an Enzymgenloci in Reliktbeständen der Eibe (*Taxus baccata* L.) Forstwiss. Diplomarbeit Universität Göttingen.
- THOMA, S., 1995: Genetische Unterschiede zwischen vier Reliktbeständen der Eibe (*Taxus baccata* L.). *Forst und Holz*, **50**: 19–24.
- WEIR, B.S. & COCKERHAM, C.C., 1984: Estimating F-statistics for statistic for the analysis of population structure. *Evolution*, **38**: 1358–1370.
- WHEELER, N.C., JECH, K.S., MASRES, S.A., O'BRIEN, C.J., TIMMONS, D.W., STONECYPHER, R.W., AND LUPKES, A., 1995: Genetic variation and parameter estimates in *Taxus brevifolia* (Pacific yew). *Can. J. For. Res.*, **25**: 1913–1927.
- ZATLOUKAL, V., KADERA, J., MÁNEK, J. & ČURN, V., 2001: Inventarizace a genetická diverzita tisů červeného ve ZCHÚ ČR jako podklad pro záchranná opatření a pro jeho reintrodukcii.
URL: <http://www.npsumava.cz/storage/tis/text.html>

eingereicht: 4/2009

angenommen: 7/2009

Adressen:

Ivana ROMŠÁKOVÁ
Lehrstuhl für Phytologie
T.G. Masaryka 24
SK-960 53 Zvolen

E-Mail: romsak@vsld.tuzvo.sk

Ladislav PAULE
Technische Universität in Zvolen
T.G.Masaryka 24
SK-96053 Zvolen

E-Mail: paule@vsld.tuzvo.sk

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Sauteria-Schriftenreihe f. systematische Botanik, Floristik u. Geobotanik](#)

Jahr/Year: 2009

Band/Volume: [18](#)

Autor(en)/Author(s): Romsáková Ivana, Paule Ladislav

Artikel/Article: [Genetische Variabilität von Populationen von Taxus baccata L. 261-276](#)