

Zusammenfassung (Lebensfelder-Tagung Bonn)

Herkunftsregionen von Ackerwildkräutern – erste Ergebnisse des GISA-Projektes

P. Tran*, V. Herklotz*, S. Meyer¹, C.M. Ritz*, B. Usadel², K. Wesche*

*Senckenberg Museum für Naturkunde Görlitz / Technische Universität Dresden

¹Georg August Universität Göttingen

²Forschungszentrum Jülich

Im Vergleich zu Grünlandarten sind Ackerwildkräuter im Hinblick auf genetische Strukturen nur unzureichend untersucht. Die wenigen Studien des letzten Jahrzehntes legen aber nahe, dass auch bei ihnen Prozesse gelten, die sich aus allgemeiner Theorie in der Populationsgenetik ableiten (Donath & Eckstein 2008, Segelbacher & Holderegger 2016). Populationen seltener Ackerwildkräuter sind häufig isoliert, der genetische Austausch zwischen ihnen ist gering und ihre genetische Diversität ist oft niedrig (Brütting et al. 2012a, Brütting et al. 2012b). Dies liegt daran, dass kleine Populationen rasch an genetischer Diversität verlieren und bei fehlendem genetischem Austausch wird dies auch nicht ausgeglichen. Entsprechend besteht die Gefahr der Inzuchtdepression. Dieses Szenario würde dafür sprechen, genetischen Austausch möglichst zu erhöhen. Demgegenüber steht eine mögliche lokale Anpassung, die bei Einkreuzung von nicht gebietseigenen Genen evtl. verloren ginge. Ergebnis wäre eine Auszuchtdepression. Dieses Szenario spricht für höchstens kleinräumigen genetischen Austausch. Die allgemeine Naturschutzgenetik legt nahe, dass Auskreuzungsdepression nicht so verbreitet ist wie Inzuchtdepression, aber für Ackerwildkräuter gibt es bisher keine Daten zu solchen Fitnessseffekten.

Auch zu genetischen Strukturen gibt es nur wenige Daten und keine Studie hat bisher geprüft, ob es räumliche Muster gibt, die mit den Herkunftsregionen von Prasse et al. (2010) übereinstimmen. Hier setzt das Projekt GISA an, in dem für einen Satz von ausgewählten Arten genetische Strukturen untersucht werden, dabei werden sowohl häufige als auch seltene Arten berücksichtigt. Im Rahmen einer koordinierten Probenahme wurden mit großem Aufwand repräsentative Populationen für möglichst alle Arten besammelt. Dabei wurden pro Herkunftsregion zwei Populationen so beprobt, dass auch deren genetische Diversität abzuschätzen ist. Insgesamt wurden über 11.000 Proben gesammelt, aber dennoch konnten nicht für alle Arten in allen Herkunftsregionen Populationen gefunden werden. Dies zeigt, wie selten viele Arten inzwischen geworden sind. Diversität und genetische Strukturen werden mit Hilfe der genomischen Fingerabdruckmethoden ddRadSeq und PoolSeq untersucht. Sie liefern große und aussagekräftige Datenmengen, sind aber auch zeitlich aufwändig. Nach 1,5 Jahren intensiven Sammelns und Methodentestens liegen daher erst vorläufige Daten vor. Letzteres wurde sehr von der AG W. Durka (UFZ Halle) im Rahmen des RgioDiv-Projektes unterstützt.

Die vorläufigen genetischen Untersuchungen der Pilot Analyse zur Kornblume (*Centaurea cyanus* L.) zeigen keinerlei Trennung nach den Herkunftsregionen. Wie zu erwarten, implizieren die Daten ein hohes Maß an genetischem Austausch zwischen Populationen und Regionen. Aktuell sieht es bei dieser weit verbreiteten Art also nicht so aus, dass die Aufteilung in 22 verschiedene Herkunftsregionen der tatsächlichen genetische Strukturen entspricht. Daher könnte eine Evaluation der Herkunftsregionen für weit verbreitete Arten sinnvoll werden. Beim sehr seltenen Rundblättrigen Hasenohr (*Bupleurum rotundifolium* L.) zeigen erste Analysen jedoch eine starke genetische Fraktionierung einzelner Populationen, sogar innerhalb einer Herkunftsregion. Beim vom Aussterben bedrohten Flammenden Adonisröschen (*Adonis flamma* Jaqc.) fanden wir ebenso eine starke räumlich strukturierte Differenzierung. Diese Strukturen fallen aber nur zum Teil mit den vorgeschlagenen Herkunftsregionen

zusammen. Hier haben wir auch Daten für ganz Europa erhoben, die starke Differenzierung auf dem Maßstab von tausenden Kilometern zeigen.

Für seltene und stark gefährdete Arten, die dementsprechend kleine Populationsgrößen aufweisen, ist auch dieses Ergebnis erwartbar. Für diese kleinen, isolierten Populationen sollten entsprechende Schutzmaßnahmen geplant werden. Hierbei ist jedoch Vorsicht geboten, denn es kommt bei diesen Populationen häufig zur genetischen Verarmung. Eine strikte Trennung in verschiedene Herkunftsregionen kann im schlimmsten Fall zur weiteren Verarmung führen, weshalb auch hier eine Evaluierung der Herkunftsregionen, speziell für stark gefährdete Arten durchgeführt werden sollte.

Literatur:

- Brütting, C., Meyer, S., Kühne, P., Hensen, I. & Wesche, K. 2012a: Spatial genetic structure and low diversity of the rare arable plant *Bupleurum rotundifolium* L. indicate fragmentation in Central Europe. *Agricultural, Ecosystems and Environment* **161**: 70-77.
- Brütting, C., Wesche, K., Meyer, S. & Hensen, I. 2012b: Genetic diversity of six arable plants in relation to their Red List status. *Biodiversity and Conservation* **21**: 745-761. 10.1007/s10531-011-0212-z.
- Donath, T. W. & Eckstein, L. 2008: Bedeutung genetischer Faktoren für die Wiederansiedlung seltener Pflanzengemeinschaften. *Naturschutz und Landschaftsplanung* **40**: 21-25.
- Prasse, R., Kunzmann, D. & Schröder, R. 2010. Entwicklung und praktische Umsetzung naturschutzfachlicher Mindestanforderungen an einen Herkunftsnachweis für gebietseigenes Wildpflanzensaatgut krautiger Pflanzen. Abschlußbericht zum Forschungsprojekt (DBU FKZ: 23931). Hannover:, Institut für Umweltplanung, Leibniz Universität Hannover.: 166.
- Segelbacher, G. & Holderegger, R. 2016: Naturschutzgenetik. Ein Handbuch für die Praxis. Haupt, Bern.