

**Conservation of *Quercus robur* L. genetic resources in its south-eastern
refugium using SSR marker system – a case study from Vojvodina province,
Serbia**

**Erhaltung der genetischen Ressourcen von *Quercus robur* L. in ihrem
südöstlichen Refugium basierend auf SSR-Markern - eine Fallstudie aus
Provinz Vojvodina, Serbien**

B. Trudić^{1*}, E. Avramidou^{2*}, B. Fussi³, C. Neophytou⁴, S. Stojnić⁵, A. Pilipović⁵

Published in

Austrian Journal of Forest Science. 138 (2):117-140

¹ Corresponding author: Forest Resource Management Team, Forestry division, Food and Agriculture Organization of the United Nations, Viale delle Terme di Caracalla, 00153 Rome, Italy, branislav.trudic@fao.org

² Laboratory of Forest Genetics and Biotechnology, Institute of Mediterranean Forest Ecosystems, Athens, Hellenic Agricultural Organization-Demeter (ELGO-Demeter), Terma Alkmanos, Ilisia, 11528 Athens, Greece

³ Bavarian Office for Forest Genetics, Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf, Germany

⁴ Institut of Silviculture, Department of Forest and Soil Sciences, University of Natural Resources and Life Sciences (BOKU), Peter-Jordan-Str. 82, A-1190 Vienna, Austria

⁵ Institute of Lowland Forestry and Environment, University of Novi Sad, Antona Čehova 13d, 21000 Novi Sad, Serbia

*These authors contributed equally to this work and thus share the first authorship.

SUPPLEMENTARY MATERIAL

Anhang

Analysis for QRBMO population between early (QRBE) and late flushing individuals (QRBL)

Analyse der QRBMO-Population zwischen früh- (QRBE) und spätaustreibenden Individuumen (QRBL)

Table 1. Na (number of alleles), Ne (number of effective alleles), I (Shannon's information index), observed heterozygosity (Ho), expected heterozygosity (He) for QRBE and QRBL genotypes

Tabelle 1. Na (Anzahl der Allele), Ne (Anzahl der effektiven Allele), I (Shannon-Informationssindex), beobachtete Heterozygotie (Ho), erwartete Heterozygotie (He) für QRBE- und QRBL-Genotypen

Pop		Na	Ne	I	Ho	He
QRBE	Mean	11.154	6.490	1.873	0.806	0.739
	SE	1.552	1.097	0.214	0.061	0.062
QRBL	Mean	12.308	6.825	1.933	0.777	0.750
	SE	1.607	1.226	0.207	0.061	0.054

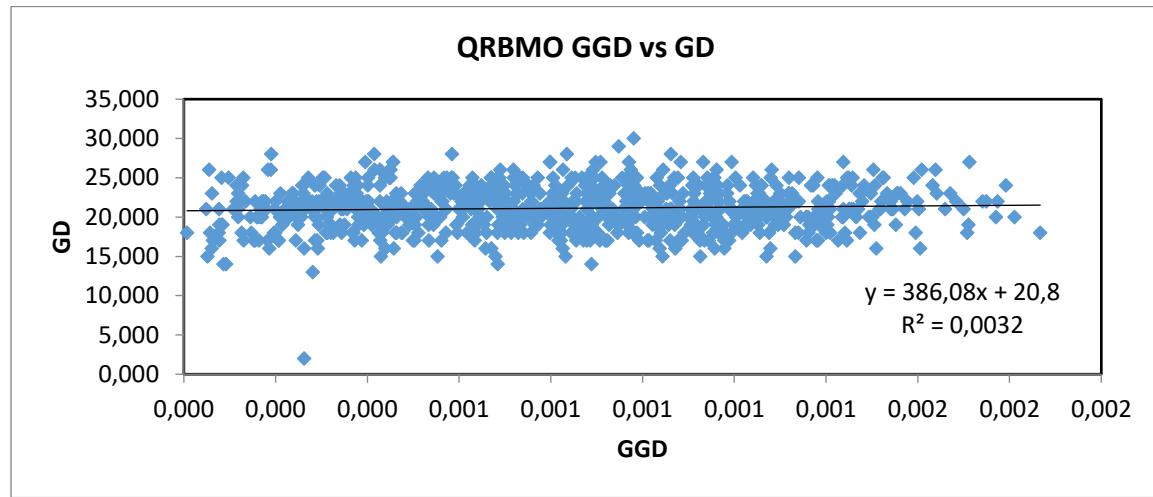


Figure 1. Mantel test for correlation between genetic and geographic distances in the QRBMO population ($p=0.15$).

Abbildung 1. Mantel-Test zur Korrelation zwischen genetischen und geografischen Entfernung in der QRBMO-Population ($p = 0.15$).

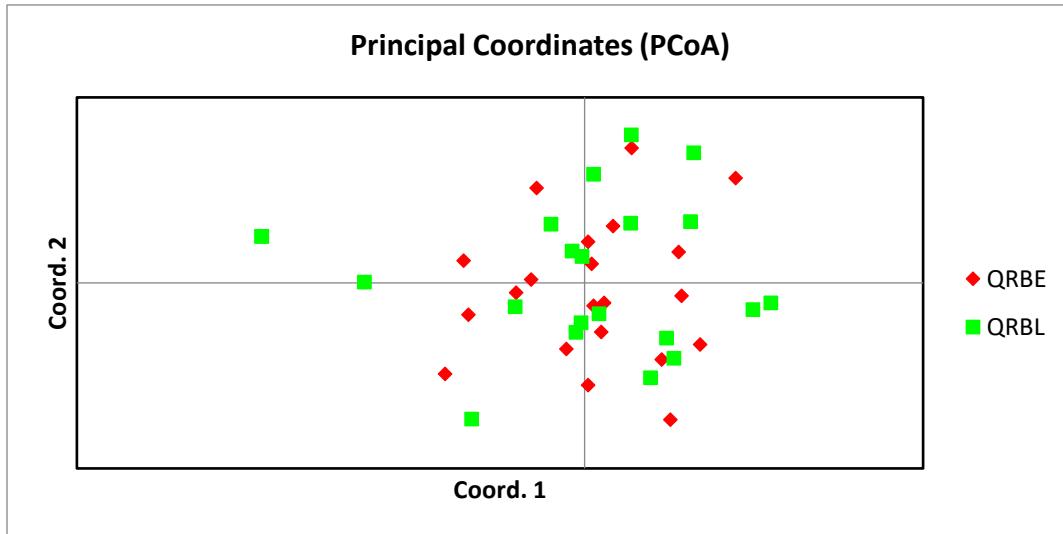


Figure 2. Principal coordinate analysis based on genetic distances from SSR allele markers explaining 17.71% of variation.

Abbildung 2. Hauptkoordinatenanalyse basierend auf genetischen Abständen von SSR-Markern, die 17.71% der Variation erklärt

Table 2. Parameter of genetic variation for the SSR locus QrZAG87. Na (number of alleles), Ne (number of effective alleles), I (Shannon's information index), observed heterozygosity (Ho), expected heterozygosity (He), and Number of Private alleles for QRBE and QRBL genotypes.

Tabelle 2. Genetische Variationsparameter für den SSR-Genort QrZAG87: Na (Anzahl der Allele), Ne (Anzahl der effektiven Allele), I (Shannon-Informationsindex) die beobachtete Heterozygotie (Ho), die erwartete Heterozygotie (He) und die Anzahl der privaten Allele für QRBE- und QRBL-Genotypen.

	QRBE	QRBL
Na	17	17
Ne	10.023	9.587
I	2.555	2.524
Ho	0.952	0.952
He	0.900	0.896
No. Private Alleles	4.000	4.000

Analysis for STEMO population between early (STEMOE) and late flushing individuals (STEMOL)

Analyse der STEMO-Population zwischen früh- (STEMOE) und spätaustreibenden Individuumen (STEMOL)

Table 3. Na (number of alleles), Ne (number of effective alleles), I (Shannon's information index), observed heterozygosity (Ho), expected heterozygosity (He) for STEMOE and STEMOL genotypes.

Tabelle 3. Na (Anzahl der Allele), Ne (Anzahl der effektiven Allele), I (Shannon-Informationsindex), beobachtete Heterozygotie (Ho), erwartete Heterozygotie (He) für STEMOE- und STEMOL-Genotypen

Pop		Na	Ne	I	Ho	He
STEMOE	Mean	13.333	7.511	2.082	0.808	0.790
	SE	1.725	1.361	0.191	0.056	0.048
STEMOL	Mean	13.000	7.715	2.060	0.760	0.782
	SE	1.651	1.389	0.205	0.061	0.051

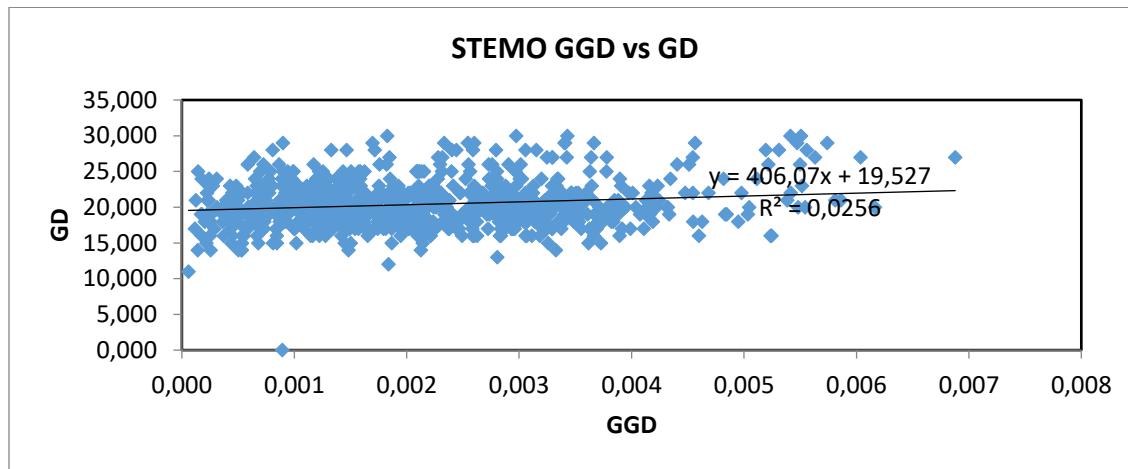


Figure 3. Mantel test for correlation between genetic and geographic distances in the STEMO population ($p=0.03$)

Abbildung 3. Mantel-Test zur Korrelation zwischen genetischen und geografischen Entfernung in der STEMO-Population ($p = 0,03$)

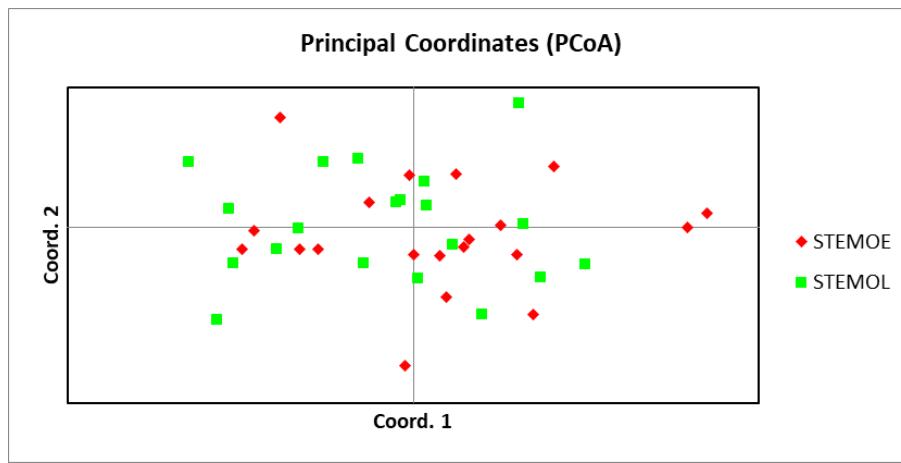


Figure 4. Principal coordinate analysis based on genetic distances from SSR allele markers explaining 20.23% of variation.

Abbildung 4. Hauptkoordinatenanalyse basierend auf genetischen Abständen von SSR-Markern, die 20,23% der Variation erklären.

Table 4. For QrZAG87, Na (number of alleles), Ne (number of effective alleles), I (Shannon's information index), observed heterozygosity (Ho), expected heterozygosity (He), and Number of Private alleles for STEMoe and STEMol genotypes.

Tabelle 4. Genetische Variationsparameter für den SSR-Genort QrZAG87: Na (Anzahl der Allele), Ne (Anzahl der effektiven Allele), I (Shannon-Informationsindex) die beobachtete Heterozygotie (Ho), die erwartete Heterozygotie (He) und die Anzahl der privaten Allele für STEMoe und STEMol -Genotypen.

QrZAG87	STEMOE	STEMOL
Na	16	18
Ne	7.407	9.000
I	2.352	2.507
Ho	0.950	0.810
He	0.865	0.889
No. Private Alleles	7.000	9.000

Table 5. Cavalli-Sforza and Edwards (1967) genetic distance for each pair of populations using INA correction described in Chapuis and Estoup (2007) (below diagonal) and pairwise Fst using ENA correction (above diagonal) among four *Quercus robur* populations in Serbia, calculated at twelve SSR loci. Statistically significant departures from zero at $\alpha=0.05$ are marked with an asterisk.

Tabelle 5. Der genetische Abstand nach Cavalli-Sforza und Edwards (1967) für jedes Populationspaar unter Verwendung der in Chapuis und Estoup (2007) beschriebenen INA-Korrektur (unter der Diagonale) und paarweise Fst unter Verwendung der ENA-Korrektur (über der Diagonale) zwischen vier *Quercus robur*-Populationen in Serbien, berechnet anhand von zwölf SSR-Genorten. Statistisch signifikante Abweichungen von Null bei $\alpha = 0.05$ sind mit einem Stern (*) markiert.

	QRBE	QRBL	STEMOE	STEMOL
QRBE	0	0.004692*	0.007504*	0.009891*
QRBL	0.349019*	0	0.001937*	0.00904*
STEMOE	0.374685*	0.370474*	0	0.009199*
STEMOL	0.396465*	0.405488*	0.408735*	0