

MONIKA LITKOWIEC, BEATA P. PLITTA, ANDRZEJ LEWANDOWSKI

Znaczenie zmienności genetycznej dla ochrony zasobów genowych cisa pospolitego w Europie

Importance of genetic variation for conservation of English yew genetic resources in Europe

ABSTRACT

Litkowiec M., Plitta B. P., Lewandowski A. 2013. Znaczenie zmienności genetycznej dla ochrony zasobów genowych cisa pospolitego w Europie. Sylwan 157 (10): 754-760.

The genetic variation is considered to be a key factor for long-term survival of the species. The recognition of the existing genetic diversity is the preliminary phase in development of an effective strategy for conservation of forest tree species gene pools. *Taxus baccata* L. with a wide but scattered distribution in Europe is an example of rare and endangered species that needs both *ex situ* and *in situ* protection. The increase in fragmentation and isolation of populations and reduction in effective population size can cause erosion of the gene pool through increased genetic drift, increased inbreeding, reduced gene flow and decreased migration rate. As a result, local populations may be responsible for the loss of genetic variation, hence a decrease in their viability and adaptability. A few genetic analyses based on isozymes and DNA markers indicate that the yew, both in Poland and in other regions of Europe, is characterized by high levels of genetic variation within populations and moderate genetic differentiation between populations.

KEY WORDS

genetic variation, genetic conservation, *ex situ*, *in situ*, English yew

ADDRESSES

Monika Litkowiec – e-mail: monika_litkowiec82@wp.pl

Beata P. Plitta – e-mail: beata-plitta@wp.pl

Andrzej Lewandowski – e-mail: alew@man.poznan.pl

Instytut Dendrologii; ul. Parkowa 5; 62-035 Kórnik

Wstęp

Ważnym źródłem zasobów genowych dla obecnych i przyszłych pokoleń są europejskie lasy. Cechują się one dużą różnorodnością gatunkową, a gatunki w nich występujące posiadają wysoki poziom zmienności genetycznej. W przeszłości większość obszarów leśnych została zmieniona bezpośrednio lub pośrednio przez działalność człowieka. Obecnie tylko 4% europejskich lasów uważanych jest za naturalne. Główne czynniki wpływające na strukturę genetyczną populacji, w tym gatunków drzew leśnych, to wzmożona działalność człowieka [Luoto i in. 2003] i zachodzące globalnie zmiany środowiska dotyczące przede wszystkim klimatu. Wraz z uprzemysłowieniem rolnictwa w drugiej połowie XX wieku doszło do istotnych przeobrażeń w europejskich ekosystemach leśnych. Silna antropopresja spowodowała fragmentację krajobrazu, a w skrajnych przypadkach doprowadziła do utraty siedlisk [Fenberg, Roy 2008] lub rozdzielenia ciągłości zasięgów drzew [Bradshaw 2004; Lefèvre 2004]. Zachowanie trwałej równowagi europejskich lasów, a tym samym przeciwdziałanie utracie różnorodności biologicznej, wymaga zrównoważonego wykorzystywania zasobów genowych. Ochrona różnorodności biologicznej stała się więc nie tylko

zagadnieniem naukowym, ale także ważnym problemem globalnym i kwestią polityczną. Często jednak cele ekonomiczne i społeczne oraz lokalne interesy odgrywają znacznie istotniejszą rolę niż naukowo zdefiniowane kryteria i plany zarządzania gatunkami zagrożonymi, w tym gatunkami drzew leśnych [Margules, Pressey 2000; Bucharová i in. 2012]. Najnowsze badania wskazują, że około 10% ze znanych na świecie 100 000 gatunków drzew zagrożonych jest wyginięciem, a około 1000 to gatunki krytycznie zagrożone [Oldfield i in. 1998].

Ochrona zasobów genowych drzew leśnych

W Polsce i Europie prowadzone są międzynarodowe programy badawcze, takie jak EUFOR-GEN (ang. European Forest Genetic Resources Programme – Europejski program ochrony leśnych zasobów genowych), mające na celu zapewnienie skutecznej ochrony oraz zrównoważonego wykorzystania zasobów genowych ekosystemów leśnych.

Działania na rzecz ochrony i restytucji gatunków zwierząt lub roślin określa się mianem genetyki ochronnej (ang. conservation genetics). Jest to połączenie elementów ekologii, genetyki populacyjnej, modelowania matematycznego oraz taksonomii [Ledig 1988, 1992]. Istnieją dwie formy ochrony zagrożonych gatunków. Ochrona *in situ* (łac. – na miejscu) jest realizowana w naturalnym środowisku występowania gatunku chronionego. Służą jej przede wszystkim rezerwaty i parki narodowe. Banki genów, plantacje oraz próby reintrodukcji gatunku to formy ochrony *ex situ* (łac. – poza miejscem) [Ledig 1988; Pierson i in. 2007]. Wspólną cechą obu metod jest dążenie do zabezpieczenia jak najszerszej puli genowej.

Poziom zmienności i zróżnicowania genetycznego mają istotne znaczenie dla zdolności adaptacyjnych populacji i gatunków, ponieważ populacje charakteryzujące się wysoką zmiennością genetyczną mają teoretycznie większe szanse na przetrwanie dzięki możliwości przekazywania kolejnym pokoleniom korzystnej kombinacji genów. W przypadku drzew leśnych wiedza na temat zróżnicowania genetycznego jest istotna dla skutecznego wdrożenia programów ochrony oraz zrównoważonej gospodarki leśnej. Każde działanie podjęte w celu ochrony puli genowych zagrożonych gatunków powinna poprzedzać dokładna analiza genetyczna, której wyniki pozwolą ocenić poziom i rozkład zmienności genetycznej oraz stwierdzić, czy jest to wystarczające dla powodzenia planowanych projektów ochronnych. Kompleksowa wiedza z zakresu ekologii i genetyki populacyjnej stwarza ogromne możliwości dla prawidłowej odbudowy populacji gatunków zagrożonych [Geburek, Turok 2005].

Cis pospolity jako gatunek zagrożony

W wielu krajach Europy, w tym w Polsce, cis pospolity jest gatunkiem zagrożonym, wymagającym zarówno ochrony *ex situ*, jak i *in situ*. Zjawisko zamierania cisa pospolitego było i jest szeroko dyskutowane w literaturze. Pomimo dużej tolerancji na warunki siedliskowe, jego liczebność na całym obszarze zasięgu drastycznie się zmniejsza [Hulme 1996]. W przeszłości główną tego przyczyną była nadmierna eksploatacja przez człowieka, związana z cennym drewnem wykorzystywanym w gospodarstwie domowym i zdobnictwie, jak i zwyczajami oraz przesądami. Ograniczenia w rozmnażaniu, związane z dwupiennością i niedorozwojem zarodków w dojrzałych nasionach oraz mała konkurencyjność spowodowały, że cis pospolity nigdy nie tworzył zwartych i czystych drzewostanów. Ze względu na jego powolny wzrost i problemy z odnowieniem już w średniowieczu był w wielu miejscach Europy gatunkiem rzadkim. Dzisiaj w wielu krajach Europy cis pospolity został objęty programami ochrony i restytucji, natomiast w Polsce jego ochrona sięga XV wieku. Już w 1423 roku król Władysław Jagiełło wprowadził ochronę tego gatunku, pisząc w statucie wareckim: „Jeśli by kto wszedłszy w las, drzewa, które znajdują się być

wielkiej ceny, jako cis albo im podobne, podrąbał, tedy może być przez pana albo dziedzica pojman, a na rękojemstwo tym, którzy óń prosić będą, ma być dan” . Obecnie wszystkie naturalne stanowiska cisa podlegają ścisłej ochronie gatunkowej na mocy rozporządzenia Ministra Ochrony Środowiska, Zasobów Naturalnych i Leśnictwa z 2001 roku. Jako gatunek zagrożony wyginięciem cis został również wpisany do Polskiej Czerwonej Księgi Roślin [Kruszelnicki 2001]. W celu ochrony naturalnych stanowisk cisa pospolitego zostało utworzonych 29 rezerwatów. Mimo ścisłej ochrony w większości rezerwatów drzewo to nie odnawia się naturalnie. Główną przyczyną tego zjawiska oraz braku starszych siewek cisa, które mogłyby zastąpić starsze pokolenie w populacjach rodzimych, jest ich zgryzanie przez zwierzyńę, zmiany siedliska, w jakim naturalnie występują oraz przegrywanie konkurencji o światło z innymi gatunkami [Leuthold 1980]. Prowadzi to do starzenia się populacji, obniżenia ich kondycji zdrowotnej, a co za tym idzie stopniowego zamierania gatunku. Wydaje się, że obecnie w Polsce niemożliwe jest zachowanie zasobów genowych cisa przy zdaniu się wyłącznie na naturalne procesy. Konieczne jest zastosowanie ochrony czynnej przez poprawę warunków bytowania naturalnych populacji oraz odtworzenie jego zasobów w ekosystemach leśnych, w granicach jego naturalnego zasięgu. Naprzeciw tym potrzebom wychodzi opracowany w roku 2006 w Lasach Państwowych „Program ochrony i restytucji cisa pospolitego w Polsce”. Ponieważ cis pospolity jest jednym z niewielu gatunków drzewiastych występujących w granicach Polski tworzących naturalne zespoły lub grupy roślin, przywrócenie tego gatunku przyczyni się niewątpliwie do zwiększenia różnorodności biologicznej ekosystemów leśnych. W przyszłości możliwe jest też wykorzystanie gospodarcze drewna cisa, ze względu na jego wysokie wartości techniczne, piękny rysunek i zabarwienie.

Zmienność genetyczna cisa pospolitego

Jednym z podstawowych problemów restytucji cisa jest wybór odpowiednich populacji do ochrony zmienności genetycznej. Ma to na celu wyeliminowanie z bazy nasiennej populacji o małej zmienności genetycznej, a więc tych, które mogły powstać z niewielkiej liczby osobników matecznych. Natomiast zbadanie poziomu zróżnicowania genetycznego pomiędzy wybranymi populacjami pozwoli określić zakres przenoszenia materiału rozmnożeniowego.

Szerokie zastosowanie różnego rodzaju markerów molekularnych przyczyniło się do znaczącego wzrostu wiedzy na temat zmienności genetycznej drzew [Hamrick, Godt 1996; González-Martínez i in. 2006]. Ma to istotne znaczenie dla prawidłowego prowadzenia gospodarki leśnej [Lexter i in. 2007] oraz ochrony różnorodności biologicznej w obliczu globalnych zmian klimatu [Pertoldi i in. 2007].

Obecnie gromadzona jest wiedza na temat zmienności i zróżnicowania genetycznego pomiędzy populacjami cisa pospolitego, ponieważ w przeciwieństwie do innych gatunków drzew leśnych rzadko był on obiektem badań z zakresu genetyki populacyjnej. Nieliczne analizy w oparciu o markery izoenzymowe oraz markery DNA wskazują, że cis pospolity, zarówno w Polsce, jak i innych regionach Europy, charakteryzuje się wysokim poziomem zmienności genetycznej wewnątrz populacji i znaczącym zróżnicowaniem genetycznym pomiędzy populacjami [Lewandowski i in. 1995; Hertel, Kohlstock 1996; Hilfiker i in. 2004a, b; Myking i in. 2009; Zarek 2009; González-Martínez i in. 2010; Dubreuil i in. 2010; Chybicki i in. 2011, 2012]. Jego zmienność jest podobna do tej, jaką posiadają inne drzewa iglaste, charakteryzujące się najwyższym jej poziomem spośród badanych gatunków roślin, jak np. sosna zwyczajna. Natomiast pozostałe gatunki z rodzaju *Taxus*, np. *T. brevifolia* [El-Kassaby, Yanchuk 1994], *T. canadensis* [Senneville i in. 2001] czy wschodnioazjatycki *T. cuspidata* [Chung i in. 1999], cechują się niższą wartością zmienności genetycznej. Warto podkreślić, że populacje cisa położone w cen-

trum zasięgu charakteryzują się wyższym poziomem zmienności genetycznej w porównaniu z populacjami rosnącymi na granicach zasięgu [Myking i in. 2009; González-Martínez i in. 2010].

Analizy przeprowadzone z zastosowaniem markerów RAPD w czterech południowych populacjach cisu pospolitego w Polsce wykazały znaczne zróżnicowanie genetyczne między nimi (26%). Natomiast zróżnicowanie wewnątrz populacji szacowane jest na poziomie aż 74% [Zarek 2009].

Badania w oparciu o markery mikrosatelitarne przeprowadzone na sześciu populacjach cisu pospolitego (trzech z południa i trzech z północy Polski) pokazały, że ogólny poziom zmienności genetycznej cisu był wysoki, a zróżnicowanie genetyczne wyrażone parametrem θ wynosiło 11,9% [Chybicki i in. 2012]. Ze względu na małą liczbę przebadanych do tej pory populacji oraz duże zróżnicowanie stanowisk cisu pospolitego należy ostrożnie traktować obecną wiedzę na temat jego struktury genetycznej w Polsce w aspekcie ochrony zasobów genowych tego gatunku. Warto zwrócić uwagę na fakt, że populacje cisu pospolitego są w dużym stopniu narażone na działanie dryfu genetycznego, co wynika z niewielkich rozmiarów populacji i izolacji przestrzennej stanowisk [Zarek 2009; González-Martínez i in. 2010]. Może to przyczyniać się do wzrostu wsobności w populacjach. Kilka doniesień literaturowych faktycznie potwierdza istnienie kojarzenia krewniaczego w populacjach cisu [Lewandowski i in. 1995; Dubreuil i in. 2010; Chybicki i in. 2011], jednak średni poziom wsobności w populacjach polskich był niższy od stwierdzonego w populacjach hiszpańskich [Dubreuil i in. 2010]. Silną strukturę rodową oraz wysoki poziom wsobności spowodowany kojarzeniem krewniaczym stwierdzili Chybicki i in. [2011] w populacjach cisu z Wierchlasu i Czarnego.

Przepływ genów odgrywa szczególną rolę w populacjach charakteryzujących się pofragmentowanym i izolowanym występowaniem. Cis pospolity jest gatunkiem o dużym potencjale dyspersji pyłku. Mimo tego posiada on wysokie zróżnicowanie genetyczne, skorelowane pozytywnie z odległością geograficzną dzielącą populacje [Hilfiker i in. 2004a]. Dotyczy to również: *T. brevifolia*, *T. canadensis* oraz *T. cuspidata* [El-Kassaby, Yanchuk 1994; Chung i in. 1999; Senneville i in. 2001]. Fakt ten świadczy o tym, że u gatunków z rodzaju *Taxus* przepływ genów na duże odległości jest w znacznym stopniu ograniczony. Główną przyczyną małej intensywności przepływu genów jest niskie zagęszczenie pyłku cisu w atmosferze, co jest konsekwencją rozproszonego występowania. Izolacja przestrzenna stanowisk powoduje, że często populacje cisu dzieli znaczny dystans geograficzny, który stanowi barierę uniemożliwiającą wymianę puli genowych. Cis, w przeciwieństwie do innych gatunków drzew klimatu umiarkowanego, które charakteryzują się dużymi rozmiarami, należy do drzew niskich, rosnących w podszybie [Thomas, Polwart 2003]. W przypadku cisu również dyspersja nasion jest ograniczona, bowiem badania ekologiczne wykazały, że większość nasion opada blisko drzewa matecznego [García, Obeso 2003].

W chwili obecnej w Europie i w Polsce obserwuje się zainteresowanie cisem pospolitym w kontekście ochrony i zwiększenia bioróżnorodności w ekosystemach leśnych. W tym celu opracowano program ochrony i restytucji cisu w lasach państwowych – „Program ochrony i restytucji cisu pospolitego (*Taxus baccata* L.)”, ZG-710/Tb/1/2006. Program jednak jest niepełny, a powodem tego jest brak informacji na temat poziomu zmienności genetycznej i zróżnicowania genetycznego cisu pospolitego w naszym kraju. Prowadzone obecnie badania w ramach projektu „Wybór genotypów i populacji cisu pospolitego (*Taxus baccata* L.) do ochrony zmienności genetycznej” (Badania wspomagające program restytucji cisu pospolitego w Polsce) pozwolą w niedalekiej przyszłości na obszerne scharakteryzowanie rozkładu zmienności genetycznej tego gatunku w Polsce i stanowić będą uzupełnienie tego programu.

Czynna ochrona cisa pospolitego wymaga między innymi odpowiedzi na pytanie, z jakiego źródła pozyskiwać materiał rozmnożeniowy, aby nie spowodować erozji puli genowej gatunku. Generalnie uzyskane do tej pory wyniki sugerują, że wybór populacji do ochrony *ex situ* oparty wyłącznie na jej rzeczywistej wielkości jest często mylący. Stosunkowo duże populacje mają wysoki poziom wsobności i niski poziom zmienności genetycznej wewnątrz populacji. Z kolei populacje o zdecydowanie mniejszej liczebności mogą posiadać niski poziom wsobności, a wysoki poziom zmienności genetycznej. Wydawać by się mogło, że wyższe parametry zmienności genetycznej będą posiadały populacje składające się dużej liczby osobników, dlatego każde działanie podjęte w celu ochrony zasobów genowych powinna poprzedzać dokładna analiza poziomu i rozkładu zmienności genetycznej gatunku.

Podsumowanie

Monitorowanie poziomu zmienności genetycznej jest istotne zarówno w aspekcie ochrony zasobów genowych, jak i hodowli drzew gatunków lasotwórczych. Zachodzące globalnie zmiany klimatu oraz zwiększona antropopresja mają istotny wpływ na kształtowanie zmienności genetycznej populacji i gatunku. Procesy te mogą prowadzić do obniżenia poziomu zmienności genetycznej i wzrostu zróżnicowania pomiędzy populacjami poprzez ich fragmentację, redukcję liczebności, zwiększony dryf genetyczny oraz ograniczony przepływ genów między populacjami. Zachowanie wysokiego poziomu zmienności genetycznej jest ważne, gdyż decyduje on o zdolnościach adaptacyjnych populacji do zmian środowiska, a zatem jest istotny dla długoterminowej stabilności ekosystemów leśnych. Gatunki drzew leśnych są kluczowym składnikiem ekosystemów klimaksowych i niewłaściwe zarządzanie ich zasobami genowymi może mieć długofalowe, niekorzystne konsekwencje.

Literatura

- Bradshaw R. H. W. 2004. Past anthropogenic influence on European forests and some possible genetic consequences. *Forest Ecology and Management* 197: 203-212.
- Bucharová A., Brabec J., Münzbergová Z. 2012. Effect of land use and climate change on the future fate of populations of an endemic species in central Europe. *Biological Conservation* 145: 39-47.
- Chung M. G., Oh G. S., Chung J. M. 1999. Allozyme variation in Korean populations *Taxus cuspidata* (Taxaceae). *Scandinavian Journal of Forest Research* 14: 103-110.
- Chybicki I. J., Oleksa A., Burezyk J. 2011. Increased inbreeding and strong kinship structure in *Taxus baccata* estimated from both AFLP and SSR data. *Heredity* 107: 589-600.
- Chybicki I. J., Oleksa A., Kowalkowska K. 2012. Variable rates of random drift in protected populations of English yew: implications for gene pool conservation. *Conservation Genetics* 13: 899-911.
- Dubreuil M., Riba M., Gonzalez-Martinez S., Vendramin G. G., Sebastiani F., Mayol M. 2010. Genetic effects of chronic habitat fragmentation revisited: Strong genetic structure in temperate tree, *Taxus baccata* (Taxaceae), with great dispersal capability. *American Journal of Botany* 97: 303-310.
- El-Kassaby Y. A., Yanchuk A. D. 1994. Genetic diversity, differentiation, and inbreeding in Pacific yew from British Columbia. *Heredity* 85: 112-117.
- Fenberg P. B., Roy K., 2008. Ecological and evolutionary consequences of size-selective harvesting: how much do we know? *Molecular Ecology* 17: 209-220.
- García D., Obeso J. R. 2003. Facilitation by herbivore-mediated nurse plants in a threatened tree, *Taxus baccata*: local effects and landscape level consistency. *Ecography* 26: 739-750.
- Geburek T., Turok J. 2005. Conservation and sustainable management of forest genetic resources in Europe – an introduction. W: Geburek T., Turok J. [red.]. *Conservation and management of forest genetic resources in Europe*. Arpora Publishers, Zvolen and IPGRI, Rome. 3-10.
- González-Martínez S. C., Dubreuil M., Riba M., Vendramin G. G., Sebastiani F., Mayol M. 2010. Spatial genetic structure of *Taxus baccata* L. in the western Mediterranean Basin: Past and present limits to gene movement over a broad geographic scale. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 55: 805-815.
- González-Martínez S. C., Krutovsky K. V., Neale D. B. 2006. Forest-tree population genomics and adaptive evolution. *New Phytologists* 170: 227-238.

- Hamrick J. L., Godt M. J. W. 1996. Effects of life history traits on genetic diversity in plant species. *Biological Sciences* 351: 1291-1298.
- Hertel H., Kohlstock N. 1996. Genetic variation and geographic structure of English yew (*Taxus baccata* L.) in Mecklenburg-Vorpommern (Germany). *Silvae Genetica* 45: 290-294.
- Hilfiker K., Gugerli F., Schutz J. P., Rotach P., Holderegger R. 2004a. 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: 357-365.
- Hilfiker K., Holderegger R., Rotach P., Gugerli F. 2004b. Dynamics of genetic variation in *Taxus baccata*: local versus regional perspectives. *Canadian Journal Botany* 82: 219-227.
- Hulme P. E. 1996. Natural regeneration of yew (*Taxus baccata* L.): Microsite, seed or herbivore limitation? *Journal of Ecology* 84: 853-861.
- Kruszelnicki J. 2001. *Taxus baccata* L. Cis pospólity. W: Kaźmierczakowa R., Zarzycki K [red.]. *Polska Czerwona Księga Roślin*. Instytut Botaniki im. W. Szafera, Instytut Ochrony Przyrody, Kraków. 68-70.
- Ledig F. T. 1988. The Conservation of Diversity in Forest Trees. *Bioscience* 38: 471-479.
- Ledig F. T. 1992. Human impacts on genetic diversity in forest ecosystems. *Oikos* 63: 87-108.
- Lefèvre F. 2004. Human impacts on forest genetic resources in the temperate zone: an updated review. *Forest Ecology and Management* 197: 257-271.
- Leuthold C. 1980. Die ökologische und pflanzensoziologische Stellung der Eiber (*Taxus baccata*) in der Schweiz. *Veroffen. Geobotan. Inst. ETH, Stiftung-Rubel*. 67-217.
- 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.
- Lexer C., Van Loo M., Barbara T. 2007. Towards forest community and ecosystem genomics. *New Phytologists* 173: 673-676.
- Luoto M., Rekolainen S., Aakkula J., Pykälä J. 2003. Loss of plant species richness and habitat connectivity in grasslands associated with agricultural change in Finland. *A Journal of the Human Environment* 32: 447-452.
- Margules C. R., Pressey R. L. 2000. Systematic conservation planning. *Nature* 405: 243-253.
- Myking T., Vakkari P., Skroppa T. 2009. Genetic variation in northern marginal *Taxus baccata* L. populations. Implications for conservation. *Forestry* 82: 529-539.
- Oldfield S., Lusty C., MacKinnon A. 1998. *The World List of Threatened trees*. World Conservation Press, WCMC, Cambridge, UK.
- Pertoldi C., Bijlsma R., Loeschcke V. 2007. Conservation genetics in a globally changing environment: present problems, paradoxes and future challenges. *Biodiversity Conservation* 16: 4147-4163.
- Pierson S. A. M., Keiffer C. H., McCarthy B. C., Rogstad S. H. 2007. Limited reintroduction does not always lead to rapid loss of genetic diversity: an example from the American chestnut (*Castanea dentate*, *Fagaceae*). *Restoration Ecology* 15: 420-429.
- Senneville S., Beaulieu J., Daoust G., Deslauriers M., Bousquet J. 2001. Evidence for low genetic diversity and metapopulation structure in Canada yew (*Taxus canadensis*): considerations for conservation. *The Canadian Journal of Forest Research* 31: 110-116.
- Thomas P. A., Polwart A. 2003. *Taxus baccata* L. *Journal of Ecology* 91: 489-524.
- Zarek M. 2009. RAPD Analysis of genetic structure in four natural populations of *Taxus baccata* from southern Poland. *Acta Biologica Cracoviensia Series Botanica* 51: 67-75.

SUMMARY

Importance of genetic variation for conservation of English yew genetic resources in Europe

Forest trees play the key role in earth's ecosystems and they are the largest reservoir of biodiversity. The fact that the trees possess by far the greatest genetic diversity is not surprising, which is due to their longevity, efficient gene flow, mating system, as well as their post-glacial history. Genetic diversity is the foundation of biodiversity. Its level is important to the adaptability of the population and species, which has become essential in the face of global environmental change, including climate change. The knowledge of the mechanism shaping of genetic variation has various implications such as the creation of programs to protect endangered species, development of an optimal strategy of breeding species, allowing at the same time to protect and enrich the

gene pool variety. Thanks to it, economic profit may increase. Populations of species with high levels of genetic diversity are theoretically more likely to survive due to transmission of valuable combinations of genes to the next generations. All the steps taken to protect the gene pool of endangered species should be preceded by thorough genetic analysis. The results will indicate the level and distribution of genetic variation and determine whether it is sufficient for the success of conservation projects.

Taxus baccata L. is a slow-growing evergreen, long-lived, dioecious and wind-pollinated tree with great dispersal capability. Seeds are mainly dispersed by birds and small mammals. English yew is widely distributed in Europe, but the currently natural range of this species is discontinuous. Populations of yew, in most cases are small and scattered. *Taxus baccata* is considered as an endangered species and declining in major part of its distribution owing to excessive felling, climate change and lack of natural regeneration associated with browsing game. In many European countries *Taxus baccata* has been included on the Red List as Vulnerable. English yew is a good example of a species that needs both *ex situ* and *in situ* conservation.