

Systematisering af Rhododendronslægten - bl.a. med DNA- analyser.

Hans Eiberg, Universitetet i København.

(abstract til Nordisk rhododendron symposium, Bergen juni 2003)

Under de mange ekspeditioner i Asien fra 1900-1940 blev der indsamlet store plantematerialer. Dette blev overdraget til Edinburgh Botaniske Have til videre undersøgelse og karakterisering under ledelse af prof. Balfour. Udfra de kendetegn Rhododendronplanterne besad blev disse anbragt i 27 foreløbige grupper (Serier). Serier, fordi planterne var vanskelige at sætte i det gældende system på grund af manglende og få data mht. udbredelse og viden om hvilke træk der var væsentlige til dette brug. De træk, som blev anvendt var ustabile træk, som i mange tilfælde er fordelagtige for planten her og nu, for at denne kunne overleve i naturen. Det første system, der kun anvendte den vedtagne nomenklatur blev foreslået af Sleumer (1949). De kendetegn han anvendte til systematisering af slægten er de samme, som er anvendt af senere forskere, men med evt. en lidt anden vægtning. Et forsøg med andre markører (farvestofenzymmer) blev foreslået af Spätman, men hans system stred mod nomenklaturen, idet Serie betegnelsen også blev anvendt. Botanikernes fornemste resultat er foruden en beskrivelse af arterne også en udfærdigelse af en anvendelig nøgle til bestemmelse af de forskellige arter i slægten. Det er dog stadig gældende, at planter der findes i naturen ikke altid kan bestemmes efter disse udfærdigede nøgler, hvor de klassiske træk anvendes. I dag kan man bestemme rækkefølgen af baserne i DNA (sekventering) og dermed påvise miljøneutrale variationer til brug for systematisering af slægten. Denne metode kan på en gang påvise snesevis af væsentlige variationer. Dette skaber grundlag for at indordne planter/arter i et system der følger evolutionen. Metoden er ideel til at opbygge et sandt system, men upraktisk at anvende til plantebestemmelser i marken. Når flere DNA områder er undersøgt vil mængden af data kunne vise den bedste relation af slægtskabet til brug for en gruppering af planter i det gældende system: subgenus, sektion, subsektion og endvidere hvilke planter der er hybrider. En samlet DNA profil kan løse en del af problemerne med at definere arter der er tæt relaterede (alliancer). For at udføre alt dette arbejde må fejlkilder overvindes og så mange arter og DNA stykker undersøges som muligt.

Systematisation of the Genus Rhododendron - now with DNA analysis.

Hans Eiberg, University of Copenhagen.

During the many expeditions to Asia from 1900-1940 a huge plant materials were collected. These materials were sending to Edinburgh Botanical Garden for further examination and characterisation under the head of prof. Balfour. Out from the special characteristic these rhododendron plants had, the plants were put in 27 temporarily groups (Series). Series, because it was difficult to put the plants in the present accepted system because of lacing and few data concerning the distribution of the plants and the knowledge about which traits were important to use for this systematisation. The traits they used were not clear-cut and in many cases were dependent of the environment for survive. The first version using the international accepted nomenclature for systematisation were proposed by Dr. Sleumer in 1949. These characteristic traits he used were the same traits other scientists used later, but often with different degree of importance. An inverstigation of the useness colorsubstances in the plants for systematisation was done by Spätman , but his system which including Series, was not general accepted partly because he did not used the general accepted nomenclature. A taxonomist work was besides careful descriptions of the species also to make a useful and easy key for classifying plants to their belongings. It is still the case that collected plants cannot always be put in this system by use of the present keys.

Today it is possible to sequence DNA from plants and in this way to analyse "neutral" traits, these are not affected by the environment and very useful for a classification purpose. The sequencing approach of DNA can determinate a lot of differences useful for the classification approach to construct a true system in accordance with the evolution. These DNA variations are of cause not

practicable in the field, but only useful for taxonomists. When more and other DNA sequences are analysed it is possible to construct the truest relationship between the plants in the genus, section and subsections and also to show which plants are of hybrid origin. The sequencing method can perhaps also be used to solve the variation in complex specie such for the alliance group. Before this can be done it is important to now the nature of this DNA variation and excludes errors and analyse so many plants/species and different DNA areas as possible.

