



**Untersuchungen zur genetischen
Diversität am Beispiel der
Segetalart *Euphorbia exigua* L.
auf unterschiedlichen
Standorten des
Norddeutschen Tieflandes**

von

Maren Oelke

Diese Studie wurde an der Humboldt-Universität zu Berlin als Diplomarbeit eingereicht und anerkannt.

Gutachter: Prof Dr. Robert Sauerbrey
Humboldt-Universität zu Berlin
Institut für Pflanzenbauwissenschaften
Fachgebiet Ökologie der Ressourcennutzung

Dr. Andreas Ullrich
Zentrum für Agrarlandschafts- und Landnutzungsforschung e.V.
Müncheberg

Dr. Benno Hain
Umweltbundesamt
Fachgebiet II 1.1 „Grundsatzfragen der Ökologie“

Der Herausgeber übernimmt keine Gewähr
für die Richtigkeit, die Genauigkeit und
Vollständigkeit der Angaben sowie für
die Beachtung privater Rechte Dritter.
Die in der Studie geäußerten Ansichten
und Meinungen müssen nicht mit denen des
Herausgebers übereinstimmen.

Diese Publikation ist auch als Download unter
<http://www.umweltbundesamt.de>
verfügbar.

Herausgeber: Umweltbundesamt
Postfach 33 00 22
14191 Berlin
Tel.: 030/8903-0
Telex: 183 756
Telefax: 030/8903 2285
Internet: <http://www.umweltbundesamt.de>

Redaktion: Fachgebiet II 1.1
Birgit Georgi

Berlin, Oktober 2003

Vorwort

Das Umweltbundesamt befasst sich innerhalb seiner Zuständigkeiten mit Fragen zur Umsetzung des Übereinkommens zur biologischen Vielfalt, unter anderem mit dem Teilthema „Zugang und Nutzung von genetischen Ressourcen“. Hierbei spielen sowohl politische Fragestellungen zur Strategie dieses Umsetzungsprozesses als auch fachliche Fragen zur Bewertung der biologischen Vielfalt im Bundesgebiet eine Rolle. In der Konvention ist festgelegt, dass neben der Ökosystem- und Artenebene auch die genetische Ebene berücksichtigt werden soll. Die Frage, welchen Stellenwert die genetische Vielfalt im Verhältnis zur Arten- und Ökosystemvielfalt einnehmen soll, ist dabei noch weitgehend ungeklärt.

Für die fachlichen Aufgaben des Umweltbundesamts ist es erforderlich, einen klaren Eindruck darüber zu erhalten, welche methodisch-wissenschaftlichen Werkzeuge verfügbar sind oder zu entwickeln wären, um die genetische Vielfalt in Deutschland zu erfassen, zu charakterisieren und zu bewerten. Dabei stehen vornehmlich Fragen im Vordergrund, die sich mit auf die Biodiversität einwirkenden und sie beeinflussenden Faktoren, insbesondere verschiedene Formen der Nutzung von Flächen und Landschaften befassen.

Zu diesem Zwecke wurde von Juni 2002 bis Mai 2003 ein Pilotprojekt zwischen dem Umweltbundesamt, Berlin, dem Zentrum für Agrarlandschafts- und Landnutzungsforschung e.V. (ZALF) in Müncheberg und dem Institut für Pflanzenbauwissenschaften der Humboldt-Universität in Berlin organisiert. Dieses hatte zum Ziel, am Beispiel einer ausgewählten Art der Ackerbegleitflora, den Einfluss verschiedener Nutzungsausprägungen und Standortbedingungen in Relation zur beobachtbaren genetischen Diversität der untersuchten Art zu setzen. Erwartetes Ergebnis war, einen fachlichen Beitrag zur Berücksichtigung der Diversität pflanzengenetischer Ressourcen bei der Umsetzung der Konvention und die Diskussion in den wissenschaftlichen Fachgremien zu erhalten.

Besondere Anforderung an dieses Projekt aus Sicht des Umweltbundesamts war die Verknüpfung eines praktischen naturwissenschaftlichen Untersuchungsansatzes mit den politischen Anforderungen sowohl auf der internationalen als auch nationalen Politikebenen. In diesem Sinne war das Projekt geprägt von dem doppelten Anspruch:

einerseits eine politische relevante Fragestellung zu diskutieren und andererseits einen fachlich fundierten und experimentell verifizierten methodischen Ansatz zu entwickeln.

Frau Maren Oelke wurde mit der Durchführung des Projekts beauftragt. Die vorbereitenden Studien und Recherchen führte sie im Umweltbundesamt, die praktischen Arbeiten im ZALF durch.

In der Ergebnisdiskussion wurde besonders auf die Verknüpfung der globalen Dimension und der Problematik der Gefährdung biologischer Vielfalt mit den regionalen und lokalen Auswirkungen Wert gelegt. Der sehr komplexe Sachverhalt ist so aufbereitet, dass auch der mit dem Thema weniger vertraute Leser Zugang zu der politischen Dimension der Fragestellung finden kann.

Der methodische Ansatz der Arbeit verknüpft etablierte Verfahren, z.B. der Bodenanalytik und der Vegetationsaufnahmen mit neuen molekulargenetischen Verfahren. Besonders durch die Anwendung der AFLP-Technik gewinnt die Arbeit auch einen innovativen methodischen Charakter und kann als Baustein für die künftige Entwicklung dieses integrativen Themenfeldes betrachtet werden. Weitere experimentelle Vertiefungen bleiben für künftige Forschungsprojekte.

Das Projekt wurde im Umweltbundesamt von Frau Birgit Georgi und Herrn Dr. Benno Hain betreut.



Dr. Benno Hain
Leiter des Fachgebiets II 1.1
Grundsatzfragen der Ökologie
Umweltbundesamt
Berlin

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung.....	1
1 Einführung in die Thematik.....	3
1.1 Entstehung und Definition des Begriffs Biodiversität.....	3
1.2 Biodiversität im politischen Kontext.....	5
1.3 Bedeutung der genetischen Diversität.....	9
1.4 Agrobiodiversität.....	14
1.5 Segetalflora.....	15
1.6 Problem- und Zielstellung.....	18
2 Material und Methoden.....	19
2.1 Charakterisierung von <i>Euphorbia exigua</i> L.	19
2.2 Beschreibung der Untersuchungsgebiete.....	24
2.2.1 Uckermark.....	25
2.2.2 Schorfheide.....	27
2.2.3 Märkische Schweiz.....	28
2.3 Probenahme.....	29
2.3.1 Probenahmestrategie.....	29
2.3.2 GPS-Vermessung der Probepunkte.....	31
2.3.3 Pflanzenmaterial und Vegetationsaufnahme.....	31
2.3.4 Bodenkarten und Bodenproben.....	33
2.4 Populationsgenetische Untersuchungen.....	34
2.4.1 DNA-Isolierung.....	34
2.4.2 AFLP-Analyse.....	35
2.5 Statistische Datenanalyse.....	41

3	Ergebnisse.....	43
3.1	Charakterisierung der Untersuchungsstandorte.....	43
3.1.1	Geographische Distanz der Probeflächen.....	43
3.1.2	Bodenparameter.....	43
3.1.3	Vegetationsaufnahmen und ökologische Charakterisierung....	48
3.1.4	Flächenmanagement.....	53
3.2	Genetische Diversität und Variabilität der <i>Euphorbia</i> -Populationen....	57
3.2.1	Reproduzierbarkeit und Vergleich der AFLP-Muster.....	57
3.2.2	Differenzierung und Klassifizierung der Genotypen.....	63
3.2.3	Diversitätsparameter.....	67
3.2.4	Verteilung der genetischen Variabilität.....	69
3.2.5	Zusammenhang von genetischer und geographischer Distanz..	70
4	Diskussion.....	71
4.1	Nutzung der AFLP-Technik zur Klassifizierung im Vergleich zu anderen Fingerprinttechniken.....	71
4.2	Genetische Diversität und Variabilität der <i>Euphorbia</i> -Populationen....	73
4.3	Einfluss der geographischen Distanz und der Nutzung auf die genetische Diversität / Variabilität der Populationen.....	76
4.4	Bedeutung der genetischen Diversität für den Erhalt der Artenvielfalt an ausgewählten Beispielen.....	79
5	Schlussfolgerungen und Ausblick.....	81
5.1	Schlussfolgerungen.....	81
5.2	Ausblick.....	83
6	Literaturverzeichnis.....	85
7	Anhang.....	94
	Abkürzungsverzeichnis.....	95
	Abbildungs- und Tabellenverzeichnis.....	97

Zusammenfassung

Die Erhaltung der genetischen Vielfalt innerhalb von Arten und deren Populationen bildet die Grundvoraussetzung für die Anpassungsfähigkeit an sich ändernde Umweltbedingungen, die langfristige Evolutionsfähigkeit der Art und die höhere Fitness der Individuen oder Populationen.

In dieser Arbeit wurde die Bedeutung der genetischen Vielfalt als eine der Ebenen der Biodiversität betrachtet und im politischen Kontext dargestellt.

Die genetische Diversität von Ackerwildkrautpopulationen wurde am Beispiel der Segetalart *Euphorbia exigua* L. (Kleine Wolfsmilch) untersucht. Dabei wurde der Frage nachgegangen, welchen Einfluss die geographische Distanz und die Nutzung der Flächen bzw., das Flächenmanagement auf die genetische Diversität und Variabilität haben. Zur Charakterisierung der Standorte wurden Bodenparameter erfasst und Vegetationsaufnahmen vorgenommen.

Für die Differenzierung der Individuen der Art *Euphorbia exigua* L. wurde die AFLP (amplified fragment length polymorphism)-Technik verwendet und erfolgreich etabliert. Die Analysen mit einer Primerkombination ergaben stabile AFLP-Muster. Dabei wurden nahezu alle Individuen differenziert. Lediglich in 8 Fällen konnten je 2 Pflanzen nicht unterschieden werden. Insgesamt ließen sich 101 DNA-Fragmente nachweisen, davon sind bei einer durchschnittlichen Anzahl von 65 Fragmenten pro Pflanze 67 polymorph (Polymorphiegrad 66 %). Der Polymorphiegrad zeigt, dass sich die sieben räumlich getrennten Populationen in den Regionen Uckermark, Schorfheide und Märkische Schweiz hinsichtlich ihrer genetischen Diversität unterscheiden. Dabei stellte sich die Population bei Müncheberg in der Märkischen Schweiz als besonders divers heraus. Die genetische Diversität der untersuchten Populationen der Uckermark und der Schorfheide liegt nach der Berechnung des Shannon-Index in einem Bereich zwischen 0,10 und 0,14. Sie sind damit nicht so divers wie die Population aus Müncheberg, die mit ca. 0,19 über den anderen Werten liegt.

Des Weiteren wurde mit Hilfe des Shannon-Index festgestellt, dass eine Anzahl von 20 Individuen genügt, um die genetische Diversität einer *Euphorbia exigua* L.-Population ausreichend zu beschreiben. Bereits bei 10 bis 15 Individuen stellte sich ein stabiler Wert der genetischen Diversität für alle Populationen heraus.

Die Clusteranalyse der AFLP-Muster der untersuchten Individuen ergab eine deutliche genetische Trennung der verschiedenen Populationen. Das heißt unmittelbar benachbarte Individuen sind sich in den untersuchten Populationen genetisch ähnlicher als weiter entfernte Individuen. Hierbei zeigen jedoch die beiden weit voneinander entfernt liegenden Probepunkte Müncheberg Mü und Uckermark Gs eine hohe Ähnlichkeit ihrer Populationen. Des Weiteren bilden die drei Populationen der Schorfheide einen gemeinsamen Hauptcluster. Damit grenzt sich die Region Schorfheide deutlich von den beiden anderen Regionen ab. Die Hauptkomponentenanalyse und eine zweite Clusteranalyse auf Populationsebene bestätigen diese Ergebnisse. Mit Hilfe des Manteltests konnte gezeigt werden, dass die genetische Distanz der Einzelpflanzen nicht mit der geografischen Distanz korreliert.

Diese Ergebnisse weisen darauf hin, dass neben der geographischen Distanz auch andere Faktoren wie z. B. Standortparameter einen Einfluss auf die genetische Diversität der Ackerwildkrautpopulationen haben. In der Untersuchung wurden Bodenparameter, Vegetationszusammensetzung und Flächenmanagement der Standorte betrachtet.

Die Analyse der Bodenparameter und der Vegetationsaufnahmen zeigten dabei Unterschiede zwischen den Standorten, die jedoch nicht klassifizierbar sind und damit keine Abgrenzung der Probeflächen Mü und Gs zu den anderen Standorten ermöglichen. Daraus ergibt sich, dass nach diesen Untersuchungen weder die Bodenparameter noch die Vegetationszusammensetzung der Standorte die genetische Ähnlichkeit der Probeflächen Mü und Gs erklären.

Beim Vergleich der Nutzung der Standorte wurde deutlich, dass die Standorte Gs und Mü im Gegensatz zu den anderen Flächen Ähnlichkeiten im Flächenmanagement aufweisen. Dies könnte ein Hinweis für die genetische Ähnlichkeit der Individuen dieser Flächen sein.

Eine Einordnung der Ergebnisse in die Gesamtvariabilität der Art *Euphorbia exigua* L. ist nicht möglich, da in der Literatur bisher keine molekulargenetischen Daten zur genetischen Diversität dieser Art zur Verfügung stehen. Jedoch können die Ergebnisse dieser Arbeit als Voruntersuchung für weiterführende Forschungsarbeiten zum Einfluss der Art der Nutzung und der Nutzungsintensität auf die genetische Diversität der Ackerwildkrautpopulationen gesehen werden.

1 Einführung in die Thematik

In den letzten Jahren ist der weltweite Rückgang der biologischen Vielfalt immer stärker in den Blickpunkt der Öffentlichkeit gerückt. Biodiversität ist zu einem bedeutenden Themenfeld internationaler Umwelt- und Naturschutzpolitik geworden (HOFFMANN-KROLL et al. 1999). Dabei ist der politische Wille, die biologische Vielfalt zu erhalten, ein wichtiger Ausgangspunkt der Diskussion (PIECHOCKI 2002a). Im Rahmen der Konferenz der Vereinten Nationen für Umwelt und Entwicklung (UNCED) in Rio de Janeiro (1992) wurde mit der Verabschiedung des Übereinkommens über die Biologische Vielfalt (Convention on Biological Diversity CBD) der Rahmen für ein globales Handeln geschaffen. Seither haben neben Deutschland weitere 180 Staaten und die Europäische Union die völkerrechtliche Konvention unterzeichnet und ratifiziert. Damit wurde die Notwendigkeit der Erhaltung der biologischen Vielfalt als ein weltweites öffentliches Interesse anerkannt (KÜCHLER-KRISCHUN 2002).

1.1 Entstehung und Definition des Begriffs Biodiversität

Der Begriff „Biodiversity“ (zu deutsch „Biodiversität“) ist eine Kurzform des Ausdrucks „Biological Diversity“. Er wurde nach PIECHOCKI (2002a) zu Beginn der 1980er Jahre in den USA geprägt, um einer breiten Öffentlichkeit den globalen Verlust von biotischer Vielfalt bewusst zu machen und seine wissenschaftlichen, politischen, kulturellen und sozioökonomischen Dimensionen zu verdeutlichen. Innerhalb von nur einem Jahrzehnt hat der Begriff „Biodiversität“ eine weite Verbreitung gefunden und wird allgemein akzeptiert (KORN 2002). Auf dem Weg zur Entstehung der Konvention über Biologische Vielfalt spielte ein von der US-amerikanischen National Academy of Sciences in Washington D.C. veranstaltetes wegweisendes „National Forum on Biodiversity“ im Jahr 1986 eine Schlüsselrolle. Zwei Erkenntnisse waren mit dem Entstehen des Forums verbunden. Einmal das Bewusstsein, dass der fortschreitende Rückgang der Tropenwälder zu einem Artensterben von beträchtlichem Ausmaß führen wird, weil gerade die biodiversitätsreichsten Regionen in den Tropen liegen. Zum anderen wurde die Bewahrung der biologischen Vielfalt mit Fragen der wirtschaftlichen Entwicklung verbunden (PIECHOCKI 2002a).

Wenn Biodiversität heute noch als Synonym für Artenvielfalt gebraucht wird, so wie es in den 60er und 70er Jahren des 20. Jahrhunderts der Fall war (HOBOM 2000), dann ist

dies nur eine Ebene der Betrachtung, denn der Begriff schließt gleichermaßen die Diversität der Lebensräume auf der Ebene der Ökosysteme und Landschaften und die genetische Vielfalt auf der molekularen Ebene mit ein (HOFFMANN-KROLL et al. 1999; GASTON 1996). Im Sinne des Übereinkommens über Biologische Vielfalt umfasst die Biodiversität die Verschiedenheit (variability) und die Vielfalt (diversity) aller lebenden Organismen und der Ökosysteme, in denen sie leben (UNEP 1992). Ökologen beziehen Vielfalt immer auf eine Basis. Diese kann z. B. ein Ökosystem, oder eine Lebensgemeinschaft sein (WELLING 1997).

Die folgende Abbildung veranschaulicht die drei Ebenen des Konzeptes biologische Vielfalt, wobei der Populationsbegriff die drei Ebenen miteinander verbindet (HAMMER 2001).

Tab. 1: Die drei Ebenen der biologischen Vielfalt (HEYWOOD 1995; WBGU 2000)

Ökologische Vielfalt	Genetische Diversität	Organismische Diversität
Populationen	Populationen	Populationen
Biome		Reiche
Bioregionen		Stämme
Landschaften		Familien
Ökosysteme		Gattungen
Habitate		Arten
Nischen		Unterarten
	Individuen	
	Chromosomen	Individuen
	Gene	
	Nukleotide	

Dieses vielschichtige Konzept der Biodiversität bedeutet, dass biologische Vielfalt zwar auf jeder Ebene betrachtet werden kann und methodisch auch muss, dass im Endeffekt aber keine der Ebenen isoliert und losgelöst voneinander gesehen werden darf (BfN 1997).

Viele Untersuchungen haben sich besonders mit der Ebene der Artenvielfalt beschäftigt. Bis heute wurden ca. 1,75 Millionen Arten erfasst (WBGU 2000; GLEICH et al. 2000). Dies ist nur ein geringer Prozentsatz der Gesamtartenzahl, die auf ca. 5 bis 100 Millionen geschätzt wird (WBGU 2000; KLAUS et al. 2001). Dabei ist die biologische Vielfalt auf der Erde nicht gleichmäßig verteilt. Es gibt Zentren der Artenvielfalt, sogenannte „hotspots“, wo die Evolution besonders viele Lebensformen hervor gebracht hat. Zu den

Regionen mit der reichsten Tier- und Pflanzenwelt gehören unter anderem die tropischen Anden, Madagaskar, die mittel-amerikanischen Urwälder, der atlantische Regenwald und die südostasiatischen Inseln (GLEICH et al. 2000). Nach SCHAEFER (1997) ist das Artensterben ein natürlicher Vorgang, denn jede Art ist geologisch gesehen nur eine bestimmte Zeit auf der Erde (MEIER 2002). Die natürliche Aussterberate beträgt ca. ein bis drei Arten pro Jahr. Durch anthropogene Einflüsse sterben zusätzlich ca. 20.000 Arten pro Jahr aus. In der Erdgeschichte kam es zu klimatischen und anderen Veränderungen, die zu fünf großen Massensterben führten und Tausende Spezies vernichteten (GLEICH et al. 2000). Derzeit erleben wir die sechste Auslöschung den Gen- und Artenvielfalt (WBGU 2000). Für den heutigen Rückgang bzw. den Verlust der biologischen Vielfalt gibt es vielfältige Gründe. Neben den Klimaveränderungen und der Konkurrenz durch eingeführte Arten, bewirkt das Bevölkerungswachstum Änderungen der Landnutzung. Es werden z. B. zusätzliche landwirtschaftliche Flächen geschaffen. Die Intensivierung der Landwirtschaft mindert z. B. durch die Beschränkung auf wenige Arten und Sorten im Anbau, wiederum die pflanzengenetischen Ressourcen (LESSER 1998). Die biologischen Ressourcen werden nicht nur übernutzt (UBA 2002), sondern Habitate werden zerstört oder ihre Qualität durch Fragmentierung verschlechtert (LESSER 1998). MC NEELY et al. (1995) nennen als weitere Ursachen für den Rückgang der biologischen Vielfalt die Weltkriege, Vertreibungen von Menschen, die industrielle Produktion in großem Umfang und die Einträge von Schadstoffen aus der Luft. All diese Faktoren wirken sich direkt und indirekt auf die Biodiversität aus, direkt durch die unmittelbare Verdrängung und Ausrottung der Arten, in größerem Maße jedoch indirekt durch Veränderungen der natürlichen Lebensgrundlagen (WEIGEL 1997). Die Problematik besteht darin, dass die Gen- und Artenverluste irreversibel sind (WBGU 2000). Nach KLAUS et al. (2001) gibt es keine generelle Antwort darauf, wie sich die Reduktion der Biodiversität auf die Biosphäre auswirkt.

1.2 Biodiversität im politischen Kontext

Die politische Relevanz der Biodiversität spiegelt sich vor allem in dem Übereinkommen über Biologische Vielfalt, das 1992 verabschiedet wurde, wider. Bei der Konvention handelt es sich um ein internationales zentrales Regelwerk für die biologische Vielfalt (FEIT 2000), d. h. sie liefert den institutionellen Rahmen für die Zusammenarbeit der Vertragsstaaten (HOFFMANN-KROLL et al. 1999). In weiteren Verhandlungen müssen konkrete Handlungsanleitungen festgelegt werden. Zu diesem Zweck wurden in

den letzten 10 Jahren sechs Vertragsstaatenkonferenzen (Conference of the Parties, COP), acht Treffen des Nebenorgans SBSTTA und diverse weitere Arbeitstreffen abgehalten (KREBS et al. 2002; CHM 2003a). Die Vertragsstaatenkonferenz (COP) ist die führende Einrichtung, die das Beschlussgremium der Konvention darstellt (WRI 1995). Die Beschlüsse der COP werden durch den Wissenschaftlich, Technischen und Technologischen Ausschuss (Subsidiary Body on Scientific, Technical and Technological Advice, SBSTTA) vorbereitet (KORN 2002).

Zu den Hauptzielen der Konvention über Biologische Vielfalt gehören nach Artikel 1 neben der Erhaltung der biologischen Vielfalt auch die nachhaltige Nutzung ihrer Bestandteile, sowie die gerechte Aufteilung der sich aus der Nutzung der genetischen Ressourcen ergebenden Vorteile (UNEP 1992). Um diese anspruchsvolle Aufgabe erfüllen zu können, soll es in den einzelnen Vertragsstaaten gemäß des Übereinkommens einen Vermittlungsmechanismus zur „Förderung und Erleichterung der wissenschaftlichen und technologischen Zusammenarbeit“ (Artikel 18) geben, den sogenannten „Clearing-House Mechanismus“ (CHM). Der CHM als zentrales Informations- und Kommunikationssystem des Übereinkommens über die biologische Vielfalt informiert Akteure und Interessierte über die laufende Biodiversitätsforschung zum Übereinkommen (FEIT 2000). Er soll Informationsanbieter und -nutzer miteinander vernetzen und einen freien Zugriff auf, sowie den Austausch von, Informationen und Daten ermöglichen (KREBS et al. 2002). Deutschland gehörte zu den ersten Ländern, die den Aufbau eines nationalen CHM förderte. Aus der vorerst reinen internetbasierten Informationsplattform, entwickelten sich später unter anderem internationale Workshops zum CHM oder das Projekt 'Naturdetektive im Internet' zur Umweltbildung für Schüler (BMU 2002a).

In der Bundesrepublik Deutschland wurde das Übereinkommen mit dem Beschluss des Durchführungsgesetzes am 30.08.1993 in nationales Recht überführt (LEHMANN 2002). Federführend für die Umsetzung der CBD in Deutschland ist das Ministerium für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit (BMU) mit dem Bundesamt für Naturschutz (BfN) und dem Umweltbundesamt (UBA) als zuständige Fachbehörden (KREBS et al. 2002). Der Bundesregierung steht als Unterstützung im politischen Entscheidungsprozess ein wissenschaftlicher Beirat für globale Umweltveränderungen (WBGU) zur Verfügung. Der Beirat, ein unabhängiges Gremium, legt regelmäßig Gutachten vor, die der Bundesregierung im Bereich globale Umweltveränderungen wissenschaftliche

Grundlagen, Bewertungen, Hinweise auf Forschungsdefizite sowie politischen Handlungsempfehlungen vermitteln (WBGU 2002). Das Jahresgutachten von 1999 'Erhaltung und nachhaltige Nutzung der Biosphäre' analysiert die derzeitige Krise der globalen Biosphäre und ihre Bedeutung für eine nachhaltige Entwicklung, um daraus Prinzipien für eine erfolgreiche internationale Biosphärenpolitik abzuleiten. Unter anderem plädieren die Wissenschaftler für eine entschlossene Umsetzung der Ziele der Biodiversitätskonvention (WBGU 2000).

Dem förderalen Charakter der Bundesrepublik entsprechend, ist die nationale Umsetzung des Abkommens bei vorgegebenen Rahmenbedingungen in einigen Bereichen auch eine Angelegenheit der Bundesländer (LEHMANN 2002). Die Länderarbeitsgemeinschaft Naturschutz, Landschaftspflege und Erholung (LANA) ist ein länderübergreifendes Arbeitsgremium der Umweltministerkonferenz, in dem die Vertreter der obersten Naturschutzbehörden der 16 Bundesländer mit dem Bund über die Schwerpunktthemen des Naturschutzes beraten (MLUR 2002). Dazu gehört unter anderem die Ausweisung von Naturschutzgebieten.

Nichtregierungsorganisationen (NRO), als nichtstaatliche, nichtgewinnorientierte Organisationen sind ebenfalls wichtige Akteure im Biodiversitätsschutz (BAEGLT 1999). Zu ihnen gehören u.a. der WWF (World Wide Fund for Nature), der NABU (Naturschutzbund Deutschland e.V.), der BUND (Bund für Umwelt und Naturschutz Deutschland) und der DNR (Deutscher Naturschutzzring). Welche Rolle die NRO im politischen Handlungsfeld und im praktischen Biodiversitätsschutz spielen, wird derzeit von KREBS (2002) untersucht.

Zu den Vertragsparteien gehört unter anderem auch die Europäische Gemeinschaft. Diese Ebene der Gemeinschaft ist ebenso wie die Zusammenarbeit unter den Mitgliedstaaten eine wichtige Voraussetzung für die wirksame Anwendung des Übereinkommens. Es wurde eine Gemeinschaftsstrategie entwickelt, die nationale Strategien ergänzen soll. Dazu gehören Aktionspläne mit konkreten Maßnahmen für die Erhaltung der biologischen Vielfalt in der Landwirtschaft, in der Fischerei, im Bereich der Naturressourcen und der Wirtschafts- und Entwicklungszusammenarbeit (EC CHM 2002a).

Eine weitere Ebene bildet die UN Economic Commission for Europe (UN/ECE), der neben den 15 EU-Mitgliedstaaten noch 40 weitere europäische Länder angehören. Seit der PAN-europäischen Minister Konferenz 1995 in Sofia „Umwelt für Europa“ liegt

eine PAN-europäische Strategie vor. Ihr Ziel ist, den Rückgang und Verlust der biologischen und landschaftlichen Vielfalt in Europa effektiv aufzuhalten (ECNC 2001).

PIECHOCKI et al. (2003) beleuchten mit ihren „Vilmer Thesen zur Biodiversität“ verschiedene Aspekte des Biodiversitätskonzeptes. Unter anderem wird darauf eingegangen, dass Biodiversität nicht nur eine naturwissenschaftliche Tatsache darstellt, sondern als ein Wert angesehen werden muss, der nach ethischen und ökonomischen Gesichtspunkten für schützenswert befunden wird. Interessant ist auch, dass PIECHOCKI et al. (2003) hier eine enge Verknüpfung zwischen Nachhaltigkeit und Biodiversität herstellen. Nach einer der Thesen sollte die Erhaltung des verbliebenen Naturkapitals als oberste Nachhaltigkeitsregel akzeptiert werden, wobei Biodiversität ein wesentlicher Bestandteil dieses Naturkapitals darstellt. Jedoch ist der Begriff der Nachhaltigkeit weit mehr in der Öffentlichkeit verbreitet als das Konzept der Biodiversität, das z.T. selbst von Wissenschaftlern nur unzulänglich verstanden wird (KREBS et al. 2002).

Ein zentraler Punkt bei der Umsetzung der CBD ist daher die Öffentlichkeitsarbeit. Artikel 13 der Konvention verweist auf notwendige Maßnahmen zur Förderung des Verständnisses über die Bedeutung der Biodiversität in der Öffentlichkeit (UNEP 1992). Dieser Aspekt ist von besonderer Relevanz, denn nur wenn möglichst viele Menschen die Gründe für die Notwendigkeit der Erhaltung der biologischen Vielfalt kennen, können sie durch verantwortungsbewusstes Verhalten im alltäglichen Leben einen Beitrag leisten (SCHUSTER 2002). Das Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit (BMU) nutzte das 10jährige Bestehen des Übereinkommens über die biologische Vielfalt im Jahr 2002 als Anlass für eine breit angelegte Öffentlichkeitskampagne zur Arten- und Lebensraumvielfalt. Sie stand unter dem Motto: „Leben braucht Vielfalt“. Naturschützer wie Naturnutzer, staatliche wie nichtstaatliche Einrichtungen sollten sich mit eigenen Aktionen unter einem gemeinsamen Kampagnendach daran beteiligen. Dabei ging es nicht nur um den Schutz und Erhalt der biologischen Vielfalt, sondern auch um deren nachhaltige Nutzung. Ziel dieser Öffentlichkeitsarbeit war es, den Bürgerinnen und Bürgern durch unterschiedliche Beiträge die biologische Vielfalt und ihre Bedeutung für unser tägliches Leben näher zu bringen (BMU 2002b). Nach KREBS at al. (2002) war die Kampagne noch nicht wirkungsvoll genug. Zukünftig sollten Projekte und lokale Initiativen auch finanziell unterstützt werden, um eine aktive Beteiligung am gesellschaftlichen Diskurs und den Erhalt und die Nutzung von Biodiversität zu fördern.

Zehn Jahre nach dem Erdgipfel für Umwelt und Entwicklung in Rio de Janeiro gab es 2002 wieder ein Treffen, diesmal in Johannesburg. Dies ist ein Anlass, Bilanz zu ziehen. Was hat die Konvention über Biologische Vielfalt (CBD), als eines der wichtigsten Produkte der UNCED-Konferenz in Rio, in den letzten 10 Jahren erreicht? Die CBD hat den Prozess des Verlustes biologischer Vielfalt bislang nicht aufhalten oder gar umkehren können, denn internationale, völkerrechtlich verbindliche Abkommen sind schwerfällig (KREBS et al. 2002). Dennoch sollte berücksichtigt werden, dass durch die Konvention ein ganzheitlicher Ansatz im Umgang mit Biodiversität entwickelt wurde und der Schutz der biologischen Vielfalt erstmals im globalen Rahmen als Querschnittsthema (MÜLLER 2002) behandelt wurde.

Auf dem Weltgipfel für nachhaltige Entwicklung (World Summit on Sustainable Development, WSSD) vom 26.08.- 04.09.2002 wurde ein 65-seitiges Aktionsprogramm (Plan of Implementation) sowie eine politische Johannesburg-Erklärung der Staats- und Regierungschefs (The Johannesburg Declaration on Sustainable Development) verabschiedet (BMZ 2002). Dort wurde u.a. der Beschluss des Strategischen Plans der 6. Vertragsstaatenkonferenz, den Rückgang der Biodiversität nachhaltig bis 2010 zu reduzieren, aufgegriffen und bestätigt (CHM 2003b).

1.3 Bedeutung der genetischen Diversität

Durch das Übereinkommen über biologische Vielfalt ist auch die Wahrnehmung der genetischen Diversität im Themenfeld Biodiversität gestiegen. Genetische Diversität ist definiert als die Diversität der Gene innerhalb und zwischen Populationen einer Art, damit stellt sie die unterste Stufe der Biodiversität dar (EC CHM 2002b).

Die genetische Vielfalt innerhalb einer Art ermöglicht den Populationen freilebender Wildpflanzenarten eine überlebenswichtige, dynamische Reaktion auf sich ändernde Umweltbedingungen (z. B. Klimaänderungen), denn ohne genetische Variation kann es keine adaptive Evolution geben (BERNHARDT 1995; FISCHER & SCHMID 1998). Das hängt mit der Eigenschaft von Organismen zusammen, die in vielfältigen Ausprägungen existieren. Mit Ausnahme der Klone gleicht kein Organismus innerhalb einer Art dem anderen. Dieses äußere unterschiedliche Erscheinungsbild (Phänotyp) beruht auf der Verschiedenartigkeit des Erbgutes (Genotyp) der Organismen. Die Erbinformation aller Lebewesen ist in linearen Makromolekülen (DNA bzw. RNA) codiert, deren Grundbausteine (Nukleotide) vom Einzeller bis zu Tieren und Pflanzen identisch sind, aber

immens viele Kombinationsmöglichkeiten erlauben (BfN 1997). Unter evolutionärer Anpassung versteht man den Prozess, der durch Selektion die genetische Zusammensetzung einer Population so ändert, dass schließlich ein Zustand der Angepasstheit erreicht wird.

Genetische Diversität wird konventionell auch als Ergebnis von Mutationsmechanismen verstanden (DIERSSEN & KIEHL 2000). Neben den Mutationen sorgen die Rekombinationen für eine Differenzierung der Vielfalt. Hingegen bewirken Selektionsprozesse z.T. eine Verringerung der Diversität. Als Folge eines veränderten Selektionsdruckes kann es zu Veränderung der Genfrequenz einer Population kommen. Diesen Prozess bezeichnet man als genetische Drift. Vor allem kleine Populationen sind von dieser zufälligen Veränderung der Allel- und Genotypenfrequenz betroffen. Neben der genetischen Drift zählt OOSTERMEIJER (2000) auch den reduzierten Genaustausch als Folge von Isolation und Habitatfragmentierung zu den Gründen für den Verlust der genetischen Vielfalt. Den Austausch von genetischen Informationen von einer Population in die andere durch Pollen, Samen, Pflanzensporen etc. bezeichnet man auch als Genfluss (geneflow). Dadurch wird die genetische Variation innerhalb einer Population erhöht und zwischen den Populationen verringert. Je stärker der Genfluss zwischen den Populationen ist, desto mehr können die Populationen die Verluste an genetischer Variation im Laufe der Zeit wieder ausgleichen. Die Weitergabe der genetischen Information ist, von Ausnahmen abgesehen, nur zwischen den Individuen einer Art und nicht zwischen Vertretern verschiedener Arten möglich, damit ist die Population die Einheit der Evolution und Einheit der strukturellen Anpassung (UBA 1997). Weitere Faktoren, die die genetische Diversität von Populationen beeinflussen, sind die Fremdbestäubungsrate und der Diasporeneintrag (WINGENDER 2000).

Folgendes Beispiel veranschaulicht die Bedeutung der Anpassungsfähigkeit. In der ökologisch-genetischen Waldforschung (1982 – 1992) wurde herausgefunden, dass für die Sicherung der Anpassungsfähigkeit Waldbäume als langlebige und ortsfeste Organismen auf eine hohe genetische Vielfalt, sowohl auf der Ebene des Individuums, als auch auf der Ebene der Population, angewiesen sind. Versuche zeigten, dass Immissionen zu einer stark gerichteten Selektion führen, die insgesamt die genetische Vielfalt eingeengt. Immissionen steigern die Mortalität der Bäume. Die hieraus resultierende Reduktion der Populationsgröße führt zur genetischen Drift (Generosion), d. h. je kleiner die Populationsgröße ist, desto größer ist das Ausmaß der genetischen Drift. Da sie auf das ge-

samte Genom wirkt, stellt sie eine große Bedrohung der genetischen Vielfalt dar (UBA 1997).

Ähnlich wie bei einer ausgestorbenen Art der Verlust unwiederbringlich ist, so gilt auch für die genetische Vielfalt, dass eine einmal verlorengegangene Variante mit allergrößter Wahrscheinlichkeit nicht noch einmal entstehen wird (BLAB & KLEIN 1997; WBGU 2000).

Genetische Diversität als Ressource

Der russische Pflanzengeograph und -züchter Nikolai Vavilov (1887 - 1943) erforschte bereits um 1920 die genetische Vielfalt der Nutzpflanzen und sammelte systematisch Kulturpflanzensorten aus allen Teilen der Welt. Dabei fiel ihm auf, dass die Vielfalt nicht gleichmäßig verteilt war, Kartoffeln z. B. wuchsen zwar überall in Europa und Nordamerika, aber die größte Formenvielfalt fand sich in den Anden, da hier ihr natürlicher Ursprung liegt (ZADI 1997). Auf dem Weltkongress 1927 in Berlin sprach er über den „Vorrat an Genen“ und bezeichnete ihn als „Ressource“. In seinem Lehrbuch von 1935 entwickelte Vavilov die Theorie der Gen-Zentren für den Ursprung der Kulturpflanzen. Als Genzentrum einer Art wird dabei die Region bezeichnet, in der eine große genetische Vielfalt innerhalb dieser Art vorkommt (PIECHOCKI 2002b; WBGU 2000) (siehe Abb. 1).

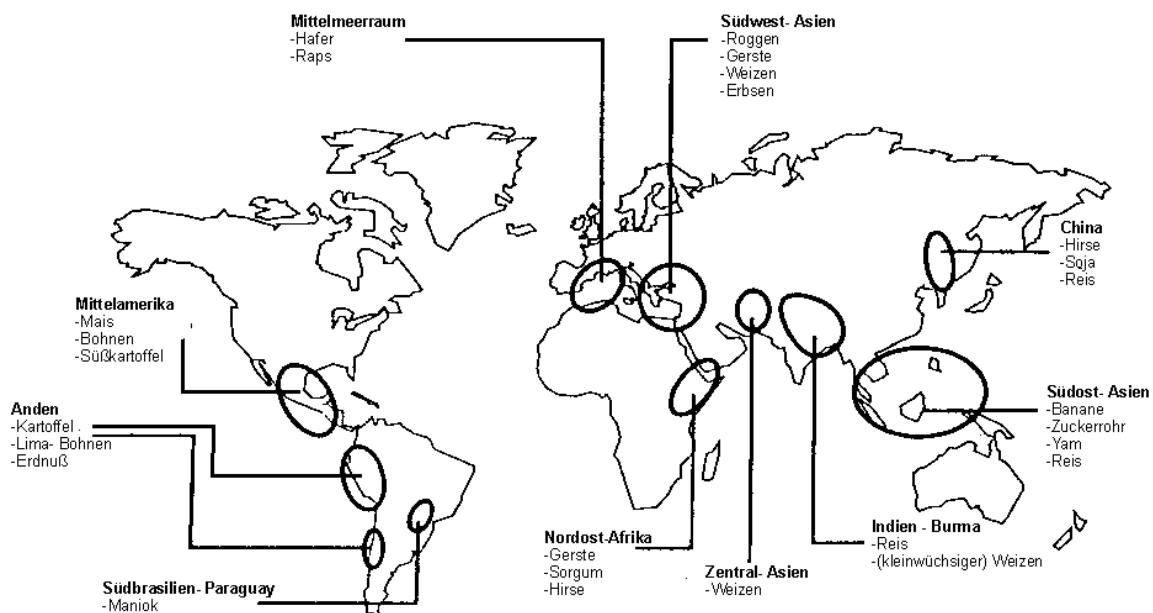


Abb. 1: Regionen ursprünglicher Herkunft der 20 wichtigsten Nahrungspflanzen auf der Welt nach Vavilov (HUBER 2001).

Der Begriff „genetische Ressourcen“ taucht erstmals 1959 in den Diskussionen der Food and Agriculture Organisation of the United Nations (FAO) auf und wurde dort auch 1967 durch Sir Otto H. Frankel durchgesetzt (PIECHOCKI 2002b). Im Sinne des Übereinkommens über Biologische Vielfalt (CBD) versteht man unter genetische Ressource die innerartliche genetische Variabilität von tatsächlichem oder potentiell Wert (UNEP 1992).

Bei der Bedeutung der biologischen Ressourcen müssen zwei Aspekte beachtet werden. Einmal der direkte Nutzwert in Form von Gütern (goods) und der indirekte funktionale Nutzwert als Dienstleistung (services) (UBA 2002; MC NEELY et al. 1990).

Zu den Gütern gehören Pflanzen, die als Nahrung oder Rohstoff genutzt werden, um nur ein Beispiel zu nennen. Hingegen zählen zu den Dienstleistungen Prozesse wie die Sauerstoffproduktion oder die Bindung von Kohlenstoff, die die Aufrechterhaltung der ökologischen Prozesse und der lebenserhaltenden Systeme auf der Erde gewährleisten. Der Wert, den die Ressourcen besitzen, wird über ihre Funktionen deutlich. Diese Funktionen können ökonomischer, ökologischer oder sozialer Natur sein (UBA 2002).

In der Land- und Forstwirtschaft und im Gartenbau spielen die genetischen Ressourcen als Grundlage der Züchtungsarbeiten im Nutzpflanzenbereich eine bedeutende Rolle. Man spricht in diesem Bereich auch von pflanzengenetischen Ressourcen. Es wird geschätzt, dass 10.000 Arten für die menschliche Ernährung nutzbar sind. Die Mehrheit der Weltbevölkerung nutzt davon tatsächlich nur 150 Arten (ESQUINAS-ALCÁZAR 2001), wovon wiederum nur 20 Kulturpflanzenarten ca. 90 % der Nahrungsmittel ausmachen (WBGU 2000). Die heutige pflanzliche Ernährung der Menschheit beruht zu über 50 % auf Weizen, Reis, Mais, und Kartoffeln (ZADI 1997). Dass eine geringe genetische Variabilität innerhalb der Kulturpflanzenarten zu erheblichen Ernteverlusten führen kann, zeigt folgendes Beispiel. In den Jahren zwischen 1845 und 1850 sorgte die Kraut- und Knollenfäule an der Kartoffel, hervorgerufen durch den Pilz *Phytophthora infestans*, für eine große Hungersnot in Irland. Das Problem war, dass alle damaligen Sorten, die eine sehr geringe genetische Variabilität aufwiesen, für diesen Pilz anfällig waren (FAO 1996).

Die FAO trägt zur Erhaltung der Vielfalt der pflanzengenetischen Ressourcen bei, um die Welternährung zu sichern. Auf der 4. Internationalen Technischen Konferenz über Pflanzengenetische Ressourcen 1996 in Leipzig hat die FAO auf der Basis eines ersten Weltzustandberichtes (Report on the State of the World's Plant Genetic Resources)

einen globalen Aktionsplan zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung der pflanzengenetischen Ressourcen (Global Plan of Action for the Conservation and Sustainable Utilisation of Plant Genetic Resources for Food and Agriculture) vorgelegt (ZADI 1997). Der Hauptteil des Weltzustandsberichtes besteht aus einer Analyse des Zustands der pflanzengenetischen Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft sowie der derzeitigen Effektivität ihrer Erhaltung, Entwicklung und Nutzung und der Kapazitäten für diese Zwecke (FAO 1996). Inzwischen gibt es nach langen Verhandlungen einen Internationalen Vertrag über pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft. Dieser wurde im November 2001 anlässlich der 31. FAO-Konferenz von den Mitgliedstaaten der FAO beschlossen. Zu den Zielen des Vertrages gehört neben dem nachhaltigen Schutz und der nachhaltigen Nutzung der pflanzengenetischen Ressourcen für die Sicherung der Welternährung auch die gerechte Aufteilung, der sich aus der Nutzung ergebenden Vorteile. Damit wurde der Vertrag auf die Konvention über Biologische Vielfalt abgestimmt (FAO 2001).

In den 1970er Jahren setzten internationale Bemühungen zur Bewahrung der pflanzengenetischen Ressourcen ein und da die Vielfalt auf sehr verschiedene Weise entstanden ist, kann sie auch nur auf vielfältige Weise erhalten werden (KLAFFENBÖCK 2001). Nach der Biodiversitätskonvention wird zwischen In-situ und Ex-situ-Erhaltung unterschieden. Dabei bedeutet In-situ-Erhaltung, Ökosysteme und lebensfähige Populationen von Arten in ihrer natürlichen Umgebung zu bewahren und wiederherzustellen (UNEP 1992). Hierbei sollen jedoch nicht nur einzelne Arten, sondern möglichst viele Arten einschließlich ihrer ökologischen Beziehungen zueinander, also ganze Lebensgemeinschaften erhalten werden (GÖRG et al. 1999). Unter On-farm Erhaltung versteht man eine Strategie zur In-situ Erhaltung von Agrobiodiversität durch gezielte Förderung einer Landwirtschaft, die sich durch große Vielfalt im Anbau auszeichnet (WBGU 2000). Die Erhaltung von Bestandteilen der biologischen Vielfalt außerhalb ihrer natürlichen Lebensräume wird unter Ex-situ-Erhaltung verstanden (UNEP 1992). Zu Ex-situ-Sammlungen gehören z. B. Botanische und Zoologische Gärten, Aquarien, Museen, Sammlungen der Agrarindustrie und Genbanken, in denen Saatgut aufbewahrt wird (BERNHARDT 1995). Diese Sammlungen von Pflanzenmaterial erfolgen nach GÖRG et al. (1999) einerseits zum Schutz vor dem völligen Verschwinden, andererseits für wissenschaftliche Zwecke, wie z. B. taxonomische und evolutionsbiologische Untersuchungen oder als Quelle neuer Eigenschaften für Züchter. Die Ex-situ-Erhaltung wird in

Deutschland von staatlicher Seite finanziert und in staatlich getragenen Institutionen durchgeführt (OETMANN-MENNEN 1999).

Die biologischen und damit verbundenen ökonomischen Gründe zur Erhaltung der genetischen Diversität wurden bereits diskutiert. Nach KONNERT (1998) sind aber auch ethische Gründe von Bedeutung. Die Ökosysteme sollten mit einer möglichst großen Artenvielfalt und genetischen Mannigfaltigkeit für kommende Generationen bewahrt werden und die Populationen und Arten möglichst unbeschadet weitergegeben werden.

1.4 Agrobiodiversität

Die Vielfalt aller Organismen in Agrarökosystemen und die Vielfalt dieser Systeme selbst, bezeichnet man als landwirtschaftliche biologische Vielfalt oder als Agrobiodiversität (WBGU 2000), d. h. sie ist als Teil der Biodiversität definiert. Die Agrobiodiversität ist für die Nachhaltigkeit und Stabilität der Agrarökosysteme und auch für die Pflanzenzüchtung und Biotechnologie von großer Bedeutung (WBGU 2000).

Die Landwirtschaft hat einen großen Teil der Vielfalt unserer Kulturlandschaft einmal selbst geschaffen. In Mitteleuropa würde ohne die landwirtschaftliche Flächennutzung der Wald, welcher nach GÖRG et al. (1999) einer geringeren Artenzahl Lebensraum bietet, als Vegetationsform dominieren. In der Zeit von 1700 - 1980 sind die Wälder der Erde flächenmäßig durch umfangreiche Rodungen um 20 % geschrumpft und die Ackerfläche um 500 % gewachsen (WBGU 2000). Zahlreiche Pflanzenarten fanden in den durch landwirtschaftliche Nutzung geschaffenen Offenland-Systemen geeignete Lebensräume und bereichern bis heute deren Flora (SUKOPP 1972). Agrarökosysteme werden also vom Menschen bewusst geschaffen und sind von anthropogenen Maßnahmen abhängig (ARLT & EGgers 1997).

Heute gilt die Landwirtschaft in Mitteleuropa jedoch als eine der Hauptverursacherinnen des Verlustes an biologischer Vielfalt (BAUR et al. 1997). Dies ist in Abbildung 2 am Beispiel der Pflanzenarten der Roten Liste dargestellt.



Abb. 2: Verursacher (Landnutzer und Wirtschaftszweige) des Artenrückgangs, angeordnet nach der Zahl der betroffenen Pflanzenarten der Roten Liste (KORNECK & SUKOPP 1988).

Von Bedeutung sind vor allem anthropogene Einflüsse auf die Populationen und ihre Wechselbeziehungen. Es kommt zum reduzierten Genfluss zwischen den Populationen als Folge von Isolation, welche durch Habitatzerstörung und -reduzierung entsteht (OOSTERMEIJER 2000). Dies ist z. B. auf landwirtschaftlich sehr intensiv genutzten Flächen der Fall, denn dort greift der Mensch in Ökosysteme ein. Nach WELLING (1997) zieht dieser Eingriff eine Veränderung der biologischen Vielfalt der Arten und der genetischen Vielfalt innerhalb der Arten nach sich. Das liegt unter anderem an der Intensivierung der Bewirtschaftungsmethoden. Für den Pflanzenbau bedeutet das eine starke Zunahme der Mechanisierung, die Vergrößerung der Schläge für die rationelle maschinengerechte Bearbeitung, die Einschränkung der Fruchtfolgen sowie der verstärkte Einsatz von Mineraldüngern und Pflanzenschutzmitteln (ARLT & EGGERS 1997). Hinzu kommt, dass im Anbau die Artenzahl pro Flächeneinheit gegenüber einer vergleichbaren unbearbeiteten Fläche geringer ist (WBGU 2000).

1.5 Segetalflora

Die Arten der Segetal- oder Ackerbegleitflora (auch Ackerunkräuter oder Ackerwildkräuter genannt) sind neben den angebauten Kulturpflanzen Bestandteil der Vegetation auf den Ackerflächen (FRANGENBERG 2001; RICHTER 2002). Der Begriff Segetalarten

leitet sich aus dem Lateinischen *segetalis*, zur Saat gehörig, *seges* = die Saat, ab. In den 1960er Jahren wurde der Begriff Ackerwildkraut geprägt, der auf die Verarmung der Segetalflora hinwies (ARLT et al. 1991).

Ein großer Teil der mitteleuropäischen Ackerwildkräuter haben ihren Ursprung vorwiegend im östlichen Teil des Mediterrangebietes. Vom östlichen Mittelmeer verbreitete sich die Kultur vieler Ackerpflanzen, insbesondere der Getreidepflanzen, über Südeuropa. Dabei wurden im Westen und Südwesten viele Pflanzensamen wie z. B. von Ackergauchheil (*Anagallis arvensis*) und der Kleinen Wolfsmilch (*Euphorbia exigua* L.) aufgenommen und drangen so nach Mitteleuropa ein. Von Osten und Südosten kamen nur wenige Arten direkt zu uns und diese erst als ein stärkerer Export von Getreide aus diesen Ländern nach Westen erfolgte (KOCHE 1970).

Ackerwildkrautgesellschaften sind dadurch gekennzeichnet, dass sie an die Bodenbearbeitung und die verschiedenen Fruchfolgen bzw. Kulturarten angepasst sind und sich aus dem im Boden vorhandenen Samenpotenzial immer wieder neu etablieren können. Die Diasporenbank des Bodens ist für die Erhaltung der Segetalflora daher von großer Bedeutung (FRANGENBERG 2001). Wenn der Samenvorrat im Boden nicht regelmäßig ergänzt wird, dann muss das Vorkommen charakteristischer Arten in Frage gestellt werden (ARLT & EGGLERS 1997). In den Agrarökosystemen bildet die Segetalflora die Nahrungsgrundlage für viele Phytophasen und dient damit ebenso deren entomophagen Gegenspielern. Viele Segetalarten sind auch für blütenbesuchende Insektenarten von Bedeutung (WELLING 1997). Des Weiteren können sie ein zum Kulturpflanzenbestand differenziertes Mikroklima schaffen und damit anderen Organismen als Habitat dienen. Die zusätzliche Pflanzendecke nutzen viele Tier- und auch Pflanzenarten als mechanischen Schutz (WERNER et al. 1999). Diese Funktionen der Ackerwildkräuter gehören in der Landwirtschaft nicht zum unmittelbaren Nutzen und gelten daher nach KNAUER (1995) als wirtschaftlich nicht relevant. Die Segetalarten werden deshalb als Unkraut angesehen, d. h. als Pflanzen, die vom Menschen dort nicht angebaut wurden (RICHTER 2002). Die Produktionsverfahren im Ackerbau sind auf die Optimierung der Wachstums- und Entwicklungsbedingungen für die Kulturpflanzen ausgerichtet. Da Unkräuter mit den Kulturpflanzen in Konkurrenz um Nährstoffe, Wasser und Licht stehen, die Pflege- und Erntearbeiten behindern und bei stärkerem Auftreten zu Ertragseinbußen führen können, werden sie bekämpft (RICHTER 2002). Die Ackerwildkräuter können Wirte oder Zwischenwirte für Krankheiten und Schädlinge sein, welche die angebauten

Kulturpflanzen befallen. Dabei wird jedoch nicht bedacht, dass diese Begleitflora als Lebensraum phytopathogener Organismen fungieren kann und damit die Kulturpflanzen selbst nicht mehr in dem Maße geschädigt werden (FRANGENBERG 2001).

Laut KNAUER (1995) findet eine Verarmung der Segetalflora auf den Äckern statt. Im Jahr 1950 hat ELLENBERG (1950) noch ca. 350 Pflanzenarten der Begleitflora auf den Äckern in Mitteleuropa beschrieben. Seitdem sind ca. 16 Arten ausgestorben oder verschollen und 82 gelten als existenzgefährdet (RICHTER 2002). Infolge der Intensivierung des Ackerbaus, vor allem durch den Einsatz neuer Techniken, wurde die Ackerbegleitflora in den letzten Jahrzehnten zugunsten des Ertrages stark zurückgedrängt (WELLING 1997). Untersuchungen zeigen, dass nicht nur die Abundanz, sondern auch die Artenvielfalt der Segetalflora entscheidend von der Art der Ackernutzung beeinflusst wird. Je intensiver die Nutzung ist, desto geringer ist auch die Artenvielfalt (z. B. OESAU 2002). Für die stetige Verminderung des Artenreichtums unserer Äcker wird vor allem der großflächige Herbicideinsatz verantwortlich gemacht. Weitere wesentliche Faktoren sind der verstärkte Einsatz von Mineraldüngern, verbesserte Saatgutreinigungsmethoden, umfangreiche Meliorationsmaßnahmen, Schlagvergrößerungen für eine rationelle maschinengerechte Bearbeitung und die Beseitigung von Kleinstrukturen. Aber auch die zunehmende Monotonie der Fruchfolgen, dichtere Bestände und veränderte Saat- und Bearbeitungstermine haben die Lebensbedingungen für die Zönosen der Agrarlandschaften seit dem Beginn des 20. Jahrhunderts zum Teil drastisch verschlechtert (RICHTER 2002; WERNER et al. 1999; ARLT & EGgers 1997).

Seitdem der Rückgang der Vielfalt von Ackerwildkrautpopulationen in den Agrarökosystemen als ein Problem erkannt wird, gibt es zahlreiche Untersuchungen zum Einfluss der Intensität der Nutzung auf die Artenvielfalt. Die Landesanstalt für Pflanzenbau und Pflanzenschutz in Mainz (1997) hat z. B. konventionelle, integrierte, ökologische und extensive Bewirtschaftungsverfahren mit einjährigen Brachen und Ackerrandstreifen hinsichtlich der Artenanzahl und -vielfalt auf diesen Flächen untersucht. HILBIG (1997) hat die Auswirkungen verschiedener Extensivierungsprogramme auf die Segetalvegetation analysiert und dabei festgestellt, dass die verschiedenen Varianten unterschiedlich zur Erhaltung einer artenreichen Ackerwildkrautflora der Äcker beitragen. Neben diesen und vielen anderen Untersuchungen, die sich ausschließlich mit der Artenvielfalt beschäftigen, gibt es aber auch Analysen, welche die genetische Vielfalt der Ackerwildkrautpopulationen betrachten. Zur Zeit beschäftigt sich ein Projekt an der Universität in

Gießen mit der genetischen Diversität von Ackerwildkrautpopulationen auf Standorten unterschiedlicher Nutzungsgeschichte (SCHUBERT et al. 2000). Hier werden Fitness und phänotypische Eigenschaften bei *Arabidopsis thaliana* und *Viola arvensis* auf ihre Beziehungen zur genetischen Diversität untersucht.

1.6 Problem- und Zielstellung

Die genetische Vielfalt innerhalb von Arten und deren Populationen bildet die Grundvoraussetzung für die Anpassungsfähigkeit an sich ändernde Umweltbedingungen (z. B. FISCHER & SCHMID 1998), für die langfristige Evolutionsfähigkeit der Art und für eine höhere Fitness der Individuen oder Populationen (BAUR & SCHMID 1996). Sie ist damit für das Überleben von Arten und Populationen über evolutionäre Zeiträume von großer Bedeutung. Eine intensive genetische Verarmung kann durch eine stark verminderte Fortpflanzungsfähigkeit (Fitness) zum weiteren Rückgang von Populationen bis hin zum Aussterben führen (TIEDEMANN 2000). Der Verlust der Populationen kann nach STEFFAN-DEWENTER & TSCHARNTKE (1999) die Stabilität der Ökosysteme negativ beeinflussen, da die Gen- und Artenverluste unwiederbringlich sind (WBGU 2000).

Einleitend wurde in dieser Arbeit die Bedeutung der genetischen Vielfalt als eine der Ebenen der Biodiversität betrachtet und im politischen Kontext dargestellt.

Zudem wurde besonders die Ebene der genetischen Vielfalt in Agrarökosystemen betrachtet. Ziel der Diplomarbeit war die Darstellung der genetischen Diversität und Variabilität insbesondere anhand von ausgewählten Ackerwildkrautpopulationen am Beispiel der Segetalart *Euphorbia exigua* L. (Kleine Wolfsmilch). Dazu wurde die art- und standortspezifische Diversität an ausgewählten Populationen untersucht. Die Populationen befinden sich in unterschiedlichen Gebieten Nordostdeutschlands: in der Uckermark, in der Schorfheide und in der Märkischen Schweiz. Es wurde geprüft, inwiefern diese geographische Entfernung einen Einfluss auf die genetische Diversität der Populationen dieser Art besitzt. Des Weiteren sollte untersucht werden, wie die Nutzung der Flächen die genetische Diversität der Populationen beeinflusst. Daher wurden die Standorte so gewählt, dass sie für die Art möglichst optimale Bedingungen bieten, aber einer unterschiedlichen Form der Bewirtschaftung unterliegen.

Zur Charakterisierung der Standorte wurden Bodenparameter erfasst und Vegetationsaufnahmen vorgenommen.

Die Bearbeitung der Fragestellungen erforderte eine Differenzierung aller Individuen der Untersuchungsstandorte. Aus rein morphologischen Gesichtspunkten sind die Individuen nicht differenzierbar, daher erfolgte eine Untersuchung mit Hilfe eines molekulargenetischen Verfahrens¹. Stellvertretend für das gesamte genetische Material eines Organismus (Genom) werden hierbei einzelne Genorte (Loci) analysiert. Für die untersuchte Art sind keine genetischen Klassifizierungsmethoden beschrieben, daher wurde zunächst eine geeignete Methodik etabliert. Für die Analyse der genetischen Diversität wurde die AFLP (amplified fragment length polymorphism)-Technik (VOS et al. 1995) genutzt, da diese DNA-basierte Fingerprint-Technik sehr gut zur Differenzierung und Klassifizierung von Individuen geeignet ist (ELIAS et al. 2000). Die Klassifizierung ist nötig, um genetische Ähnlichkeiten zwischen den Individuen und Populationen sichtbar zu machen. Schließlich wurden Diversitätsparameter abgeleitet, um die genetische Diversität der Populationen darzustellen und zu bewerten.

2 Material und Methoden

2.1 Charakterisierung von *Euphorbia exigua* L.

Für die Untersuchungen wurde die Kleine Wolfsmilch (*Euphorbia exigua* L.) ausgewählt, weil sie ein typischer Vertreter der Segetalflora ist. Des Weiteren war für die Fragestellung dieser Arbeit das Vorkommen der Art von besonderer Bedeutung. Die Kleine Wolfsmilch kommt im Untersuchungsgebiet mit mittlerer Häufigkeit vor, so dass räumlich getrennte Populationen zu finden sind. Von *Euphorbia exigua* L. liegt eine aktuelle Verbreitungskarte in der Datenbank der Zentralstelle der Floristischen Kartierung vor, welche vom Bundesamt für Naturschutz unterhalten wird (Abb. 3). Die Rasterkartierung macht deutlich, dass in Deutschland das Hauptverbreitungsgebiet in Mittel- und Süddeutschland liegt. Im Land Brandenburg ist das Vorkommen geringer.

¹ Molekulare Verfahren ermöglichen die Abschätzung von genetischer Variabilität und genetischem Austausch innerhalb und zwischen Populationen freilebender Organismen (molekulare Populationsgenetik).

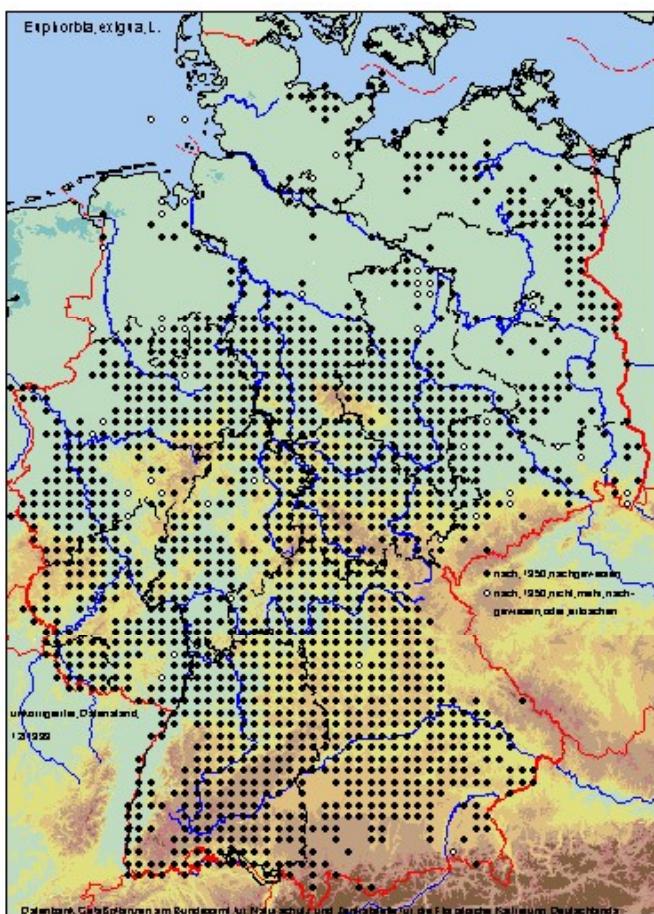


Abb. 3: Verbreitungskarte von *Euphorbia exigua* L. (Kleine Wolfsmilch) in Deutschland. Datenbank Gefäßpflanzen der Zentralstelle für Phytodiversität am Bundesamt für Naturschutz (BfN) – Datenbestand 12/1999.

- nach 1950 nachgewiesen,
- nach 1950 nicht mehr nachgewiesen oder erloschen.

Euphorbia exigua L. ist in die meridionale und die nördlich temperate Klimazone einzurichten (BfN 2002). Nach KÄSTNER et al. (2001) wird die nördliche und östliche Ausbreitungsgrenze durch die Anforderungen der Art an eine lange warme Vegetationsperiode (> 100 Tage mit $> 10^{\circ}\text{C}$ im Mittel) und milde Winter (Januar-Mittel $> -3^{\circ}\text{C}$) bestimmt. In Skandinavien gilt die Kleine Wolfsmilch als Neophyt.

Die Kleine Wolfsmilch (*Euphorbia exigua* L.), von lat. *exiguus* = klein, unansehnlich nach SAUER (1969), gehört zur Familie der *Euphorbiaceae* (Wolfsmilchgewächse), deren Arten Kräuter oder Stauden sind und meist Milchsaft enthalten (RAUH 1983). Sie ist eine zierliche einjährige Pflanze, die meist 5-10 cm, manchmal bis 20 cm groß wird (SAUER 1969) und eine dünnspindelige Wurzel ausbildet (HEGI 1975) (Abb. 4 und 5).



Abb. 4: *Euphorbia exigua* L. von HAEUPLER & MUER 2000 aus dem "Bildatlas der Farn- und Blütenpflanzen Deutschlands".

Ein wesentliches ökologisch-morphologisches Merkmal bei Pflanzen ist die Lage ihrer Überwinterungsorgane zur Erdoberfläche. Danach gehört *Euphorbia exigua* L. zu den Therophyten, d. h. zu den kurzlebigen sommerannuellen Kräutern, die den Winter als Samen überdauern (ELLENBERG et al. 1992; KÄSTNER et al. 2001). Auch SCHNEIDER et al. (1997) zählen *Euphorbia exigua* L. zu den annuellen Pflanzen, d. h. zu den Arten, die ihren Lebenszyklus innerhalb eines Jahres durchlaufen. Sie können sich dabei auf eine einzige Vegetationsperiode beschränken oder aber ihre Entwicklung bereits im Vorjahr beginnen. Nach SCHNEIDER et al. (1994) gehört *Euphorbia exigua* L. zu den Arten, die ihre Entwicklung im Herbst beginnen und im Winter unterbrechen. Der Schwerpunkt der Entwicklung befindet sich aber erst im Mitt- und Spätfrühling, dabei liegt das Verhältnis von Herbst- zu Frühjahrskeimung bei 2:8. *Euphorbia exigua* L. blüht von Ende Mai bis zum Spätherbst (SAUER 1969). Die Blüten sind grünlich-gelb (HOLZNER 1981).

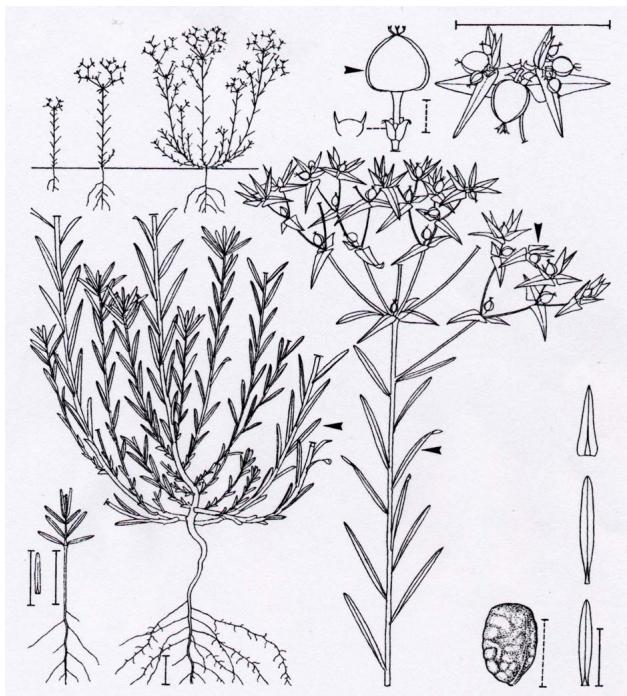


Abb. 5: Habitus von *Euphorbia exigua* L. nach KÄSTNER et al. (2001).

Der Bestäubungsmodus hat einen wesentlichen Einfluss auf den Austausch von Erbinformationen zwischen Pflanzen. Er kann durch oder ohne ein Medium erfolgen (Fremd- oder Selbstbestäubung) aber auch völlig zurückgebildet sein. Bei *Euphorbia exigua* L. liegt Insektenbestäubung (Zoogamie) vor (ROTHMALER 1996; BfN 2002). Nach CREMER et al. (1991) erfolgt die Bestäubung von *Euphorbia exigua* L. durch Fliegen (siehe auch Abb. 6).



Abb. 6: Blüten und Früchte (dreiteilige Spaltkapsel) von *Euphorbia exigua* L. (HORAK & HORAK 2002).

Euphorbia exigua L. braucht kalkhaltigen, nährstoffreichen Lehm- und Tonboden in Lagen mit sommerwarmem Klima. Die Kleine Wolfsmilch ist hauptsächlich in Getreideäckern, auf Stoppelfeldern und an Wegrändern zu finden. Sie besiedelt jedoch auch Ödland (AICHELE & SCHWEGLER 1995; RAUH 1983). Wie dominant eine Pflanze an

einem Wuchsplatz auftritt, ist vor allem von ihrer Konkurrenzkraft, ihrer Vermehrungsweise und Wuchsform abhängig. Die Dominanz gibt daher eine Vorstellung von der lokalen Bestandsdichte. Nach ELLENBERG et al. (1992) gehört *Euphorbia exigua* L. zu den Arten, die vereinzelt oder in kleinen Gruppen auftreten. Die Hemerobiestufe gibt an, in wie stark von Menschen beeinflussten Ökosystemen eine Pflanze ihren Schwerpunkt hat ("Kulturabhängigkeit" einer Art). Diese Angaben können daher als Zeigerwerte für den menschlichen Einfluss auf einen Standort betrachtet werden. *Euphorbia exigua* L. gehört zur Gruppe der alpha-euhemerothen Arten, da sie unter starkem menschlichen Einfluss steht (BfN 2002). Arten können in einem Gebiet unterschiedlich lange und unterschiedlich fest etabliert bzw. eingebürgert vorkommen. *Euphorbia exigua* L. gehört zu den Archäophyten, d. h. zu den alteingebürgerten Arten, die vor 1492 mit Beginn des Feldbaus aus Vorderasien und den mediterranen Gebieten eingeschleppt und verbreitet worden sind. Die Arten dieser Pflanzengruppe werden in ihrer Bindung hauptsächlich auf Äcker und Gärten beschränkt bleiben (KÄSTNER et al. 2001; ARLT et al. 1991). Für die Besiedlung neuer und die Behauptung in bestehenden Lebensräumen sind das Konkurrenz- und Anpassungsverhalten einer Art von entscheidender Bedeutung. Einjährige Unkräuter wie *Euphorbia exigua* L. gehören zu den Ruderalstrategen. Das sind Arten mit geringem Biomassezuwachs und geringer Konkurrenzkraft, aber mit Anpassungen an extreme Standortbedingungen (z. B. hoher Kalkgehalt), so dass sie dort nicht von anderen Arten bedrängt werden (BfN 2002). Die Ausbreitung kann ohne oder durch ein Medium erfolgen (Selbst- oder Fremdausbreitung). *Euphorbia exigua* L. breite sich selbst aus (Autochorie) oder wird von Ameisen ausgebreitet (Myrmecochorie) (BfN 2002). Die Selbstausbreitung erfolgt ballochor, d. h. die Samen werden aus den aufspringenden Kapseln explosionsartig bis zu einem Meter weit herausgeschleudert (KÄSTNER et al. 2001). Pro Pflanze werden durchschnittlich 100 Samen gebildet (CREMER et al. 1991).

Die Ausbreitung von *Euphorbia exigua* L. auf Ackerflächen wird unter anderem durch die mechanische Unkrautbekämpfung beeinflusst. Mit Hilfe der Egge, die selektiv wirkt und nach KOCH (1970) häufig nach Auflaufen von Getreide eingesetzt wird, werden Ackerunkräuter vorwiegend durch Verschütten und nur in geringem Umfang durch Herausreißen vernichtet. *Euphorbia exigua* L. wird im Keim- und 2-Blatt-Stadium zu 80-100 % vernichtet. Das liegt daran, dass die Samen klein sind und in geringerer Tiefe keimen als z. B. *Avena fatua* (Flughafener) oder *Galium aparine* (Klettenlabkraut) (KOCHE 1970). Da das Diasporenengewicht sehr gering ist (< 1,5 mg), liegt die optimale Auflauf-

tiefe von *Euphorbia exigua* L. nach SCHNEIDER et al. (1994) sehr flach im Boden bei 0,2 cm (maximale Auflauftiefe 3 cm).

Nach der Roten Liste ist die Kleine Wolfsmilch im Land Brandenburg der Kategorie 2 (stark gefährdet) zugeordnet. Das bedeutet, dass es nur noch kleine Bestände gibt, die aufgrund gegebener oder konkreter, absehbarer Eingriffe aktuell bedroht sind. Dies trifft nicht für alle Bundesländer zu. In Mecklenburg-Vorpommern beispielsweise ist *Euphorbia exigua* L. lediglich gefährdet (Kategorie 3) hingegen in Schleswig-Holstein ist sie vom Aussterben bedroht (Kategorie 1) (BENKERT & KLEMM 1993). Das heißt, dass diese Art auch aus naturschutzfachlicher Sicht relevant ist und daher in dieser Arbeit untersucht wurde.

2.2 Beschreibung der Untersuchungsgebiete

Die Untersuchungsgebiete liegen im Landschaftsraum des Nordostdeutschen Tieflandes. Die Untersuchungsstandorte befinden sich in der nördlichen Uckermark bei Prenzlau, in der südlichen Uckermark im Biosphärenreservat „Schorfheide-Chorin“ und im Naturpark „Märkische Schweiz“ (Abb. 7).

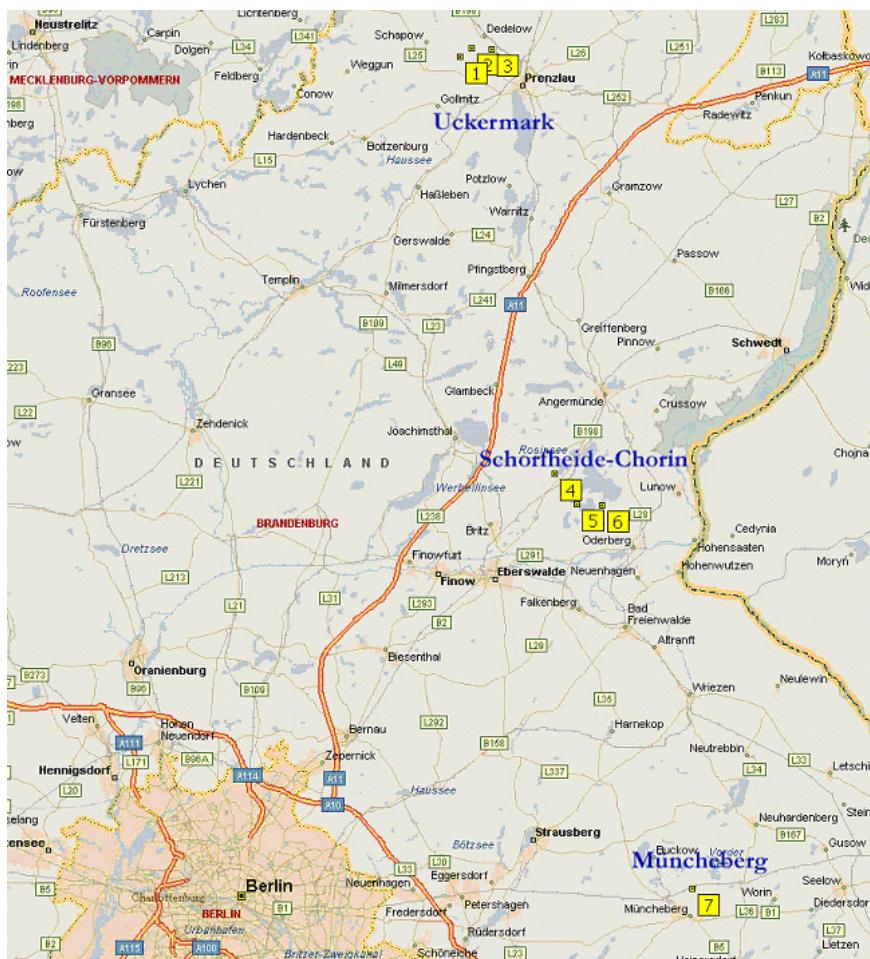


Abb. 7: Lage der sieben untersuchten Populationen von *Euphorbia exigua* L. im Nordosten des Landes Brandenburg. 1=Gs, 2=Ms, 3=Us, 4=Ss, 5=Gr, 6=Mb, 7=Mü.

2.2.1 Uckermark

Das erste Untersuchungsgebiet liegt ca. 100 km nord-nordöstlich von Berlin in der nördlichen Uckermark westlich von Prenzlau im Landkreis Uckermark zwischen den Ortschaften Dedelow und Güstow. Die Bezeichnung „Uckermark“ ist zurückzuführen auf die slawischen Ukranen, die im 6./7. Jahrhundert n.Chr. das Gebiet besiedelten. Nach ihnen nannte man das Land später „Terra Ukera“ woraus später der Begriff „Uckermark“ abgeleitet wurde (SCHMITZ 2003).

Nach SCHULTZE 1955 gehört das Gebiet zur Gruppe der naturräumlichen Haupteinheiten *Rückland der mecklenburgischen Seenplatte*. Nach der zonalen Landschaftsgliederung von MARCINEK & ZAUMSEIL (1993) liegt das Gebiet in der Zone *Ückerbecken und Randplatten* (siehe Abb. 8). SCHULTZE (1955) und SCHOLZ (1962) hingegen bezeichnen den Naturraum beiderseits der oberen Ücker als *Uckermärkische Lehmplatte*.

Die Oberfläche dieser Landschaft wurde vor allem durch die Weichseleiszeit, die vor ca. 15.000 Jahren vor unserer Zeit endete, geformt.

Nach SCHULTZE (1955) und SCHOLZ (1962) ist die Uckermark durch die weitverbreiteten Lehme und sandigen Lehme der flachwelligen bis flachhügeligen Grundmoränenplatten gekennzeichnet, wobei um Prenzlau auch Sandböden vorkommen. Auf ihnen entwickelten sich wenig bis mäßig gebleichte braune Waldböden. Die Böden verfügen über ein gutes Puffervermögen und eine geringe N-Auswaschungsgefahr (ZALF 2002). Die Uckermark ist durch den höchsten Anteil der als gut bis sehr gut für die Landwirtschaft eingestuften Böden und durch die besten Ertrags- und Einkommenspotentiale innerhalb Brandenburgs charakterisiert. Die Ackerbauliche Nutzung variiert in Abhängigkeit von den Ackerzahlen, die sich zwischen 35 und 50 befinden. Hauptsächlich werden Weizen und Zuckerrüben angebaut (SCHULTZE 1955).

Während die ursprüngliche natürliche Vegetation durch Waldgesellschaften wie Buchen-Traubeneichenwälder gekennzeichnet war, ist die Region heute bis auf einige Kiefernforsten fast waldfrei (SCHULTZE 1955). Die meisten größeren Niederungen stellen heute Grünland dar, wobei auch hier der Baumbestand oft sehr gering ist (SCHOLZ 1962).

Nach SCHULTZE (1955) gehört das Gebiet zum südöstlichen Trockenraum, wo der maritime Einfluss kaum mehr spürbar ist. Der kontinentale Charakter wird durch die niedrigen Winter- und die hohen Sommertemperaturen deutlich. Die Jahresmitteltemperatur liegt bei 8 °C und die Jahressumme der Niederschläge beträgt 500-600 mm.

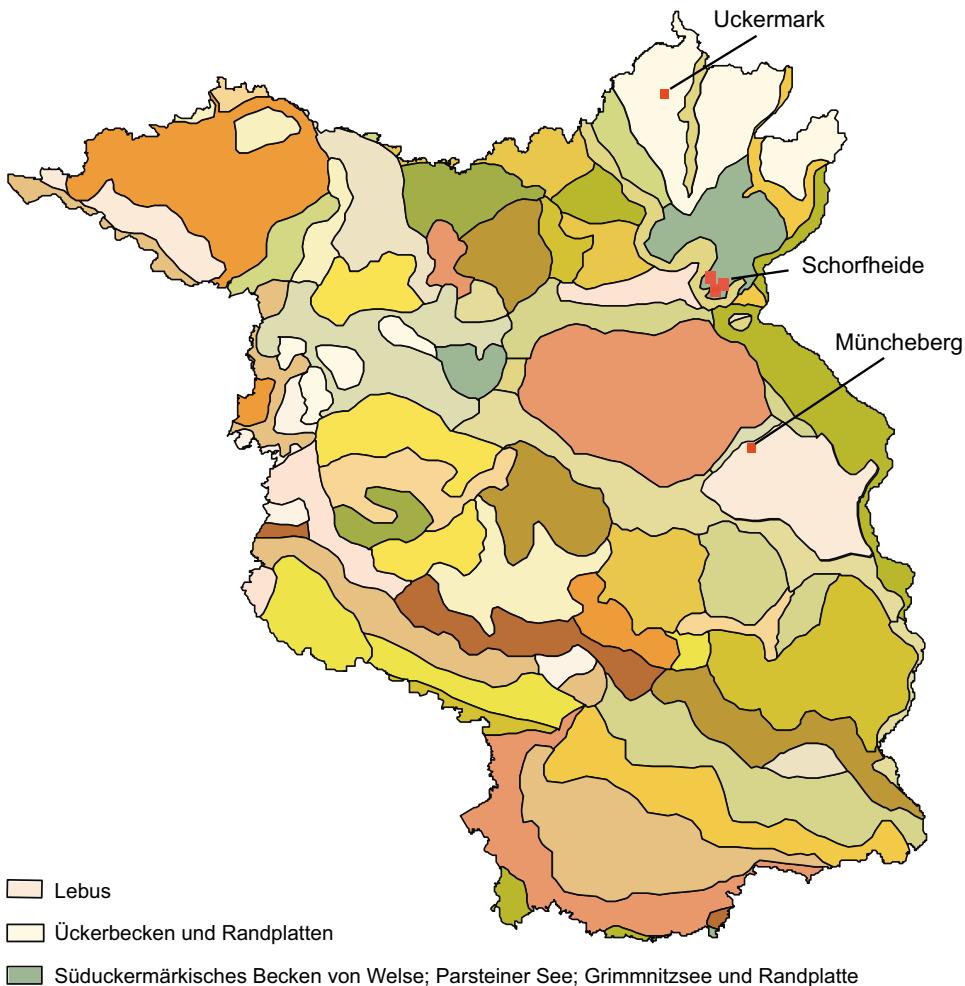


Abb. 8: Zonale Landschaftsgliederung im Raum Brandenburg und Berlin nach MARCINEK & ZAUMSEIL (1993)

2.2.2 Schorfheide

Das zweite Untersuchungsgebiet befindet sich in der südlichen Uckermark im Landkreis Barnim südwestlich des Parsteiner Sees in der Nähe von Brodowin. Das Gebiet liegt in dem von der UNESCO als Landschaftsschutzgebiet ausgewiesenen Biosphärenreservat „Schorfheide-Chorin“. Das 1990 gegründete Biosphärenreservat ist mit 129.161 ha eines der größten Schutzgebiete Deutschlands (MLUR 2001). Das Untersuchungsgebiet befindet sich wie die gesamte Gemarkung Brodowin in der landwirtschaftlich genutzten harmonischen Kulturlandschaft der Schutzzone III des Biosphärenreservates (ISERMANN-KÜHN 1996; FESER 1996).

Das Gebiet gehört ebenfalls zur Gruppe der naturräumlichen Haupteinheiten *Rückland der mecklenburgischen Seenplatte* und liegt auf dem südlichen Teil der Uckermärker Lehmplatte, die vom nördlichen Bereich durch das Uckermärker Kuppen- und Hügel-

land getrennt ist (SCHULTZE 1955). Nach MARCINEK & ZAUMSEIL (1993) ordnet sich das Untersuchungsgebiet in die Zone *Süduckermarkisches Becken von Welse, Parsteiner See, Grimmnitzplatte und Randplatte* ein (Abb. 8). Die Oberflächengestalt wurde vor allem durch das Pommersche Stadium, ein Rückzugsstadium der Gletscher der Weichseleiszeit, die vor ca. 15.000 Jahren vor unserer Zeit endete, geformt. Die eigentliche Schorfheide liegt auf einer ausgedehnten Sanderfläche (EBERT et al. 2001), während die Untersuchungsstandorte schon zur kuppigen Grundmoränenlandschaft der Uckermark gehören. Zu den Bodentypen auf den Grundmoränen gehören Sandbraunerden, Tieflehm, Fahlerden, Parabraunerden und Sand- bzw. Lehmrendzinen (LAGS 2003).

Das Klima ist stark subkontinental geprägt, d. h. das Frühjahr dieser Region erwärmt sich relativ rasch, die Sommer sind heiß und die Winter relativ kalt. Die Niederschläge schwanken zwischen 500 und 560 mm pro Jahr (LAGS 2003).

2.2.3 Märkische Schweiz

Das dritte Untersuchungsgebiet befindet sich ca. 50 km östlich von Berlin im Landkreis Märkisch-Oderland in der Nähe von Müncheberg. Dieses Gebiet liegt im Naturpark „Märkische Schweiz“. Nach SCHOLZ (1962) und MARCINEK & ZAUMSEIL (1993) wird der hier betrachtete Standort der naturräumlichen Einheit *Lebuser Platte* oder *Lebusplatte* zugeordnet (Abb. 8). Die Lebusplatte ist die naturräumliche Untereinheit der *Ostbrandenburgischen Platte* (SCHULTZE 1955) und gehört damit zum Jungmoränenland des Norddeutschen Flachlandes (SCHOLZ 1962). Es handelt sich dabei um eine flachwellige Grundmoränenplatte, wobei besonders der Raum um Müncheberg durch stärkere Sanderschüttungen geprägt ist. Die Oberflächengestaltung erhielt diese Landschaft vor allem durch das weichselglazialzeitliche Inlandeis zur Zeit des Frankfurter Stadiums (SCHOLZ 1962). Am geologischen Aufbau der Ostbrandenburgischen Platte haben vor allem jungpleistozäne Geschiebelehme und Geschiebesande einen großen Anteil (SCHOLZ 1962). Auf der Lebuser Platte herrschen Sand- und lehmige Sandböden vor, wobei schwach gebleichte rostfarbene und braune Waldböden (Podsole und Braunerden) mäßiger Güte auftreten (SCHULTZE 1955). Die Lebusplatte wird heute vorwiegend auf den Grundmoränenflächen, welche stark entholzt sind, ackerbaulich genutzt (SCHULTZE 1955; SCHOLZ 1962).

Zu den natürlichen Waldgesellschaften gehörte der Traubeneichenwald. Heute ist die Märkische Schweiz und die Lebusplatte vorwiegend mit Kiefern- und Robinienforsten

bewaldet (SCHULTZE 1955; SCHOLZ 1962). Die Region gehört zum Mecklenburgisch-Brandenburgischen Übergangsklima (SCHOLZ 1962) mit einer durchschnittlichen Jahresniederschlagssumme von 510-570 mm und einer Jahresmitteltemperatur bei 7,5-8,5 °C SCHULTZE (1955).

2.3 Probenahme

2.3.1 Probenahmestrategie

Die Auswahl der Probeflächen erfolgte so, dass eine Betrachtung der genetischen Diversität und Variabilität auf verschiedenen geographischen Ebenen möglich ist. Für die Erfassung der genetischen Diversität zwischen verschiedenen Regionen wurden drei Untersuchungsgebiete mit einer größeren räumlichen Distanz ausgewählt. Alle Standorte liegen im Land Brandenburg. Das erste Untersuchungsgebiet befindet sich in der nördlichen Uckermark nordwestlich von Prenzlau. Ungefähr 50 km weit entfernt in der südlichen Uckermark liegt das zweite Untersuchungsgebiet. Diese Flächen befinden sich im Biosphärenreservat „Schorfheide-Chorin“ in der Nähe von Brodowin. In der weitere 45 km entfernten „Märkischen Schweiz“ befindet sich der letzte Untersuchungsstandort bei Müncheberg. Die untersuchten Regionen werden der Einfachheit halber im Folgenden als *Uckermark*, *Schorfheide* und *Müncheberg* bezeichnet (Abb. 9).

Die zweite Ebene der Betrachtung erfolgte zwischen Populationen, die klar voneinander abgegrenzt sind (mindestens ein anderer Schlag), aber eine geringere Entfernung zueinander haben als die genannten Regionen. Dafür wurden in der Uckermark und in der Schorfheide je drei Populationen von *Euphorbia exigua* L. ausgewählt, die einen Abstand von 0,5 bis zu 6 km zueinander haben. Als Referenzfläche wurde eine weitere Population in der Märkischen Schweiz ausgewählt.

Für die Betrachtung der genetischen Diversität innerhalb der Populationen wurden in den Untersuchungsgebieten von jeder Population je 20 Pflanzen zufällig ausgewählt. Von der Population Us in der Uckermark ergaben nur 8 Individuen genug Blattmaterial für die genetischen Analysen. Bei der Auswertung muss auf diesen Unterschied geachtet werden. Damit ergab sich für die populationsgenetischen Untersuchungen ein Probenumfang von insgesamt 128 Individuen.

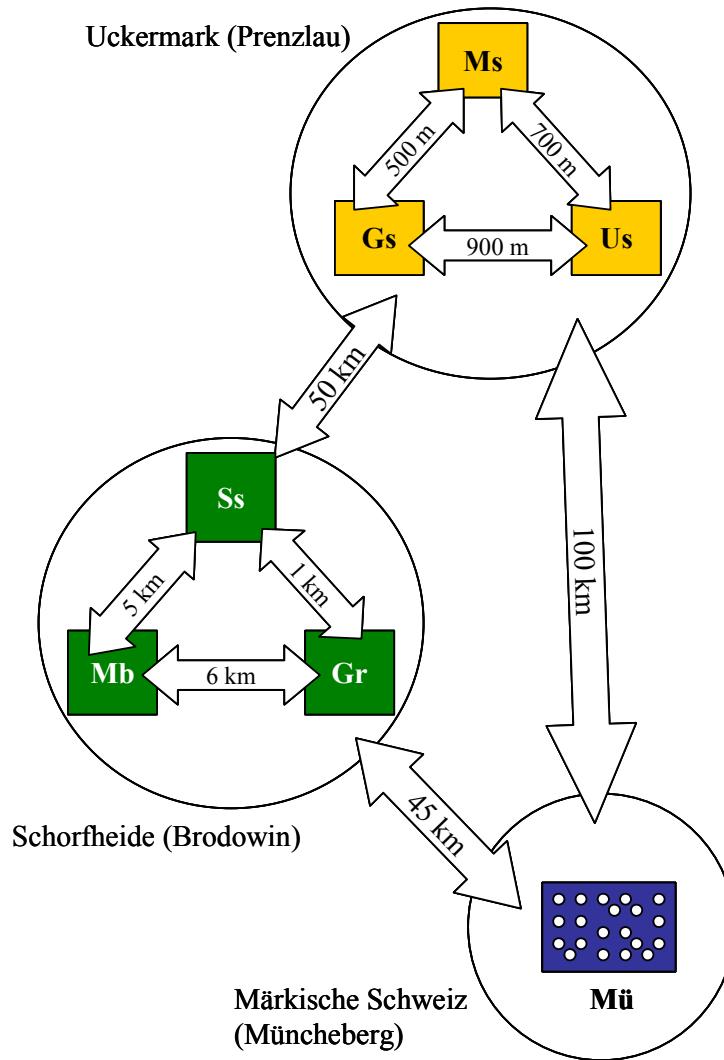


Abb. 9: Schematische Darstellung der Probenahmestrategie. Die Abkürzungen der Flächen sind in Tab. 2 dargestellt. Die Entfernungswerte sind hier gerundet abgebildet; für exakte Werte siehe Tab. 3 auf Seite 41.

Ein weiteres Kriterium bei der Flächenauswahl war die unterschiedliche Art der Nutzung. Entsprechend der Untersuchungsregionen werden die drei Nutzungstypen extensiver Ackerbau, Ökolandbau und eine spezifische Form der kleinflächigen Stilllegung unterschieden. Eine genaue Charakterisierung der Flächen erfolgt im Kapitel 3.1.4.

In der folgenden Tabelle sind die Abkürzungen der untersuchten Populationen, so wie sie in dieser Arbeit verwendet wurden und die entsprechende Bewirtschaftungsform und die Größe der Probeflächen angegeben.

Tab. 2: Untersuchte Populationen von *Euphorbia exigua* L.

Abkürzung	Name der Lokalität	Region	Bewirtschaftung der Probefläche	Größe der Probefläche	Probenanzahl
Gs	GuS 23.2	Uckermark	kleinflächige Stilllegung	2 x 5 m (10 m ²)	20
Us	GuS 06	Uckermark	kleinflächige Stilllegung	0,5 x 10 m (5 m ²)	8
Ms	GuS 07	Uckermark	kleinflächige Stilllegung	0,5 x 4 m (2 m ²)	20
Ss	Seeschlag	Schorfheide	biologisch-dynamisch	10 x 10 m (100 m ²)	20
Mb	Marktberg	Schorfheide	biologisch-dynamisch	10 x 10 m (100 m ²)	20
Gr	Großer Rummelsberg	Schorfheide	biologisch-dynamisch	4 x 25 m (100 m ²)	20
Mü	Müncheberg (Bauer Koppe)	Märkische Schweiz	traditionelle Landwirtschaft	4 x 5 m (20 m ²)	20

2.3.2 GPS-Vermessung der Probepunkte

Alle Probeflächen wurden mittels GPS² (global positioning system) vermessen, um ihre geographischen Distanzen genau berechnen zu können. Die Daten wurden im geographischen Informationssystem (GIS) aufbereitet und dienen als Grundlage für die Zuordnung der Untersuchungsstandorte zu den entsprechenden Landschaftsräumen. Die erfassten x und y-Koordinaten dienten als Basis für die Erstellung der geographischen Distanzmatrix.

2.3.3 Pflanzenmaterial und Vegetationsaufnahmen

Die gesammelten Pflanzenproben wurden gekühlt vom Feld ins Labor gebracht, um zu vermeiden, dass das Blattmaterial austrocknet. Pro Pflanze wurden 50 mg frisches Blattgewebe abgewogen und bei -70 °C tiefgekühlt bis zum weiteren Gebrauch gelagert.

Von allen sieben Probeflächen wurden Vegetationsaufnahmen vorgenommen. Das heißt, von diesen Flächen wurden die vorgefundene Artenzusammensetzung (qualitativ) und die Mengenbeteiligung (quantitativ) erfasst (PASSARGE 1999). Die einzelnen Arten

² Der Begriff Globales Positionierungssystem (GPS) wird heute als Oberbegriff für alle Satellitenpositionierungsverfahren genutzt.

wurden mit Hilfe der Bestimmungsliteratur von ROTHMALER (1996) bestimmt. Die Aufnahme erfolgte nach der Methode von BRAUN-BLANQUET (1964)³. Dabei wird die Abundanz (Häufigkeit) und die Deckung eingeschätzt. Die Abundanz ergibt sich aus der Individuenzahl einer pro Flächeneinheit. Der Deckungsgrad (Dominanz) ist in der Pflanzensoziologie ein Ausdruck für den Mengenanteil der einzelnen Arten einer Gesellschaft. Man projiziert die von den Individuen einer Art bedeckte Fläche auf den Boden, um die horizontale Ausdehnung in Bezug auf die Grundfläche zu erhalten (DIERSCHKE 1994). Die Abundanz und der Deckungsgrad können gleichzeitig hohe oder niedrige Werte aufweisen, z. B. erreichen Arten mit kleinen Wuchsformen, die mit sehr vielen Individuen vertreten sind, nur eine geringe Deckung. Daher hat BRAUN-BLANQUET (1964) eine kombinierte Abundanz-Deckungs-Skala eingeführt, die die Individuenzahl und die Deckung miteinander verbindet und als Artmächtigkeit bezeichnet wird. Die Aufnahme erfolgte nach der siebenteiligen Skala für die Artmächtigkeit, die sich wie folgt abstuft:

- r = 1 (-3) Individuen (äußerst selten)
- + = wenige, vereinzelte Individuen, Deckungswert gering
- 1 = reichlich vertreten, Deckung 1 - 5%
- 2 = zahlreich vertreten, Deckung 5 - 25 %
- 3 = mitbestandsbildend, Deckung 25 - 50 %
- 4 = bestandsbildend, Deckung 50 - 75 %
- 5 = vorherrschend, Deckung 75 - 100 % .

Die Vegetationsaufnahmen ermöglichen die Zusammenstellung von Pflanzengruppen bzw. die Zuordnung zu Pflanzengesellschaften, die wiederum Auskunft über die Arten- und Strukturvielfalt der Probeflächen geben (HOBOHM 2000). Die syntaxonomische Einteilung der Vegetationsaufnahmen erfolgte in Anlehnung an PASSARGE (1996).

Um die untersuchte Art *Euphorbia exigua* L. ökologisch zu charakterisieren, erfolgte eine Bewertung der Pflanze als Standortanzeiger nach ELLENBERG et al. (1992).

³ Diese pflanzensoziologische Methode wird inzwischen weltweit angewandt und ist dadurch gekennzeichnet, dass sie in relativ kurzer Zeit tiefe Einblicke in das Nebeneinander, Miteinander und Gegeneinander von vergesellschafteten Pflanzen ermöglicht (HOBOHM 2000).

2.3.4 Bodenkarten und Bodenproben

Generell wird davon ausgegangen, dass die Artenvielfalt von Ackerwildkräutern durch Standortfaktoren wie dem Wasser- und Nährstoffgehalt von Böden determiniert wird (HOFMEISTER & GARVE 1998). Für die Charakterisierung des Bodens der Untersuchungsstandorte konnten die Bodenkarten der Reichsbodenschätzung (1:10.000) herangezogen werden. Mit Hilfe eines Ackerschätzungsrahmen werden dabei Bodenkennwerte genutzt, um die Bodenwertzahlen der Standorte zu ermitteln. Zusätzlich wurden auf allen Probeflächen Bodenproben entnommen und analysiert.

Für die Bestimmung der Bodenart, des pH-Wertes und des Nährstoffgehaltes sind gestörte Proben oder Mischproben aus dem Oberboden entnommen worden (HARTAGE & HORN 1989). Mittels eines Bohrstockes nach Pürckhauer wurden sechs Einzelproben an den Stellen entnommen, wo die Pflanzenproben gesammelt wurden. Dabei wurde der Bohrstock ca. 60 cm tief in den Boden geschlagen, einmal um die Achse gedreht und dann unter ständigem Weiterdrehen wieder herausgezogen. Auf diese Weise wurden die Bodenproben auf jedem Standort aus 0-30 cm und 30-60 cm Tiefe entnommen. Im Labor erfolgte die Bestimmung der Textur, des pH-Wertes und die Analyse der Nährstoffe (C_t , C_{org} , N_t , P, K und Mg) nach DIN-Normen. Die Korngrößenzusammensetzung im Boden (Textur) wurde nach DIN 19683 (Teil 1 und 2) mittels Siebung (Kornfraktionen $> 0,2$ mm) und Pipettanalyse (Kornfraktionen $< 0,2$ mm) bestimmt. Zur Ermittlung des pH-Wertes wurden die Bodenproben in 50 ml 0,1 N KCl-Lösung aufgeschlämmt (ISO 10390). Der Gesamt-Kohlenstoff (C_t) und Gesamt-Stickstoff (N_t) wurden mit Hilfe der Elementaranalyse nach ISO 10694 bzw. ISO 13878 bestimmt. Um den Carbonat-Kohlenstoff (CO_3 -C) zu ermitteln, wurden die Bodenproben mit 20 ml H_3PO_4 (1:1 verdünnt) versetzt. Der Gehalt an organischem Kohlenstoff (C_{org}) ergab sich aus der Differenz der C_t und CO_3 -C-Gehalte. Das Verhältnis von organisch gebundenem Kohlenstoff zu organisch gebundenen Stickstoff (C/N-Verhältnis) ergab sich aus der Division des C_{org} -Gehaltes durch den N_t -Gehalt. Die löslichen Pflanzennährstoffe Phosphor (P) und Kalium (K) wurden mit der Doppellaktat-Methode (DL) aus filtrierten Bodensuspensionen mit 0,2 M Calciumlaktat im Verhältnis 1:50 bestimmt. Die Bestimmung der pflanzenverfügbaren Magnesiumgehalte (mg Mg/100 g) erfolgte mittels Atomabsorption. Dabei wurde lufttrockener Boden mit 0,0125 M $CaCl_2$ -Lösung im Verhältnis 1:10 extrahiert.

2.4 Populationsgenetische Untersuchungen

2.4.1 DNA-Isolierung

Zu Beginn der Untersuchungen erfolgte die DNA-Isolierung der 128 Pflanzen mit Hilfe des DNeasy®Plant Mini Kit (Qiagen GmbH, Hilden) in Anlehnung an das im Handbuch beschriebene Protokoll. Je Pflanze wurde ca. 50 mg Blattmaterial zusammen mit zwei Metallkugeln in verschraubbare Tubes (kleine Plastikröhren mit 2 ml Fassungsvolumen) in flüssigem Stickstoff eingefroren. Um das Pflanzenmaterial zu zerkleinern, wurden die Tubes in eine Schwingmühle eingespannt und für 2 min gemahlen. Der nächste Schritt ist die Lysis der Pflanzenzellen. Dafür wurden 400 µl AP1 Puffer und 4 µl RNase zu den Proben gegeben und diese dann für 10 min zu 65 °C in den Wärmeschrank gestellt. Während dieser Zeit wurden die Proben 2 bis 3 Mal invertiert. Zur Fällung und Abtrennung der Proteine und Polysaccharide wurden 130 µl AP2 Puffer dazu gegeben, die Proben für 5 min aufs Eisbad gestellt und dann bei 4 °C und 14.000 U/min zentrifugiert. Der Überstand wurde auf die QIAshredder Säulen transferiert und dann für 2 min zentrifugiert. Der Durchfluss wurde in ein neues Tube transferiert, wobei darauf geachtet werden musste, dass die Zellrückstände nicht aufgewirbelt werden. Nach Zugabe von 1,5 Vol AP3 Puffer zur Bindung der DNA an die Membran in der Minisäule, wurde die Lösung mit Niederschlägen auf die DNeasy Mini Säule gegeben und dann bei 8000 U/min für 1 min zentrifugiert. Der Durchfluss wurde verworfen und die Säule zweimal mit AW Puffer gewaschen. Im letzten Schritt wird die DNA eluiert. Auf die Säule wird 100 µl vorgewärmer AE Puffer pipettiert und dann 10 min bei Raumtemperatur inkubiert. Nach 1 min bei 8000 U/min in der Zentrifuge enthält das Tube 100 µl DNA. Die DNA wurde bis zur Weiterverarbeitung bei 4 °C gelagert bzw. für längere Aufbewahrungszeiten bei –70 °C tiefgefroren.

2.4.2 AFLP-Analyse

Für die Erfassung der genetischen Diversität wurde die AFLP (amplified fragment length polymorphism) Methode verwendet. AFLP ist eine PCR (Polymerase Chain Reaction - Polymerase Kettenreaktion) basierte Fingerprint-Technik zur Differenzierung und Identifizierung von Individuen oder zur Analyse von Populationsstrukturen. Die Technik wurde von VOS et al. (1995) zum ersten Mal beschrieben. Bei dieser Methode muss die Genomsequenz nicht im vorhinein bekannt sein. Des Weiteren erhält man charakteristische Muster, die einem Fingerabdruck (Fingerprint) ähnlich sind, unabhängig von der Größe des Genoms bei einem Einsatz von einer relativ geringen Menge (200-500 ng) an DNA . Die AFLP-Technik wurde hier verwendet, weil mit ihr eine Vielzahl (ca. 100 pro PEC primer-enzyme-combination) von amplifizierten Restriktionsfragmenten gleichzeitig sichtbar gemacht werden können und somit eine große Stichprobe des Genoms auf variable Regionen untersucht werden kann. Durch diese hohe Auflösung ist in nahezu jedem Fall eine Differenzierung der Individuen möglich. Von Vorteil ist außerdem die hohe Reproduzierbarkeit der Ergebnisse (WOLFE & LISTON 1998).

Um diese Methode für *Euphorbia exigua* L. zu etablieren wurde vorerst nach Beispielen gesucht, die der Art am nächsten verwandt sind und für die die AFLP-Technik bereits erfolgreich eingesetzt wurde. Von Maniok (*Manihot esculenta*), auch ein Mitglied der Familie der *Euphorbiaceae*, aber einer ganz anderen Gattung, liegen einige Arbeiten vor (ELIAS et al. 2000; ROA et al. 1997). Die hier verwendeten Primerkombinationen wurden nach ihrer Eignung für *Euphorbia exigua* L. überprüft.

Zur Durchführung der Technik stehen Standard Kits zur Verfügung. Für diese Untersuchungen wurde der AFLP® Core Reagent Kit (Invitrogen life technologies) genutzt. Der Ablauf der Methode erfolgte nach VOS et al. (1995) in vier Schritten (Abb. 9). Die AFLP-Analyse wurde in Anlehnung an das Hersteller Protokoll (AFLP-Analyse System I; GIBCO/BRL, Cat.No.: 10482-016) durchgeführt.

Übersicht der wichtigsten Schritte der AFLP-Technik:

1. Isolierung der DNA aus den Pflanzen
2. Restriktion / Spaltung der DNA
3. Ligation / Bindung der Adapter
4. Preamplifikation (1. PCR)
5. Selektive Amplifikation (2. PCR)
6. Gelelektrophoretische Trennung der DNA-Fragmente

Im ersten Schritt wird die DNA mit den Restriktionsenzymen *Eco*RI (mit einer Erkennung von 6 bp) und *Mse*I (Erkennung: 4 bp) gespalten (Abb. 10). Für die Spaltung wurden ca. 300 ng DNA eingesetzt. Der Restriktionsansatz, der dann für zwei Stunden bei 37 °C inkubiert wurde, bestand aus folgender Zusammensetzung:

10 µl DNA
 8 µl Destilliertes Wasser
 5 µl 5xPuffer [50 mM Tris-HCl (pH 7,5), 50 mM Mg-acetat, 250 mM K-acetat]
 2 µl *Eco*RI und *Mse*I (1,25 Units/µl)
 25 µl Gesamtvolumen.

Direkt im Anschluss erfolgt der zweite Schritt – die Ligation. Dabei wurden an die Schnittstellen Oligonukleotid-Sequenzen liegert (WOLFE & LISTON 1998). Diese Oligonukleotide sind sogenannte AFLP-Adapter, die nach VOS et al. (1995) wie folgt aufgebaut sind:

<i>Eco</i> RI-Adapter:	5' - CTCGTAGACTGCGTACC CATCTGACGCATGGTTAA - 5'
<i>Mse</i> I-Adapter:	5' - GACGATGAGTCCTGAG TACTCAGGACTCAT - 5' .

Dabei ist bemerkenswert, dass die Adapter so aufgebaut sind, dass die Basen an der Schnittstelle andere sind als in der Ausgangssequenz, so dass der Restriktionsort nicht wieder restauriert werden kann. So wird vermieden, dass die noch in dem Ansatz befindlichen Restriktionsenzyme die ligierten Adapter wieder zerschneiden. Es wurden folgende Komponenten zum Restriktionsprodukt dazu gegeben, so dass das Gesamtvolumen nun 50 µl betrug:

24 µl Adapterlösung [0,2 µM *Eco*RI-Adapter, 2 µM *Mse*I-Adapter, 0,4 mM ATP, 10 mM Tris-HCl (pH 7,5), 10 mM Mg-acetat, 50 mM K-acetat]
1 µl T4 DNA-ligase (1Unit/µl; Fa. Gibco).

Die Ligation erfolgte über Nacht bei 16 °C im Thermal Cycler 480 (Fa. Applied Biosystems).

Im dritten Schritt der Preamplifikation werden die Fragmente durch eine Polymerasekettenreaktion (PCR Polymerase Chain Reaction) amplifiziert. Die AFLP-Primer bestehen aus drei Teilen einer Kern-Sequenz (CORE), einer enzymespezifischen Sequenz (ENZ) und einer selektiven Verlängerung (EXT) (Vos et al. 1995). Die Kombination des *Eco*RI- und *Mse*I-Primer mit dem einzelnen selektiven Nukleotid, das verwendet wird, um die Anzahl der DNA-Fragmente schon in der Preamplifikation einzuschränken, (EXT) ist im folgenden dargestellt:

	CORE	ENZ	EXT
<i>EcoRI</i>	5' -GACTGCGTACC	AATTC	A- 3'
<i>MseI</i>	5' -GATGAGTCCTGAG	TAA	G- 3' .

Der PCR-Ansatz der Preampifikation setzte sich wie folgt zusammen:

15,35 µl	H ₂ O
2,5 µl	10xPCR-Reaktionspuffer
1,5 µl	1,5 mM MgCl ₂
0,25 µl	20 mM dNTPs (Fa. Pharmacia)
0,075 µl	100 pmol/µl <i>EcoRI</i> -A Primer (Fa. MWG Biotech AG)
0,075 µl	100 pmol/µl <i>MseI</i> -G Primer (Fa. MWG Biotech AG)
0,25 µl	Taq Polymerase (Fa. Applied Biosystems)
5 µl	DNA (Ligationsprodukt, 1:10 in TE-Puffer verdünnt)
25 µl	Gesamtvolumen.

Die Preamplifikation erfolgte im Thermo Cycler 9700 (Fa. PE-Biosystems) mit folgendem Temperaturprofil: 23 Zyklen Denaturierung von 30 s bei 94 °C, Annealing-Schritt von 30 s bei 56 °C und Extension-Schritt von 1min bei 72 °C, ein Zyklus von 5 min bei 72°C bildet den Abschluss.

Im nächsten Schritt erfolgt eine zweite PCR, die selektive Amplifikation. Hierfür wurde die Primerkombination *EcoRI*-AAC/*MseI*-GTA verwendet. Mit Hilfe dieser selektiven Verlängerung, bestehend aus 3 Basen, können die amplifizierten DNA-Fragmente noch weiter eingeschränkt werden und so die Anzahl der Fragmente auf ca. 100 Stück reduzieren. Diese Einschränkung ist wichtig, da zu viele Fragmente bei der Auswertung eine eindeutige Zuordnung erschweren würde. Der Ansatz der selektiven Amplifikation setzte sich wie folgt zusammen:

15,3 µl	H ₂ O,
5 µl	10x-PCR-Reaktionspuffer
1,5 µl	1,5 mM MgCl ₂
0,25 µl	20m M dNTPs
0,125 µl	100 pmol/µl. <i>EcoRI</i> -AAC Primer (1:10 verdünnt)
0,075 µl	100 pmol/µl <i>MseI</i> -GTA Primer (Fa. MWG Biotech AG)
0,25 µl	Taq Polymerase
5 µl	Preamplifikationsprodukt (1:20 in Wasser verdünnt)
25 µl	Gesamtvolumen.

Der selektive *Eco*-Primer ist fluoreszenzmarkiert (6-carboxyfluorescein 6-FAM). Das Temperaturprofil der selektiven Amplifikation gestaltete sich folgender Maßen: 13 Zyklen von 30 s bei 94°C, 30 s bei 65°C und 1 min bei 72 °C, wobei die Temperatur mit

jedem Zyklus im Annealing-Schritt um 0,6 °C und im Extension-Schritt um 1 °C gesenkt wurde; darauf folgten 23 Zyklen mit 20 s bei 94 °C, 30 s bei 56 °C und 2 min bei 72 °C; als letztes erfolgte ein abschließender Schritt für 30 s bei 60 °C.

Im vierten und letzten Schritt erfolgte die Auf trennung der amplifizierten DNA-Fragmente über eine Kapillar-Elektrophorese, dem ABI Prism 310 (Fa. Applied Biosystems). Dabei werden lediglich die fluoreszenzmarkierten DNA-Fragmente durch einen Laser angeregt und über ein optisches Spiegelsystem von einer CCD (Charged Coupled Device)-Kamera detektiert. Zu 0,5 µl PCR-Produkt wurde in jede Probe neben 18 µl H₂O 0,14 µl des Längenstandards GeneScan 500 [ROX] (Fa. Applied Biosystems) gegeben. Der Ansatz wurde bei 94 °C im Thermal Cycler 480 für 2 min denaturiert und dann im Eisbad gekühlt. Die Trennung der DNA-Fragmente erfolgte unter denaturierenden Bedingungen im Polymer POP 6. Dabei betrug die Injektionszeit 20 s bei einer Spannung von 5 kV und die Laufzeit 50 min bei 15 kV.

1. Restriktion der DNA und Ligation der Adapter

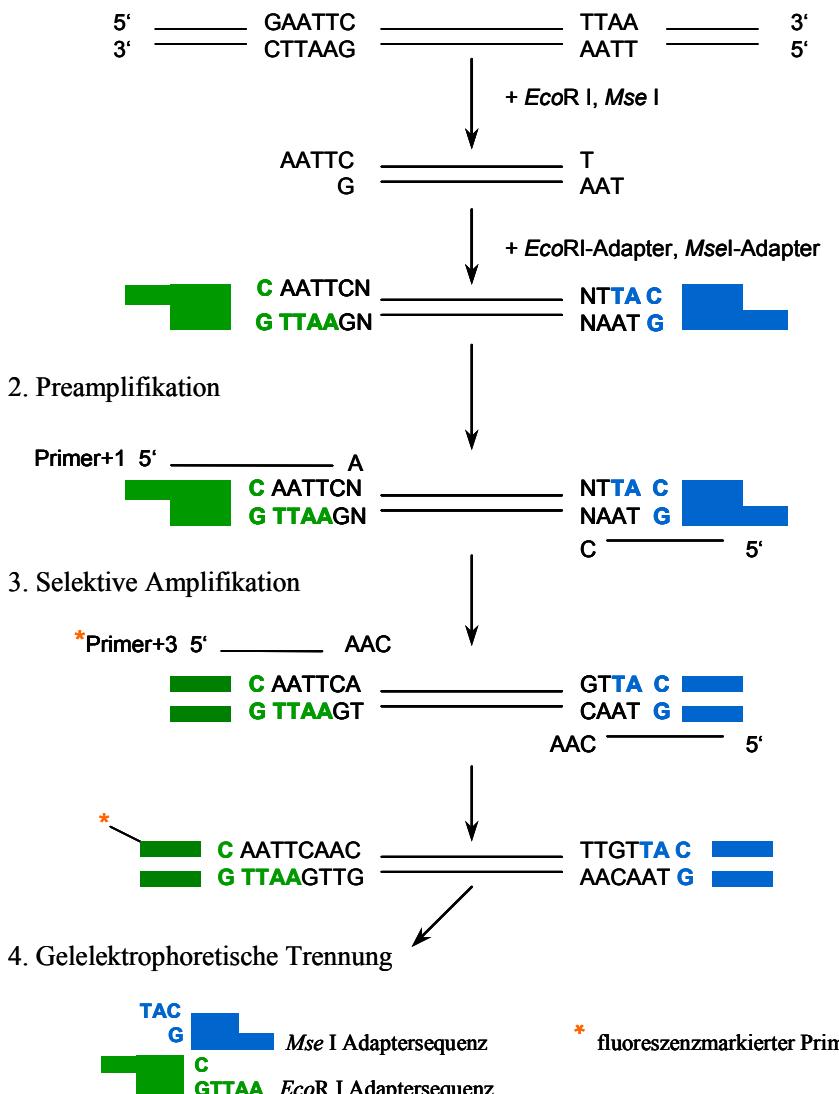


Abb. 10: Schematische Darstellung der AFLP (amplified fragment lenght polymorphism)-Technik in vier Schritten mit einer Primerkombination. Die grünen Kästchen und Buchstaben stellen den *Eco*RI-Adapter und die blauen Kästchen und Buchstaben den *Mse*-Adapter dar. Das Sternchen kennzeichnet den fluoreszenzmarkierten Primer.

Die Größen- oder Fragmentlängenbestimmung wurde nach der Zuweisung des internen DNA-Längenstandards über eine entsprechende Software durchgeführt (GeneScan). In Abb. 10 ist der Längenstandard rot dargestellt, dabei weist er im Bereich zwischen 35 und 500 bp folgende Fragmente auf: 35, 50, 75, 100, 139, 150, 160, 250, 300, 340, 350, 400, 450, 490 und 500. Die Fragmente mit den Längen 250 und 340 dürfen bei der Definition des Längenstandards nicht miteinbezogen werden, da sie unter den gegebenen Bedingungen ein abnormales Laufverhalten zeigen. Diese Fragmente erhalten die Größe 0.

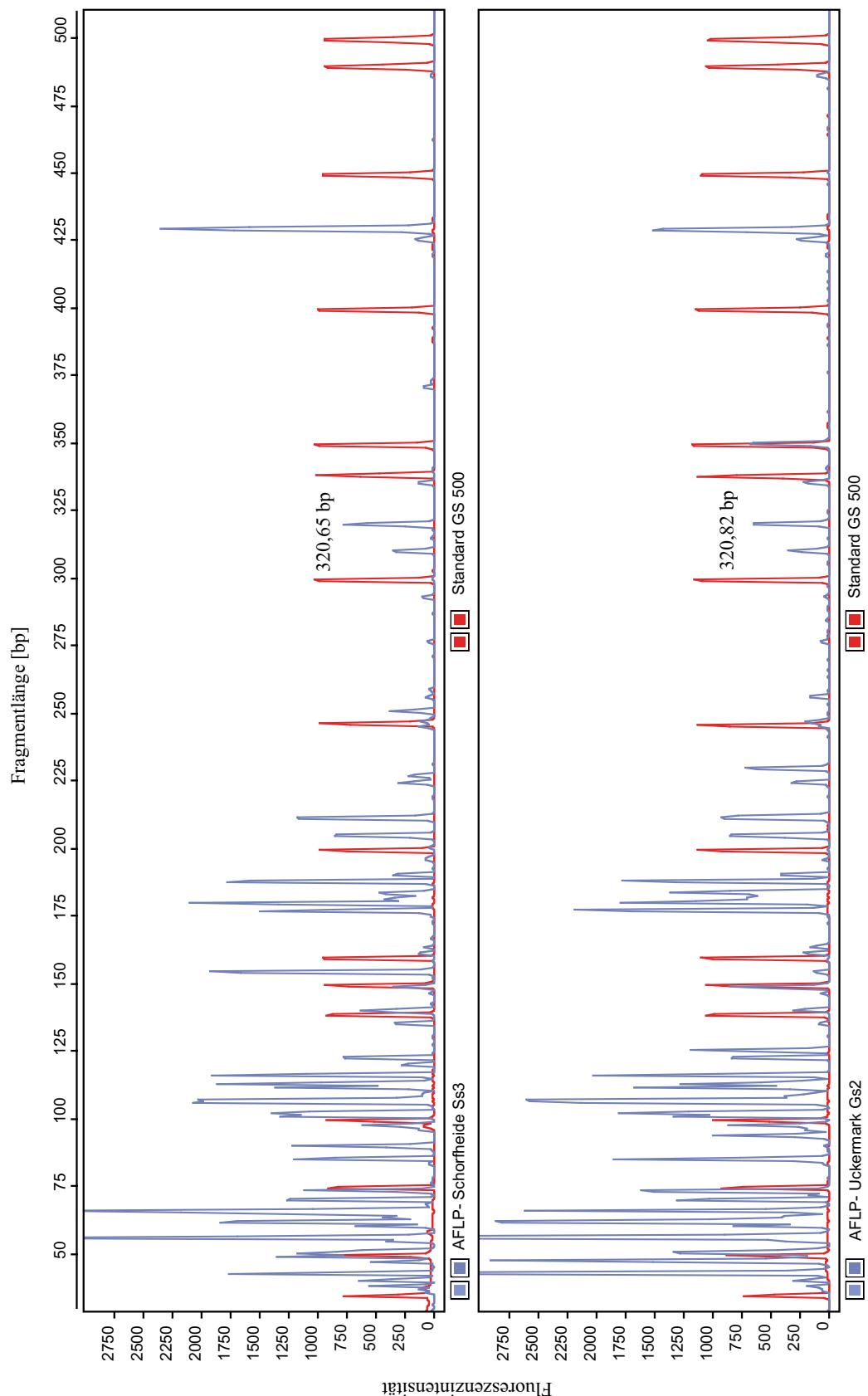


Abb. 11: AFLP-Muster der Proben Ss3 und Gs2. Die roten Peaks stellen die Fragmente des Längenstandards GS 500 dar und dienen der Größenbestimmung der DNA-Fragmente. Der gekennzeichnete Peak bekommt z. B. in der Auswertung eine Größe von 320,7 bp zugewiesen.

2.5 Statistische Datenanalyse

Die Daten aus den Bodenanalysen wurden mit dem Programm Excel 2000 von Microsoft berechnet. Die Daten aus den Vegetationsaufnahmen wurden mit Hilfe des vegetationskundlichen Verrechnungsprogramms SORT nach DURKA & ACKERMANN (1993) bearbeitet.

Zur Erfassung der genetischen Diversität wurden verschiedene statistische Verfahren verwendet. Die Daten aus der AFLP-Analyse wurden als Grundlage für die Berechnungen in eine binäre Matrix eingetragen. Dabei wurden alle vorhandenen (1) und abwesenden (0) DNA-Fragmente (peaks) im Bereich zwischen 35 und 500 bp erfasst.

Mit Hilfe dieser 0/1-Matrix wurden alle paarweisen Distanzen zwischen den Genotypen aufgrund des Tanimoto Ähnlichkeitsindex S nach DEICHSEL & TRAMPI SCH (1985) mit folgender Formel berechnet.

$$S = \frac{w}{w + x + y}$$

w: alle Fragmente, die sowohl bei A als auch bei B vorhanden sind.

x: alle Fragmente, die bei A vorkommen, aber bei B nicht.

y: alle Fragmente, die bei B vorkommen, aber bei A nicht.

Dabei nimmt S Werte zwischen 0 (Verschiedenheit) und 1 (Identität) an. Die genetische Distanz, als ein Maß für die Ähnlichkeit oder Verwandtschaft zwischen den Genotypen, erhält man durch Transformation: GD (genetische Distanz) = 1 – S.

Um die differenzierten Genotypen auch zu klassifizieren, wurden zwei Clusteranalysen und eine Hauptkomponentenanalyse (principal component analysis, PCA) durchgeführt. Die Clusteranalyse wurde mit dem UPGMA-Algorithmus (unweighted pair group method arithmetic average) nach SNEATH & SOKAL (1973) durchgeführt. Mit Hilfe dieses Algorithmus konnte durch die Clusteranalyse eine Klassifizierung der Individuen in Cluster erfolgen, die grafisch in Form eines Dendrogramms (Baumdiagramm) dargestellt wurden. Hierfür wurden die Programme GenAlEx nach PEAKALL & SMOUSE (2001) und STATISTICA (1995) genutzt. Auf der Basis der genetischen Distanzen nach NEI (1978) wurde ein zusätzliches Dendrogramm für die sieben *Euphorbia exigua* L.-Populationen mit POPGENE vers. 1.31 (Population Genetic Analysis Software) nach YEH et al. (1999) erstellt. Der Hauptkomponentenanalyse (PCA) liegt ebenfalls die Distanzmatrix, die über den Tanimoto Ähnlichkeitsindex für alle Individuen berechnet

wurde zu Grunde. Ausgangspunkt der PCA ist eine Vielzahl von Variablen, von denen nicht im vorhinein bekannt ist, ob und in welcher Weise sie miteinander korreliert sind. Ziel ist es, den Grad der Komplexität, der sich durch die Vielzahl der Variablen ergibt, durch möglichst wenige Faktoren wiedergeben zu können. Die Berechnung der PCA beruht auf einem Algorithmus nach ORLOCI (1978).

Äquivalent zu dem, aus der Ökologie bekannten, Shannon-Weaver-Index (SHANNON & WEAVER 1976) wurde dieser als genetisches Diversitätsmaß nach folgender Formel berechnet.

$$H_s = - \sum_{i=1}^S (p_i \cdot \log_2 p_i)$$

H_s = Index für die genetische Diversität (Shannon-Index)

S = Gesamtzahl der zu betrachtenden Fragmente

p_i = rel. Häufigkeit des Fragments ($0 < p_i < 1$); ergibt sich aus:

$$p_i = \frac{n_i}{N}$$

n_i : Anzahl der vorkommenden Fragmente i in den untersuchten Individuen

N: Anzahl der Individuen.

Ausgehend von der 0/1-Matrix erfolgte die Berechnung des Shannon-Index mit Hilfe des Programms POPGENE nach YEH et al. (1999).

Des Weiteren wurde der Polymorphiegrad, nach TEMPLETON (1995) das einfachste Maß die genetische Diversität zu charakterisieren, berechnet. Er ergibt sich aus $P = 100 (p/n)$, wobei p Loci, Banden oder Fragmente von einer Gesamtzahl n Loci polymorph sind.

Die molekularen Varianzen wurden durch den paarweisen Vergleich der Populationen mittels AMOVA (Analysis of Molecular Variance) nach EXCOFFIER et al. (1992) geschätzt, um Angaben zur Verteilung der genetischen Diversität innerhalb von Regionen und zwischen Populationen zu erhalten. Die Verteilung der genetischen Varianz wurde mit Hilfe des Programms GenAlEx nach PEAKALL & SMOUSE (2001) für jeweils 20 Individuen pro Population analysiert.

Es erfolgte eine geostatistische Auswertung, um eine direkte Beziehung zwischen genetischer und geographischer Distanz herzustellen. Dafür wurde mit Hilfe des Programms GenAlEx nach PEAKALL & SMOUSE (2001) der Manteltest (MANTEL 1967) durchgeführt.

3 Ergebnisse

3.1 Charakterisierung der Untersuchungsstandorte

3.1.1 Geographische Distanz der Probeflächen

In der folgenden Tabelle (Tab. 3) sind die Entfernungen der Probeflächen zueinander dargestellt. Durch die GPS-Vermessung beträgt die Abweichung max. einen Meter. In dieser Tabelle werden die verschiedenen Entfernungsklassen deutlich. Grün umrandet sind die Populationen, die den geringsten Abstand zueinander haben, also in einem Untersuchungsgebiet liegen. Dementsprechend stellen die blau und rot gekennzeichneten Angaben die größeren Distanzklassen dar.

Tab. 3: Geographische Distanzmatrix der Probeflächen.

	Uckermark			Schorfheide			Märkische Schweiz
	Gs	Ms	Us	Ss	Gr	Mb	Mü
Gs	0						
Ms	525*	0					
Us	980	728	0				
Ss	46.513	46.641	50.144	0			
Gr	50.725	50.817	51.106	1.116	0		
Mb	51.678	51.776	45.989	5.391	5.894	0	
Mü	94.523	94.631	93.964	43.855	42.870	48.072	0

*Angabe der Entfernungen in Meter.

3.1.2 Bodenparameter

Die ermittelten x und y-Koordinaten der eingemessenen Probepunkte, dienten als Basis für die geographische Distanzmatrix der Standorte.

Die Analyse der Bodenproben ergab die Anteile der Kornfraktionen. Daraus ließen sich entsprechend der KA4 (nach Tab. 26 und dem Bodenkartendiagramm des Feinbodens, AG BODEN 1994) die Bodenarten bestimmen, die neben den Kornfraktionen ebenfalls in Abb. 13 dargestellt sind. Die Abbildung zeigt deutlich, dass sich die Standorte hinsichtlich ihrer Textur nicht wesentlich unterscheiden.

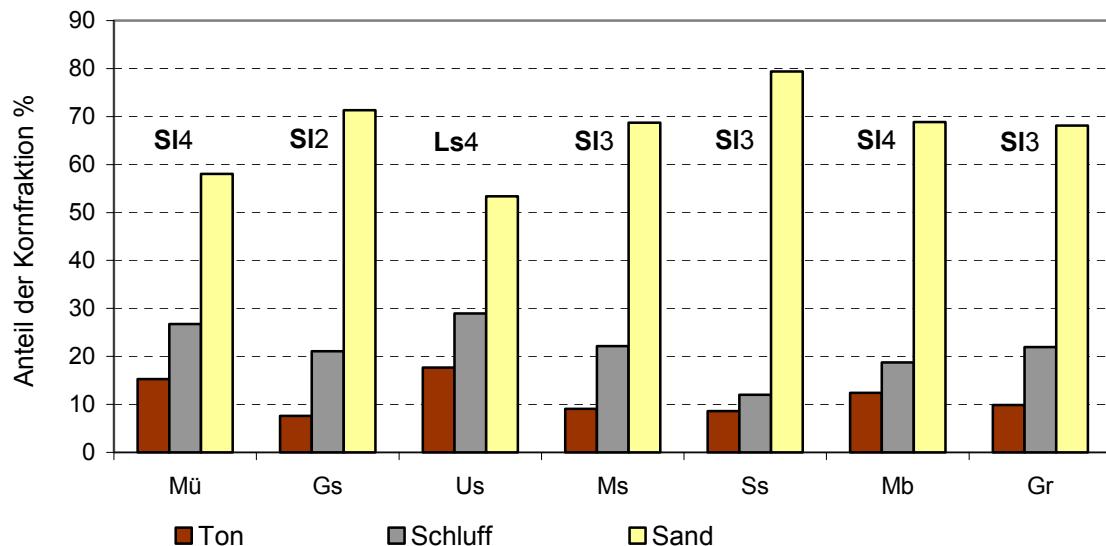


Abb. 12: Bodenarten nach Anteil der Kornfraktion. Mischproben aus 0-30 cm Tiefe.

SI2: schwach lehmiger Sand, SI3: mittel lehmiger Sand, SI4: stark lehmiger Sand, Ls4: stark sandiger Lehm.

Die Bezeichnung der Bodenart wird durch den dominierenden Anteil der Kornfraktion, der Hauptfraktion an der Bodenprobe bestimmt. Auf den Standorten Mü, Gs, Ms, Ss, Mb und Gr dominiert der Sand als größter Anteil. Die Sandanteile reichen von 53 % auf der Fläche Us bis zu fast 80 % auf der Fläche Ss in der Schorfheide. Der nachgestellte kleine Buchstabe charakterisiert die Nebenfraktion der Bodenart. Demnach weisen die genannten Standorte alle einen lehmigen Sand (SI), jedoch in unterschiedlich starken Ausprägungen auf. In Tab. 14 und 15 im Anhang sind die Anteile der Kornfraktionen der Bodenproben aus 0-30 cm und 30-60 cm Tiefe angegeben. Die einzige Probefläche auf der die Bodenart Lehm vorliegt, ist Us in der Uckermark. Hier wurde Ls, sandiger Lehm⁴, vorgefunden. Im Vergleich zu den anderen Standorten ist der Sandanteil auf dieser Fläche geringer.

In der folgenden Tabelle (Tab. 4) wurden die Kennwerte der Reichsbodenschätzung den Bodenarten der untersuchten Bodenproben gegenübergestellt. Mit Hilfe des Ackerschätzungsrahmen der Reichsbodenschätzung wurden nach LIEBEROTH (1982) aus den Kennwerten die Bodenwertzahlen⁵ der einzelnen Standorte abgeleitet.

⁴ Kommen die Fraktionen Ton, Schluff und Sand nahezu gleichrangig vor, bzw. treten die drei Fraktionen in deutlich erkennbaren und fühlbaren Gemengeteilen auf, spricht man von Lehm. Überwiegt eine der Grundfraktionen, dann wird sie als Beiwort hervorgehoben.

⁵ Die Bodenwertzahl dient der Einschätzung der Qualität des Ackerlandes. Sie schließt folgende drei Kennwerte ein: die Boden- bzw. Körnungsart, die geologische Entstehung und die Zustandsstufe des Entwicklungszustandes des Bodens (LIEBEROTH 1982).

Tab. 4: Bodenwertzahlen der Reichsbodenschätzung und Bodenarten aus den Bodenproben.

Standort	Kennwerte der Reichsbodenschätzung*			Bodenwertzahl	Bodenart nach Bodenproben
Mü	IS	D	5	30-36	SI 4 stark lehmiger Sand
Gs	SI	D	4	28-34	Ls 4 stark sandiger Lehm
Us	SL	D	3	52-59	SI 3 mittel lehmiger Sand
Ms	S	D	4	21-26	SI 2 schwach lehmiger Sand
Ss	SL	D	4	45-51	SI 2 schwach lehmiger Sand
Mb	IS	D	4	37-43	SI 4 stark lehmiger Sand
Gr	IS	D	5	30-36	SI 4 stark lehmiger Sand

*in der Reihenfolge: Bodenart, geologische Entstehung, Zustandsstufe

Die untersuchten Standorte liegen auf Schlägen mit hohen Bodenwertzahlen im Bereich von 52 bis 59 auf dem Standort Us in der Uckermark und niedrigen Bodenwertzahlen von 21 bis 26 auf dem Standort Ms, der sich ebenso in der Uckermark befindet.

Die gemessenen pH-Werte der Bodenproben schwanken zwischen 6,9 und 7,5 (Abb. 13). Dies entspricht nach AG BODEN (1994) einer sehr schwach sauren (6,5-7,0) bis schwach alkalischen (7,5-8,0) Bodenreaktion. Wie Abb. 14 zeigt, unterscheiden sich die pH-Werte der Standorte Mü, Gs, Ms und Gr in 0-30 cm Tiefe nicht. Der Standort Ms verfügt im Vergleich zu den anderen Standorten mit 6,9 über den niedrigsten pH-Wert.

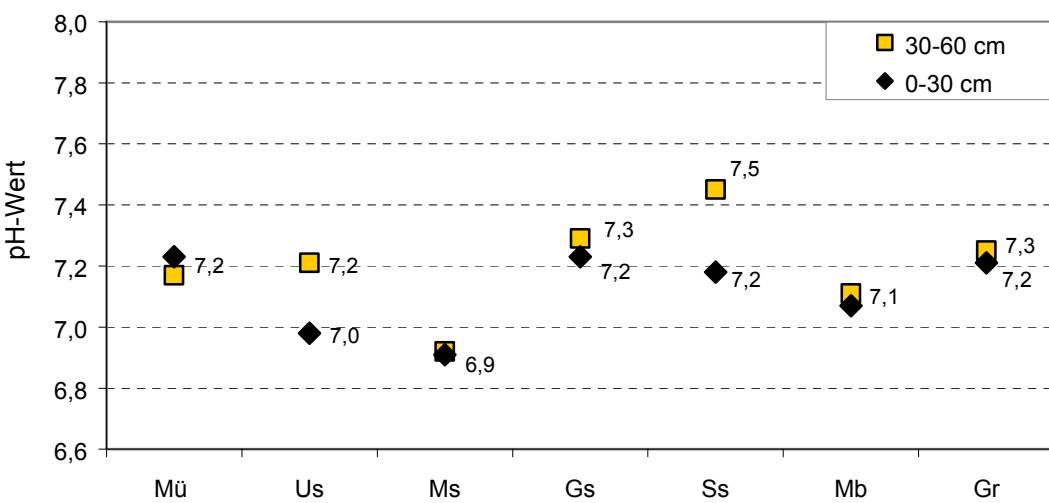


Abb. 13: pH-Werte der Bodenproben aus 0-30 und 30-60 cm Tiefe.

Die Gesamt-Kohlenstoffgehalte (C_t) liegen zwischen 0,74 % und 2,2 % in 0-30 cm Tiefe und in 30-60 cm Tiefe schwanken die Gehalte zwischen 0,28 % und 2,0 %. Die Stickstoff-Gehalte (N_t) der Bodenproben nehmen Werte zwischen 0,04 % und 0,08 % in 0-30 cm Tiefe und zwischen 0,004 % und 0,04 % in 30-60 cm Tiefe an (Abb. 14).

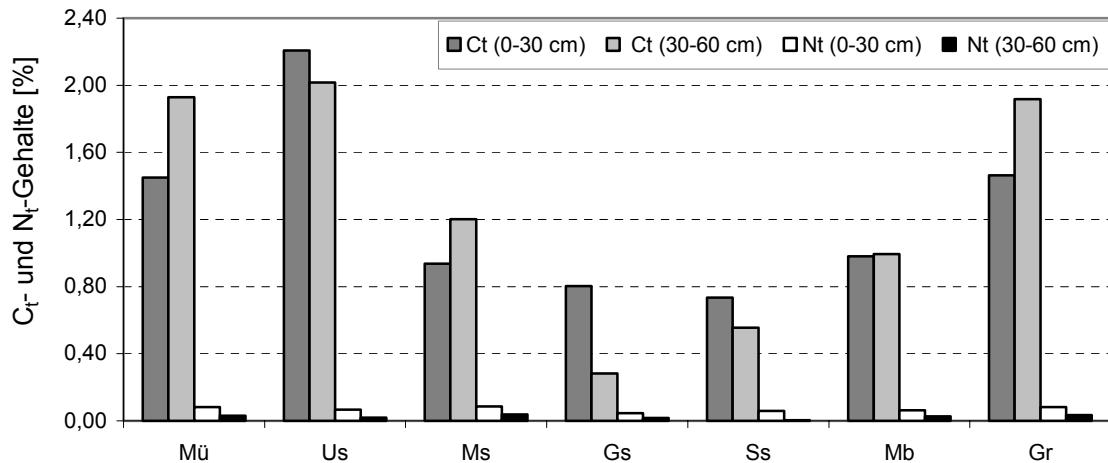


Abb. 14: Gesamt-Kohlenstoff (C_t)- und Gesamt-Stickstoff (N_t)-gehalte der Bodenmischproben.

Der Gehalt an organischem Kohlenstoff (C_{org}) ist in der tieferen Bodenschicht (30-60 cm) geringer als in der höheren Schicht (0-30 cm). Dort schwanken die Werte zwischen 0,42 % (Gs) und 0,77 % auf den Standort Gr. Die C_{org} -Werte der Standorte Mü, Us, Ms und Gr liegen im vergleichbaren Bereich und sind höher als die Werte der Standorte Gs, Ss und Mb (Abb. 15).

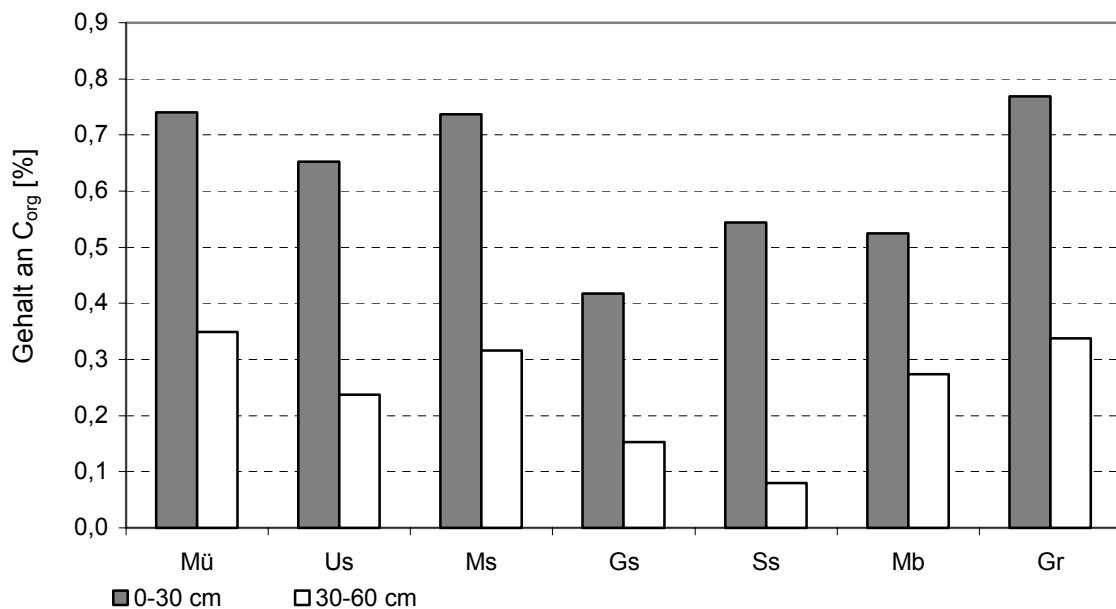


Abb. 15: C_{org} -gehalte der Bodenproben in 0-30 und 30-60 cm Tiefe auf den Probeflächen.

Die C/N-Verhältnisse der Bodenproben aus 0-30 cm Tiefe liegen zwischen 8 und 10. Nach KUNTZE et al. (1994) liegt das C/N-Verhältnis guter Böden bei 10, denn ein enges C/N-Verhältnis zwischen 8,0 und 11,0 weist auf eine günstige Humusqualität hin (SCHLICHTING et al. 1995). Lediglich bei den Proben aus 30-60 cm Tiefe, gibt es einen auffälligen Unterschied. Der Standort Ss in der Schorfheide weist hier mit 19 ein weiteres C/N-Verhältnis auf als die anderen Standorte (Abb. 16).

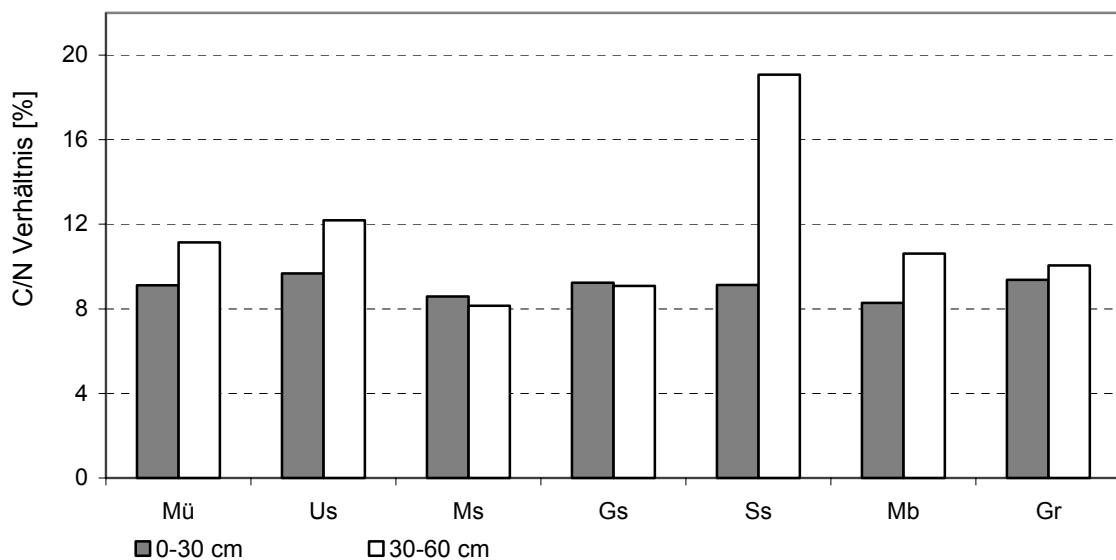


Abb. 16: C/N-Verhältnis der Bodenproben.

Die Untersuchung der Bodenproben auf den Gehalt an pflanzenverfügbaren Nährstoffen wie Phosphor (P), Magnesium (Mg) und Kalium (K) ergab folgendes: Die Phosphorgehalte der Standorte waren sehr unterschiedlich. Die Werte schwankten dabei zwischen 0,8 und 10,6 mg/100g in 0-30 cm Tiefe, bzw. zwischen 0,1 und 2,4 mg/100g in 30-60 cm Tiefe. Die Magnesiumgehalte lagen zwischen 2,4 und 6,1 mg/100g in 0-30 cm bzw. zwischen 1,0 und 5,7 mg/100g in 30-60 cm Tiefe. Dabei unterscheiden sich die Standorte der Schorfheide nicht sehr stark voneinander, während die Werte der Standorte in der Uckermark bis auf Gs höher waren und auch stärker variierten. Kalium war mit Werten zwischen 4,0 und 14,8 mg/100g (0-30 cm) bzw. 2,7 bis 9,7 mg/100g (30-60 cm) vertreten. In Abb. 18 ist deutlich zu erkennen, dass Ms den höchsten K-Wert aufweist, gefolgt von Us und Mü. Die Standorte der Schorfheide und Gs aus der Uckermark unterscheiden sich in den K-Werten nur geringfügig. Des Weiteren sind sie nur ca. halb so hoch wie auf den Standorten Mü und Us.

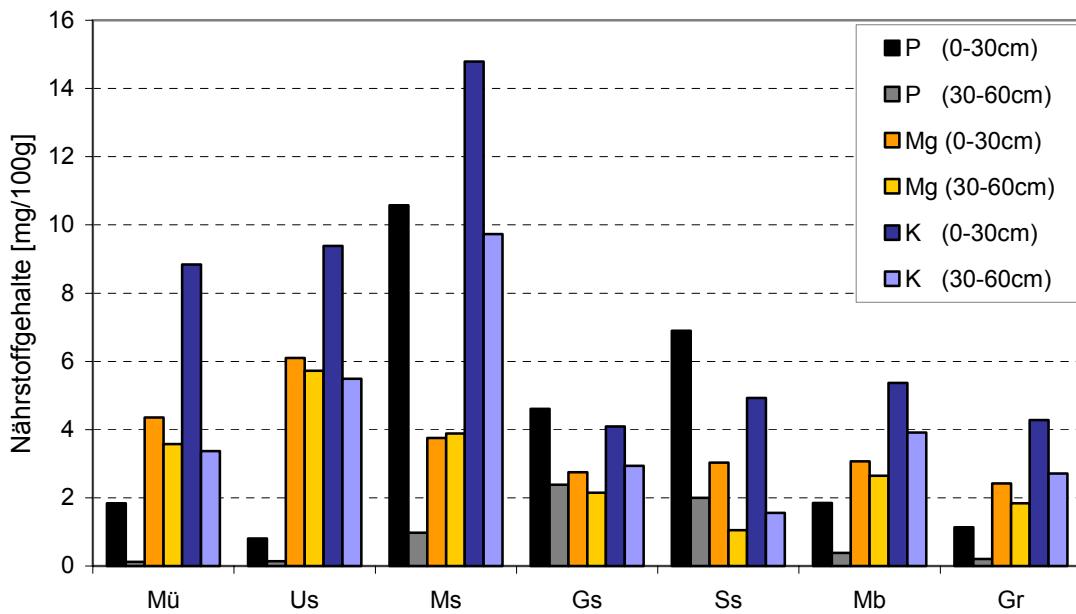


Abb. 17: Nährstoffgehalte Phosphor (P), Magnesium (Mg) und Kalium (K) der Bodenproben.

3.1.3 Vegetationsaufnahmen und ökologische Charakterisierung

Pflanzen wachsen in ihrem spontanen Vorkommen nicht einzeln oder isoliert, sondern zusammen mit Individuen derselben oder anderer Arten, d. h. sie sind mit ihnen vergesellschaftet (OESAU 2002). Diese verwandten Artenkombinationen, die Pflanzengesellschaften oder Vegetationstypen kehren unter ähnlichen Umweltbedingungen an verschiedenen Orten wieder (PASSARGE 1996).

Die Vegetationsaufnahmen erfolgten am 23.07.2003 in der Uckermark, am 25.07.2003 in Müncheberg und 20.07.2003 und 26.07.2003 in der Schorfheide. Die Größe der Aufnahmeflächen unterschieden sich dabei entsprechend der Größe der Probeflächen (siehe Tab. 2, S. 28). Die hier verwendete Nomenklatur richtet sich einheitlich nach ROTHMALER (1996).

In der folgenden Tabelle (Tab. 8) sind die Arten der Vegetationsaufnahmen der Untersuchungsflächen aufgelistet, wobei sich diese Aufstellung an PASSARGE (1996, Tab. 62) orientiert. Die Arten *Euphorbia exigua*, *Consolida regalis*, *Anagallis arvensis*, *Agropyron repens* und *Polygonum aviculare* waren auf allen Probeflächen vertreten. Besonders auffällig war, dass auf dem Standort in Müncheberg sieben Arten auftraten, die auf keinem der anderen Standorte zu finden waren.

Für die syntaxonomische Einordnung wurden die Vegetationsaufnahmen der Standorte zusammengefasst und als eine Einheit betrachtet. Danach lässt sich die vorhandene

Artenzusammensetzung in die Gesellschaft bzw. Assoziation Camelino-Consolidetum regalis Pass (64) 78 einordnen. Diese gehört zu dem Verband der Haftdolden-Klatschmohn-Gesellschaften (Caucalidion lappulae Tx. 50). Kennzeichnend für die Camelino-Consolidetum regalis Gesellschaft sind *Consolida regalis* mit *Papaver rhoes*, dabei tritt *Nigella arvensis* nur selten auf. Neben *Viola arvensis* sind *Apera spica-venti* und *Arenaria serpyllifolia* die nächst konstanten Begleiter. Gemeinsam mit ca. 25 weiteren Arten bilden sie fuß- bis hüfthohe Bestände in Getreidefeldern auf Mergeläckern (Kalklehm-Pararendzina, selten Mergelsand) im östlichen Brandenburg und Mecklenburg-Vorpommern (PASSARGE 1996). Nach SCHUBERT et al. (1995) ordnet sich die vorgefundene Artenzusammensetzung ebenfalls in den Verband der Caucalidion-Gesellschaften ein, jedoch wird die entsprechende Assoziation als Euphorbio-Sileneum noctiflorae bezeichnet. Dabei werden zusätzlich die ökologisch-soziologischen Artengruppen⁶ *Euphorbia exigua*-Gruppe und *Silene noctiflora*-Gruppe unterschieden.

Charakteristisch für die Caucalidion-Gesellschaften sind wärmebedürftige Halmfruchtarten klimatisch begünstigter Gebiete, die Kalkverwitterungsböden oder basenreiche tiefgründige Lehm- oder Tonböden bevorzugen (SCHUBERT et al. 1995; MERTZ 2000).

Insgesamt wurden 90 Pflanzenarten erfasst, von denen sich 51 Arten in die Gesellschaft Camelino-Consolidetum regalis nach PASSARGE (1996) einordnen (Tab. 6). Die Verteilung der Artenzahlen auf den einzelnen Flächen war dabei sehr unterschiedlich. In Müncheberg wurden 27 Arten erfasst, in der Uckermark wurden auf jeder Fläche ca. 20 Arten ermittelt und auf den Flächen in der Schorfheide waren die Zahlen mit ca. 40 Arten je Fläche doppelt so hoch. Innerhalb der Region Schorfheide schwankten die Artenzahlen stark. Während auf der Fläche Mb nur 26 Arten erfasst wurden, waren es auf der Probefläche Gr 54 Arten.

Nach HOFMEISTER & GARVE (1998) muss die Haftdolden-Gesellschaft (Caucalidon), die für Kalkgebiete charakteristisch ist, als schutzwürdig bezeichnet werden, da sie teilweise gefährdete Arten enthält. Neben der hier betrachteten Art *Euphorbia exigua*, die nach der Roten Liste Brandenburg in die Kategorie 2 als stark gefährdet eingeordnet wird, wurde auf allen Standorten auch *Consolida regalis* vorgefunden, die als gefährdete Art (Kategorie 3) gilt. *Nigella arvensis* und *Valerianella dentata* gehören ebenfalls

⁶ In diesen ökologisch-soziologischen Artengruppen werden Arten mit gleichem ökologischen und pflanzensoziologischen Verhalten, mit gleichen oder ähnlichen Ansprüchen an bestimmte Standortfaktoren zusammengefasst.

zu den gefährdeten Arten der Kategorie 3 des Landes Brandenburg (JEDICKE 1997). Sie traten jedoch nur auf der Fläche in Müncheberg auf.

Ähnlich wie in den Rotbuchenwäldern und Eichen-Hainbuchenwäldern, in den Magerrasen und anderen Gesellschaften Mitteleuropas prägt sich auch in den Ackerbegleitfluren der Kalkgehalt bzw. die Reaktion des Bodens im Artengefüge aus. Dies gilt insbesondere für die Beikrautbestände der Wintergetreideäcker, zu denen auch die Segetalgesellschaften des kalkholden Caucalidion Tx. 1950 gehören (ELLENBERG 1996). Anhand der Bewertungskriterien nach ELLENBERG et al. (1992) können Pflanzen als Standortanzeiger beurteilt werden⁷. Das Vorkommen der Arten in Bezug auf die Bodenreaktion und den Kalkgehalt z. B. wird durch die Reaktionszahl ausgedrückt. *Euphorbia exigua* zählt neben *Cosolida regalis* zu den Arten, die meist auf Kalk weisen (Reaktionszahl 8).

⁷ ELLENBERG et al. (1992) hat jeder Pflanzenart Werte für den Lichtfaktor (L), die Temperatur (T), die Kontinentalität (K), die Bodenfeuchte (F), die Bodenreaktion (R) und die Bodenstickstoffversorgung (N) zugeordnet. Die Zeigerwerte reichen von 1 bis 9, wobei 1 die geringste Ausprägung des jeweiligen Parameters und 9 die höchste Ausprägung bedeutet.

Ergebnisse

Tab. 5: Vegetationsaufnahme der Probeflächen nach Vegetationsgruppen geordnet in Anlehnung an PASSARGE (1996, Tab. 62).

Br = Brache, Tri = Triticale, D = Dinkel, WW = Winterweizen. Artmächtigkeit nach BRAUN-BLANQUET (1964) r =

Flächenbezeichnung		Mü	Gs	Us	Ms	Ss	Mb	Gr
Aufnahmedatum		25.7	23.7	23.7	23.7	20.7.	20.7.	26.7.
Aufnahmehr Jahr		2002	2002	2002	2002	2002	2002	2002
Anbaukultur		Hafer	Br/Tri	Br/Tri	Tri	Tri	Di	WW
Artzahl		27	22	21	21	39	26	54
Artnname	Deutscher Artnname							
<i>Silene noctiflora</i>	Acker-Leimkraut	+	-	r	-	1	1	+
<i>Euphorbia exigua</i>	Kleine Wolfsmilch	+	1	+	1	1	1	1
<i>Consolida regalis</i>	Feld-Rittersporn	+	r	1	r	1	1	1
<i>Nigella arvensis</i>	Acker-Schwarzkümmel	2	-	-	-	-	-	-
<i>Papaver rhoeas</i>	Klatsch-Mohn	1	+	-	r	+	1	1
<i>Medicago lupulina</i>	Hopfen-Luzerne	+	1	-	-	1	1	-
<i>Valerianella dentata</i>	Gezähntes Rapünzchen	+	-	-	-	-	-	-
<i>Galium aparine</i>	Kletten-Labkraut	-	-	2	2	+	-	-
<i>Sonchus arvensis</i>	Acker-Gänsedistel	-	-	-	-	1	-	1
<i>Tripleurospermum maritimum</i>	Geruchlose Kamille	-	2	+	+	1	1	-
<i>Myosotis arvensis</i>	Acker-Vergißmeinnicht	-	-	+	+	-	-	+
<i>Anagallis arvensis</i>	Acker-Gauchheil	1	+	r	+	1	1	1
<i>Veronica arvensis</i>	Feld-Ehrenpreis	-	-	-	-	-	-	+
<i>Aphanes arvensis</i>	Gemeiner Ackerfrauenmantel	+	-	+	r	+	-	+
<i>Vicia tetrasperma</i>	Viersamige Wicke	-	-	-	-	+	-	-
<i>Papaver dubium</i>	Saat-Mohn	-	r	-	-	-	r	-
<i>Arenaria serpyllifolia</i>	Quendel-Sandkraut	1	1	r	-	1	1	1
<i>Papaver argemone</i>	Sand-Mohn	+	-	-	-	-	-	+
<i>Veronica hederifolia</i>	Efeu-Ehrenpreis	-	-	-	-	1	+	-
<i>Veronica triphyllus</i>	Dreiteiliger Ehrenpreis	-	-	-	-	1	-	+
<i>Vicia villosa</i>	Zottel-Wicke	-	-	-	-	1	-	-
<i>Fallopia convolvulus</i>	Gemeiner Windenknöterich	-	+	+	+	1	1	+
<i>Viola arvensis</i>	Feld-Stiefmütterchen	+	+	-	+	1	1	1
<i>Centaurea cyanus</i>	Kornblume	+	-	r	-	+	-	+
<i>Apera spica-venti</i>	Gemeiner Windhalm	-	1	1	2	+	1	-
<i>Vicia angustifolia</i>	Schmalblättrige Wicke	+	-	-	-	-	-	-
<i>Euphorbia helioscopia</i>	Sonnenwend-Wolfsmilch	-	+	-	-	1	+	+
<i>Veronica persica</i>	Persischer Ehrenpreis	+	-	r	-	-	+	-
<i>Veronica polita</i>	Glanz-Ehrenpreis	+	-	-	-	1	+	r
<i>Fumaria officinalis</i>	Gemeiner Erdrauch	-	-	-	-	+	-	-
<i>Stellaria media</i>	Vogel-Sternmiere	-	-	-	-	1	-	-
<i>Chenopodium album</i>	Weißer Gänsefuß	-	r	r	-	+	-	-
<i>Capsella bursa-pastoris</i>	Gemeines Hirtentäschel	-	r	-	-	+	-	-
<i>Geranium pusillum</i>	Zwerg-Storzschnabel	-	+	+	r	-	-	-
<i>Anchusa arvensis</i>	Acker-Ochsenzunge	-	-	-	-	-	-	r
<i>Sonchus asper</i>	Rauhe Gänsedistel	-	-	-	-	+	1	-
<i>Agropyron repens</i>	Gemeine Quecke	1	+	+	1	1	1	1
<i>Cirsium arvense</i>	Acker-Kratzdistel	+	-	-	-	+	+	1
<i>Equisetum arvense</i>	Acker-Schachtelhalm	+	-	-	-	-	-	+
<i>Convolvulus arvensis</i>	Acker-Winde	+	-	-	-	1	r	1
<i>Falcaria vulgaris</i>	Gemeine Sichelmöhre	+	-	-	-	-	-	1
<i>Polygonum aviculare</i>	Vogel-Knöterich, Sammelart	+	+	+	+	1	1	1
<i>Poa annua</i>	Einjähriges Rispengras	-	-	-	+	-	-	-
<i>Taraxacum officinale</i>	Gemeine Kuhblume, Sammelart	-	+	+	+	+	-	+
<i>Lactuca serriola</i>	Kompaß-Lattich	-	r	r	-	-	-	-
<i>Bromus sterilis</i>	Taube Trespe	-	-	-	2	-	-	-
<i>Anthriscus caucalis</i>	Hunds-Kerbel	-	-	-	r	-	-	-
<i>Artemisia vulgaris</i>	Gemeiner Beifuß	-	-	-	-	+	-	-
<i>Rubus caesius</i>	Bereifte Brombeere	1	-	-	-	-	-	-
<i>Plantago intermedia</i>	Breit-Wegerich	-	-	-	-	-	-	r
<i>Matricaria recutita</i>	Echte Kamille	+	-	-	-	-	-	-

1(-3) Individuen (äußerst selten), + = wenige, vereinzelte Individuen, Deckungswert gering, 1 = reichlich vertreten, Deckung 1-5%, 2 = zahlreich vertreten, Deckung 5 - 25 %.

Tab. 6: Weitere Arten der Vegetationsaufnahme mit vereinzeltem Vorkommen.

Artnname	Deutscher Artnname	Mü	Gs	Us	Ms	Ss	Mb	Gr
<i>Anthemis tinctoria</i>	Färber-Hundskamille	-	-	-	-	-	-	1
<i>Setaria viridis</i>	Grüne Borstenhirse	-	-	-	-	+	-	-
<i>Anthemis arvensis</i>	Acker-Hundskamille	-	-	-	-	-	-	+
<i>Trifolium repens</i>	Weiß-Klee	-	-	-	-	1	1	1
<i>Achillea millefolium</i>	Gemeine Schafgarbe	-	-	-	-	-	-	+
<i>Trifolium pratense</i>	Rot-Klee	-	-	-	-	1	1	1
<i>Ranunculus bulbosus</i>	Knolliger Hahnenfuß	-	-	-	-	-	-	+
<i>Nonea pulla</i>	Braunes Mönchskraut	-	-	-	-	-	-	+
<i>Sanguisorba minor</i>	Kleiner Wiesenknopf	-	-	-	-	-	-	1
<i>Euphorbia cyparissias</i>	Zypressen-Wolfsmilch	-	-	-	-	-	-	r
<i>Acinos arvensis</i>	Gemeiner Steinquendel	-	-	-	-	-	-	1
<i>Trifolium campestre</i>	Feld-Klee	-	-	-	-	-	-	+
<i>Erodium cicutarium</i>	Gemeiner Reiherschnabel	-	-	-	1	-	-	-
<i>Agrostis capillaris</i>	Rot-Straußgras	-	-	-	-	-	-	1
<i>Daucus carota</i>	Wilde Möhre	-	-	-	-	-	-	1
<i>Picris hieracioides</i>	Gemeines Bitterkraut	-	-	-	-	-	-	+
<i>Crepis tectorum</i>	Dach-Pippau	-	r	-	-	-	-	-
<i>Prunus spinosa</i>	Schlehe	-	-	-	-	-	-	1
<i>Astragalus glycyphyllos</i>	Bärenschote	-	-	-	-	-	-	r
<i>Agrostis stolonifera</i> subsp. <i>stolonifera</i>	Weiße Straußgras, Unterart	+	-	-	-	-	-	-
<i>Cerastium arvense</i>	Acker-Hornkraut	-	-	-	-	-	-	1
<i>Carduus crispus</i>	Krause Distel	-	r	-	-	-	-	-
<i>Conyza canadensis</i>	Kanadisches Berufkraut	+	+	r	-	-	-	+
<i>Hypericum perforatum</i>	Tüpfel-Hartheu	-	-	-	-	-	-	+
<i>Solidago canadensis</i>	Kanadische Goldrute	-	-	-	-	-	-	+
<i>Cichorium intybus</i>	Gemeine Wegwarte	-	-	-	-	-	+	-
<i>Polygonum amphibium</i> var. <i>terrestre</i>	Wasser-Knöterich, Landform	+	-	-	-	-	-	-
<i>Bromus hordeaceus</i>	Weiche Trespe	-	-	-	1	-	-	-
<i>Secale cereale</i>	Saat-Roggen	2	-	-	-	-	-	-
<i>Cerastium spec.</i>	Hornkraut, spec.	-	-	-	-	-	-	1
<i>Dactylis glomerata</i>	Gemeines Knaulgras	-	-	r	-	-	1	1
<i>Ranunculus repens</i>	Kriechender Hahnenfuß	-	-	-	-	-	-	+
<i>Quercus spec.</i>	Eiche, spec.	-	-	-	-	-	-	+
<i>Lamium spec.</i>	Taubnessel, spec.	-	-	-	-	1	-	-
<i>Prunella spec.</i>	Braunelle, spec.	-	-	-	-	-	-	+
<i>Lolium spec.</i>	Weidelgras, spec.	-	-	-	-	-	1	1
<i>Matricaria spec.</i>	Kamille, spec.	-	-	-	-	-	-	+
<i>Ornithopus sativus</i>	Serradella	-	-	-	-	+	-	-
<i>Medicago sativa</i>	Saat-Luzerne	-	-	-	-	2	1	1

3.1.4 Flächenmanagement

Die Untersuchungsstandorte unterscheiden sich hinsichtlich ihrer ackerbaulichen Nutzung bzw. im Flächenmanagement. In der Tabelle 5 ist eine Übersicht der Bewirtschaftungsformen der Betriebe, in denen sich die Probeflächen befinden, dargestellt.

Tab. 7: Charakteristik der Betriebe

Region		Bewirtschaftungsform der Betriebe	Ertragsniveau	Zeitraum
Märkische Schweiz	Mü	traditionelle Landwirtschaft mit Pferdepflug und Handsaat	niedrig (20dt/ha)	seit 1900*
Uckermark	Gs	integrierter Pflanzenbau	hoch	seit 1991**
	Us	integrierter Pflanzenbau	hoch	seit 1991**
	Ms	integrierter Pflanzenbau	hoch	seit 1991**
Schorfheide	Ss	biologisch-dynamisch (Demeter)	mittel	seit 1990
	Mb	biologisch-dynamisch (Demeter)	mittel	seit 1990
	Gr	biologisch-dynamisch (Demeter)	mittel	seit 1990

* Mit kurzer Unterbrechung immer in extensiver Nutzung.

** Die Vorgärtnerbetriebe wirtschafteten schon vorher (seit ca. 1970) nach den Richtlinien des integrierten Pflanzenbaus.

Auf der Referenzfläche in Müncheberg wird seit vielen Jahrzehnten traditionelle Landwirtschaft betrieben. Seit 1964 gehört diese Fläche zu dem Betrieb von Bauer Koppe, der ohne Maschineneinsatz mit dem Pferdepflug arbeitet und die Aussaat per Hand vornimmt. Dementsprechend ist das Ertragsniveau auf diesen Flächen niedrig (ca. 20 dt/ha Getreide). Die Probenahme erfolgte auf einem Getreideacker (Abb. 18).



Abb. 18: Probefläche Müncheberg (Mü). Im Vordergrund Grünland gemäht, auf der Kuppe der Haferacker, von dem die Probenahme erfolgte.



Abb. 19: Probefläche in der Schorfheide (Gr). Am Rande eines Dinkelackers.

Die Untersuchungsstandorte in der Schorfheide gehören ausschließlich zu dem Öko-landbaubetrieb Ökodorf Brodowin e.V. Der Betrieb ist ca. 1.200 Hektar groß und bewirtschaftet die Flächen seit 1990 biologisch-dynamisch nach Demeter Richtlinien (MLUR 2001). Dieser ökologische Anbauverband gestaltet den landwirtschaftlichen

Betrieb als geschlossenen Organismus und verwendet biologisch-dynamische Präparate. Die Probenahmen erfolgten direkt von bewirtschafteten Ackerflächen (Abb. 19).

Die Flächen in der Uckermark werden von Landwirten bewirtschaftet, die integrierten Pflanzenbau betreiben und in das Projekt „Schlaginterne Segregation“ (einer spezifischen Form der kleinflächigen Stilllegung) eingebunden sind. Das heißt Teilstücken in oder am Rande der Schläge werden aufgrund mangelnder Ertragsqualität aus der Bewirtschaftung genommen und für mehrere Jahre stillgelegt. Dabei werden sie in unterschiedlichen Abständen einem Management unterzogen, das heißt z. B. gemäht, gepflügt, geschleggt. Die Probeflächen Us und Ms befinden sich genau auf dem Randstreifen zwischen der Stilllegungsfläche und dem intensiv bewirtschafteten Acker (siehe Abb. 20). Auf diesem Streifen wurde im Gegensatz zur Stilllegung noch gepflügt, jedoch keine Herbizide mehr ausgebracht. Die Probefläche Gs liegt auf einer stillgelegten Kuppe umgeben von Ackerland (Tab. 8).



Abb. 20: Probefläche in der Uckermark (Us). Schmaler Randstreifen zwischen dem Getreideacker (rechts) und der Stilllegungsfläche (links).

Tab. 8: Charakteristik der Probeflächen.

Region		Lage	Hangposition	Höhe über NN
Märkische Schweiz	Mü	in der Mitte des Ackers	Kuppe – Top	61 m
Uckermark	Gs	in der Mitte der Stillegungsfläche	Kuppe – Top	85 m
	Us	Randstreifen Acker / Stillegung	Mittelhang	69 m
	Ms	Randstreifen Acker / Stillegung	Mittelhang	77 m
Schorfheide	Ss	in der Mitte des Ackers	Kuppe – fast Top	65 m
	Mb	in der Mitte des Ackers	Mittelhang	60 m
	Gr	Rand im Getreideacker	Mittelhang	66 m

Die Probeflächen unterscheiden sich nicht nur in ihrer Bewirtschaftungsweise, sondern auch in ihrer Lage. Während die Probeflächen in Müncheberg und in der Schorfheide mitten auf den bewirtschafteten Ackerflächen lagen, befanden sich die Probeflächen der Uckermark Us und Ms am Rande von Stillegungsflächen bzw. Gs in der Mitte einer dieser Stillegungsflächen (Tab. 8).

In Tab. 9 sind die Managementparameter der Probeflächen angegeben. Dazu gehören die im Jahr der Probenahme (2002) angebaute Frucht, die Vorfrucht, die im Jahr der Probenahme ausgebrachte Düngung, sowie die verwendeten Pflanzenschutzmittel (PSM). Der Hauptunterschied der hier betrachteten Parameter liegt in der Fruchtart. Im Jahr der Probenahme erfolgte auf den Probeflächen der Uckermark durch die Stillegung kein Anbau. In der Tabelle ist dies durch das Stichwort Brache charakterisiert. Auf den Flächen Us und Ms war die Fruchtart der unmittelbar angrenzenden Fläche Triticale.

In der Schorfheide und in Müncheberg wurden alle Flächen bewirtschaftet. Unterschiede gab es hinsichtlich der Art. In der Schorfheide wurden Triticale, Winterweizen und Dinkel, als eine typische Fruchtart im Ökolandbau, angebaut, während sich auf der Fläche in Müncheberg Hafer befand. Die Vorfrucht der Probeflächen Mü und Ss waren Winterroggen bzw. Winterweizen, während auf den Probeflächen Gr und Mb als Vorfrucht Kleegras angebaut wurde.

Keiner der Untersuchungsstandorte wurde im Jahr der Probenahme mit mineralischem Stickstoff gedüngt oder mit synthetischen Pflanzenschutzmitteln (PSM) behandelt.

Tab. 9: Managementparameter der Probeflächen.

Standort	Fruchtart (2002)	Vorfrucht (2001)	Bemerkung	$N_{\text{min}}^1 / N_{\text{org}}^2$ -Düngung	PSM
Mü	Hafer	Winterroggen	-	Jauche (geringe Menge)	ohne
Gs	Brache	Brache	seit 1999 Brache, davor Mais, 2001 gepflügt	ohne	ohne
Us	Brache/Triticale*	Brache	seit 1998 Brache davor Roggen	ohne	ohne
Ms	Brache/Triticale	Brache	seit 1998 Brache davor Roggen	ohne	ohne
Ss	Triticale	Winterweizen	-	ohne	ohne
Mb	Dinkel	Kleegras	-	ohne	ohne
Gr	Winterweizen	Kleegras	-	ohne	ohne

* Triticale: Kreuzung aus Weizen (*Triticum aestivum*) und Roggen (*Secale cereale*).

¹ N_{min} -Düngung: mineralischer Stickstoff-Dünger

² N_{org} -Düngung: organischer Stickstoffdünger im Jahr der Probenahme

3.2 Genetische Diversität und Variabilität der *Euphorbia*-Populationen

3.2.1 Reproduzierbarkeit und Vergleich der AFLP-Muster

Bevor die eigentliche Auswertung der AFLP-Muster erfolgen konnte, mussten den detektierten DNA-Fragmenten die Größen zugewiesen werden. Dies erfolgte mit Hilfe des internen Längenstandards GS 500 [ROX]. Die Fragmentgrößen konnten dabei mit einer Genauigkeit von maximal 0,8 bp zugewiesen werden. In Abbildung 11 (S. 38) wurde dies am Beispiel eines typischen Laufs gezeigt. Der gekennzeichnete Peak im oberen Muster (Ss3) ist 320,65 bp groß und der Peak im unteren Beispiel (Gs2) ist 320,82 bp groß. In der Auswertung bekommen beide eine Größe von 320,7 bp zugewiesen.

Bei der Auswertung wurden alle AFLP-Muster einzeln visuell betrachtet. Um Mehrdeutigkeiten zu vermeiden, wurden nur Peaks mit einer hohen Fluoreszenzintensität ab 50 Fluoreszenzeinheiten betrachtet, d. h. alle Peaks, die eindeutig als solche zu erkennen

nen waren und die über dem Rauschen der Basislinie lagen. Dabei wurde darauf geachtet, dass alle Proben vergleichbare Peakhöhen aufweisen.

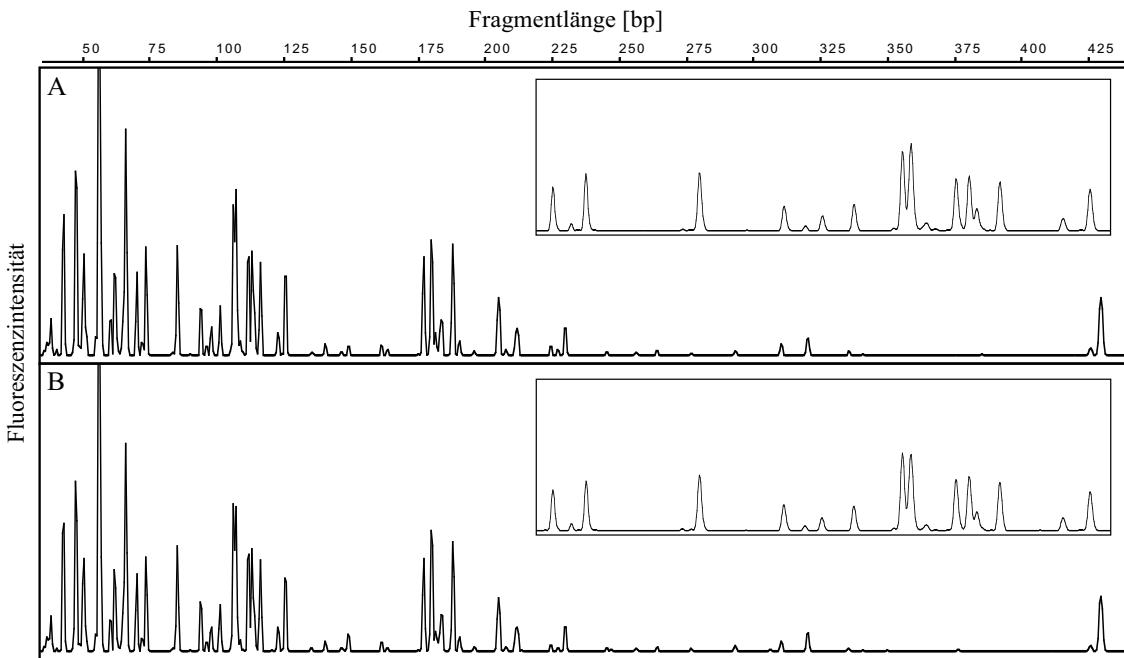


Abb. 21: Reproduzierbarkeit. AFLP-Muster eines *Euphorbia exigua* Individuums. A ist Mü 2 und B die Wiederholung der Methode am gleichen Beispiel Mü 2. Der Ausschnitt zeigt den Bereich von 70 bis 130 bp vergrößert.

Die Reproduzierbarkeit der AFLP-Technik wurde überprüft und ist hier an einem ausgewählten Beispiel dargestellt. In der Abbildung 21 sind die AFLP-Muster eines Individuums (Müncheberg Mü2) gegenübergestellt. Ausgehend von derselben DNA wurde die Methode zweimal angewandt. Sowohl kleine als auch große Peaks sind vorhanden und die AFLP-Muster sind identisch. Der vergrößerte Ausschnitt aus dem Bereich zwischen 70 und 130 bp zeigt, dass die Muster, würde man sie übereinander legen, genau deckungsgleich sind.

Beim Vergleich der AFLP-Muster findet man polymorphe und monomorphe DNA-Fragmente. Ein DNA-Fragment gilt als polymorph, wenn es beim Vergleich zweier AFLP-Muster bei einem Individuum vorhanden ist und bei dem anderen nicht. Ein monomorphes Fragment hingegen, tritt in den AFLP-Mustern aller untersuchten Individuen auf. In Abbildung 22 wurden ausgewählte AFLP-Muster von fünf Pflanzen der Population in Müncheberg gegenübergestellt. Das Fragment mit einer Größe von 85,8 bp ist monomorph, d. h. es ist in den dargestellten Individuen der Population Müncheberg vorhanden. Vergleicht man darüber hinaus alle anderen Individuen mitein-

ander, so stellt man fest, dass der Peak 85,8 nicht nur vollständig in der Müncheberger Population, sondern in allen untersuchten Populationen zu finden ist (siehe auch Tab. 11 - Angabe der Frequenzen). Wenn man Mü1 mit Mü5 vergleicht, findet man polymorphe Banden bzw. Fragmente. Zum Beispiel ist das Fragment mit 126 bp im AFLP-Muster Mü5 vorhanden nicht aber bei Mü1 (Abb. 22).

Die Analyse der 128 Pflanzen mit der Primerkombination *Eco*RI-AAC x *Mse*I-GTA lieferte eine Gesamtzahl von 101 AFLP-Fragmenten, deren Größe zwischen 35 und 490 bp lag. Von den 101 Fragmenten waren insgesamt 67 polymorph und 34 monomorph. Die durchschnittliche Peak- bzw. Fragmentanzahl pro Individuum betrug 65.

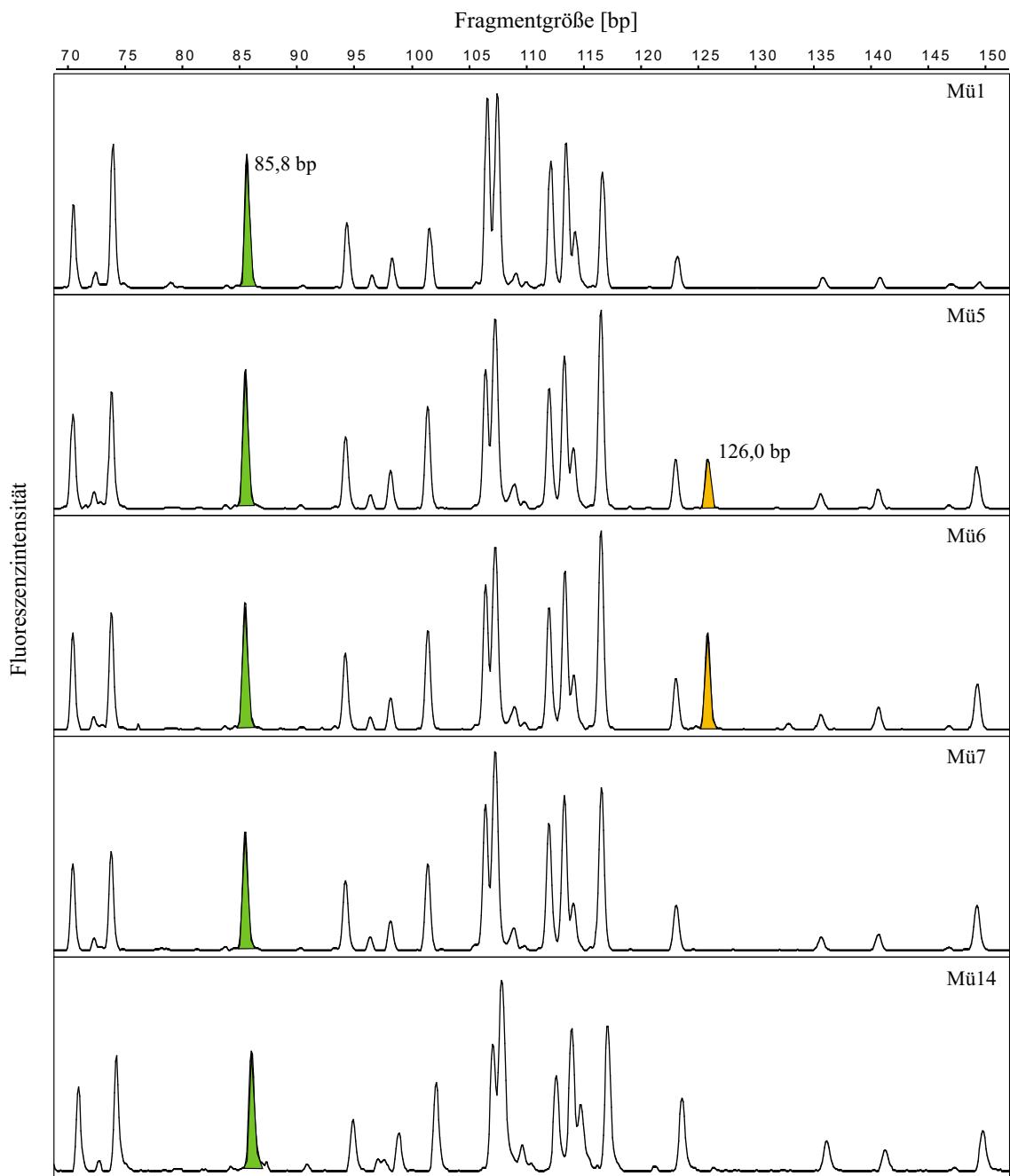


Abb. 22: Vergleich der AFLP-Muster an fünf ausgewählten Individuen der Population Müncheberg. Darstellung von DNA-Fragmenten im Bereich zwischen 70 und 150 bp, dabei ist ein monomorphes Fragment bei 85,8 bp und ein polymorphes Fragment bei 126,0 bp gekennzeichnet.

In der folgenden Abbildung (Abb. 23) sind aus jeder Population die AFLP-Muster ausgewählter Vertreter gegenübergestellt. Auch hier werden die Ähnlichkeiten (Fragmente, die in allen Individuen auftreten) und Unterschiede (Fragmente, die nur in einigen Individuen vorkommen) zwischen den Genotypen deutlich.

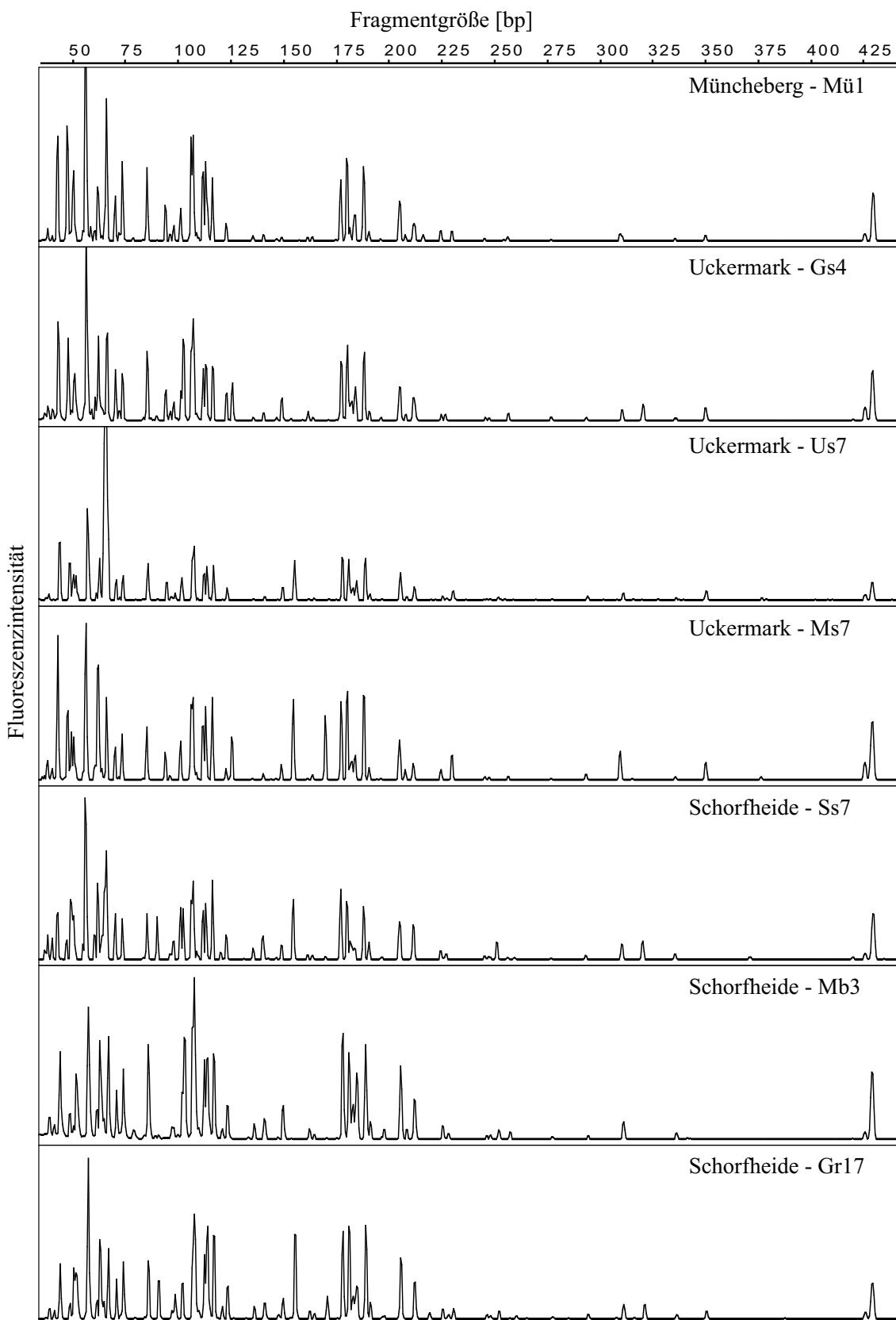


Abb. 23: AFLP-Muster der *Euphorbia exigua* L. Pflanzen. Pro Population je ein typisches Beispiel. Dargestellt ist der Bereich von 35 bis 430 bp.

Für eine Population bezeichnet der Grad an Polymorphismus den relativen Anteil derjenigen Genorte, an denen innerhalb der Populationen unterschiedliche Allele vorkommen (Anteil polymorpher Loci) (BERNHARDT 1995). Das heißt der Polymorphiegrad ist ein Maß für die Diversität der Populationen. In der folgenden Tabelle (Tab. 10) sind die Polymorphiegrade der einzelnen Populationen dargestellt. Dabei fällt auf, dass die Population in Müncheberg mit 51,9 % besonders polymorph ist. Die Werte der Populationen aus der Uckermark liegen lediglich bei ca. 32 % und in der Schorfheide bei durchschnittlich 34 %. Dabei ist die Verteilung der Polymorphiegrade in den Populationen jedoch nicht gleichmäßig. Die Population Ss ist viel polymorpher als Gr. Insgesamt beträgt der Polymorphiegrad aller untersuchten Individuen 66,3 %.

Tab. 10: Polymorphiegrad der untersuchten *Euphorbia exigua* L.-Populationen.

Region	Population	Anzahl der Individuen	n*	p**	P (%)***
Müncheberg	Mü	20	81	42	51,9
Uckermark	Gs	20	82	26	27,8
Uckermark	Us	8	72	20	31,7
Uckermark	Ms	20	77	26	33,8
Schorfheide	Ss	20	87	34	39,1
Schorfheide	Mb	20	73	18	28,8
Schorfheide	Gr	20	80	23	24,7
Gesamt		128	101	67	66,3

*n: Gesamtzahl an DNA-Fragmenten in der Population

**p: polymorphe Fragmente

***P: Polymorphiegrad in Prozent.

Die Polymorphie der Populationen wird auch anhand der Frequenzen der Fragmente deutlich (Tab. 11).

Erreicht ein einzelnes Fragment eine Frequenz von 1 (100 %) liegt eine Fixierung des Fragments in der Population vor. Das Fragment 50,8 bp oder 85,8 bp ist z. B. in allen Populationen mit einer Frequenz von 1 vorhanden. Hingegen kommen in den untersuchten Populationen keine Fragmente vor, die populationsspezifisch nur in einer Population vorkommen. Dafür gibt es Fragmente, die in einer Region vollständig fehlen. Dies trifft z. B. das Fragment 212,5 bp, das in keiner der drei Populationen Ss, Mb oder Gr in der Schorfheide auftritt. Hingegen ist es in den Populationen der Uckermark und in der Population in Müncheberg vorhanden, wenn auch nicht in allen Pflanzen. Das Fragment 120,6 bp ist wiederum vollständig in allen Pflanzen der Region Schorfheide vertreten.

In Müncheberg fehlt es jedoch ganz und in der Uckermark kommt es nur mit einer sehr geringen Frequenz vor. Ein weiteres Beispiel zeigt, dass die Frequenz in den Populationen der Regionen gleichmäßig groß sein kann. Das Fragment 94,4 bp ist in Ss gar nicht und in Mb und Gr mit einer sehr geringen Frequenz vorhanden. Dies ist jedoch nicht immer der Fall, denn in den Populationen Ss und Mb tritt das Fragment 256,7 bp sehr häufig auf, aber in der Population Gr nur in einigen Individuen.

Tab. 11: Frequenzen ausgewählter DNA-Fragmente in den *Euphorbia exigua* L.-Populationen.

Population/ Banden [bp]	50,8	85,8	94,4	120,6	135,9	212,5	256,7
Mü							
Band Freq.*	1,000	1,000	1,000	0,000	1,000	0,950	1,000
N*	20	20	20	20	20	20	20
Us							
Band Freq.	1,000	1,000	1,000	0,000	0,750	0,375	1,000
N	8	8	8	8	8	8	8
Ms							
Band Freq.	1,000	1,000	1,000	0,150	0,400	0,100	1,000
N	20	20	20	20	20	20	20
Gs							
Band Freq.	1,000	1,000	1,000	0,150	0,400	1,000	1,000
N	20	20	20	20	20	20	20
Ss							
Band Freq.	1,000	1,000	0,000	1,000	1,000	0,000	0,950
N	20	20	20	20	20	20	20
Mb							
Band Freq.	1,000	1,000	0,100	1,000	1,000	0,000	0,850
N	20	20	20	20	20	20	20
Gr							
Band Freq.	1,000	1,000	0,450	1,000	1,000	0,000	0,250
N	20	20	20	20	20	20	20

*Band Freq.: Banden- bzw. Fragmentfrequenz, *N: Anzahl der Individuen der Population.

3.2.2 Differenzierung und Klassifizierung der Genotypen

Die genetischen Distanzen, die sich aus dem Tanimoto Ähnlichkeitsindex ergaben, variierten zwischen den einzelnen Individuen von 0 bis 0,46 mit einem Mittelwert bei 0,26. Diese paarweise berechneten genetischen Distanzen bildeten den Ausgangspunkt für die Clusteranalyse, die mit Hilfe von STATISTICA (1995) auf der Basis von UPGMA (unweighted pair group method arithmetic average) durchgeführt wurde.

Durch die Clusteranalyse konnten relativ homogene Cluster identifiziert werden. Diese Cluster wurden zu einem hierarchischen Cluster aufgebaut und in einem Dendrogramm

grafisch dargestellt (Abb. 24). Die Position bzw. die mehr oder weniger starke Abgrenzung dieser Cluster innerhalb des Dendrogramms beschreibt die genetische Struktur bzw. die genetische Diversität der *Euphorbia exigua* L.-Populationen.

Hierbei wird deutlich, dass mit Hilfe der verwendeten Methode nahezu alle Individuen differenziert werden konnten. Lediglich in 8 Fällen konnten je 2 Pflanzen nicht unterschieden werden, diese sind in der Abbildung durch einen kurzen senkrechten Strich an der Bezeichnung gekennzeichnet (z. B. bei Gs6 und Gs8).

Die Clusteranalyse der AFLP-Muster der 128 untersuchten Individuen ergab eine klare Trennung der verschiedenen Populationen (Abb. 24). Das heißt Individuen, die zu einer Population gehörten, also unmittelbare Nachbarn, waren sich genetisch ähnlicher als Individuen aus anderen Populationen. Dabei ist auch die Verteilung der genetischen Distanzen der Individuen innerhalb der Populationen erkennbar. So sind sich z. B. Mü4 und Mü8 ähnlicher als Mü4 und Mü1.

Die Ebene der Regionen wird durch die Clusteranalyse ebenfalls sehr deutlich. Die drei Populationen aus der Schorfheide bildeten einen gemeinsamen Cluster. Ferner wurden auch zwei der Populationen aus der Uckermark (Us und Ms) zusammengeclustert. Diese Cluster sind in der Abbildung 24 durch einen roten Punkt markiert.

Die Individuen der Population in Müncheberg zeigten jedoch eine hohe Ähnlichkeit zu der Population Gs aus der Uckermark (gekennzeichnet durch den grünen Punkt in Abb. 24). Diese beiden Probepunkte lagen geographisch weiter voneinander entfernt als Gs zu den anderen beiden Populationen aus der Uckermark Us und Ms (siehe hierzu Tab. 3 Geographische Distanzmatrix, S. 41). Insgesamt entstehen drei deutlich voneinander getrennte Hauptcluster.

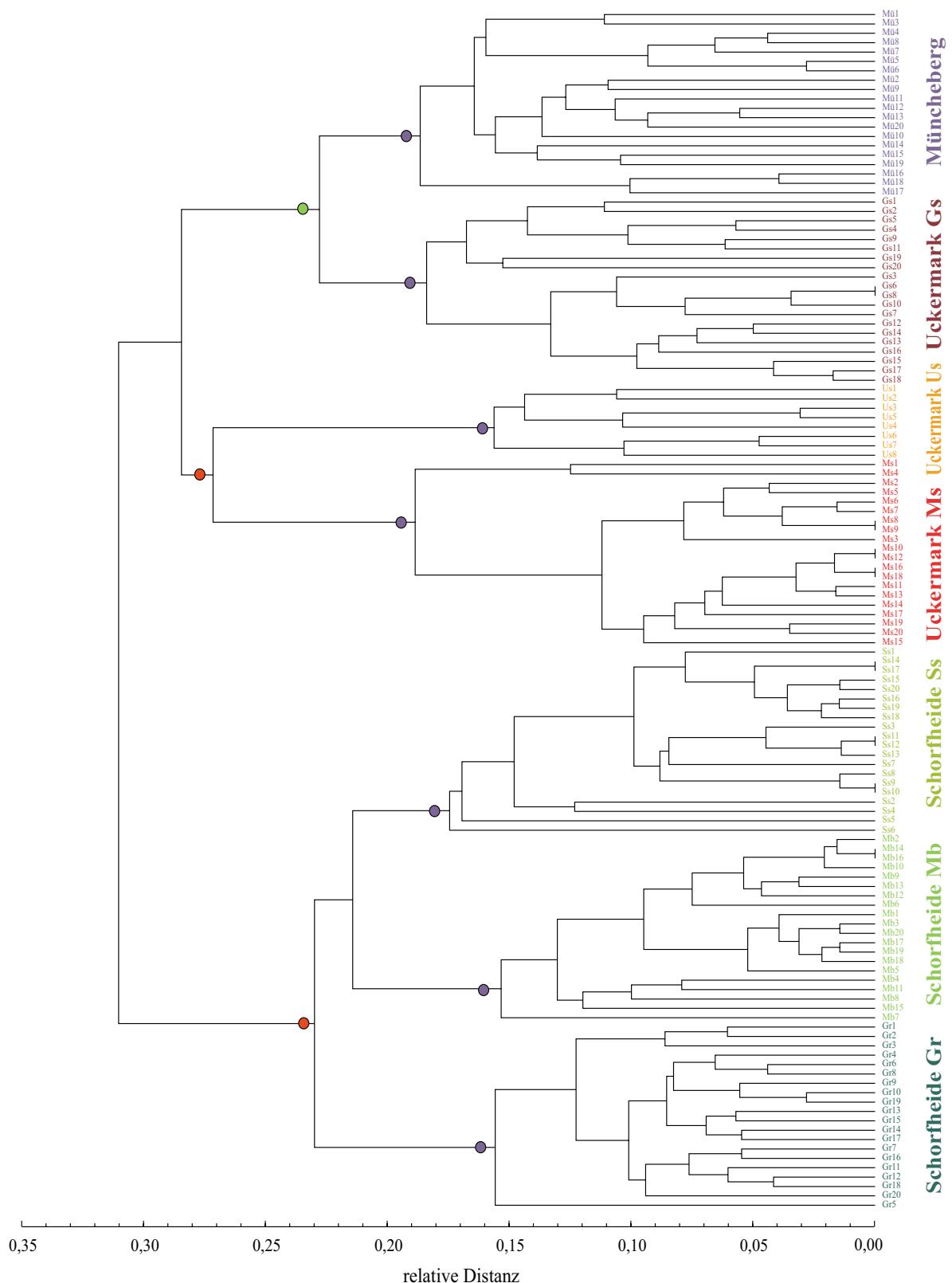


Abb. 24: Dendrogramm (UPGMA) der 128 untersuchten *Euphorbia exigua* L.-Individuen. Clusteranalyse auf der Basis der genetischen Distanzen nach Tanimoto (DEICHSEL & TRAMPISCH 1985). Die Individuen sind mit der Abkürzung der Populationsbezeichnung versehen und dann entsprechend der Analysereihenfolge durchnummert. Die Populationen sind farblich abgegrenzt.

Die Hauptkomponentenanalyse (principal component analysis, PCA) wurde als eine zusätzliche Methode genutzt, die Zusammensetzung und Verwandtschaft der Populationen zu analysieren. Ausgangspunkt sind hier wie bei der vorangegangenen Clusteranalyse die Einzelindividuen. In Abbildung 25 sind entlang der x- und y-Achse die erste und die zweite Hauptkomponente aufgetragen, wobei die erste Hauptkomponente 30,68 % und die zweite Hauptkomponente 15,92 % der Variabilität erklärt.

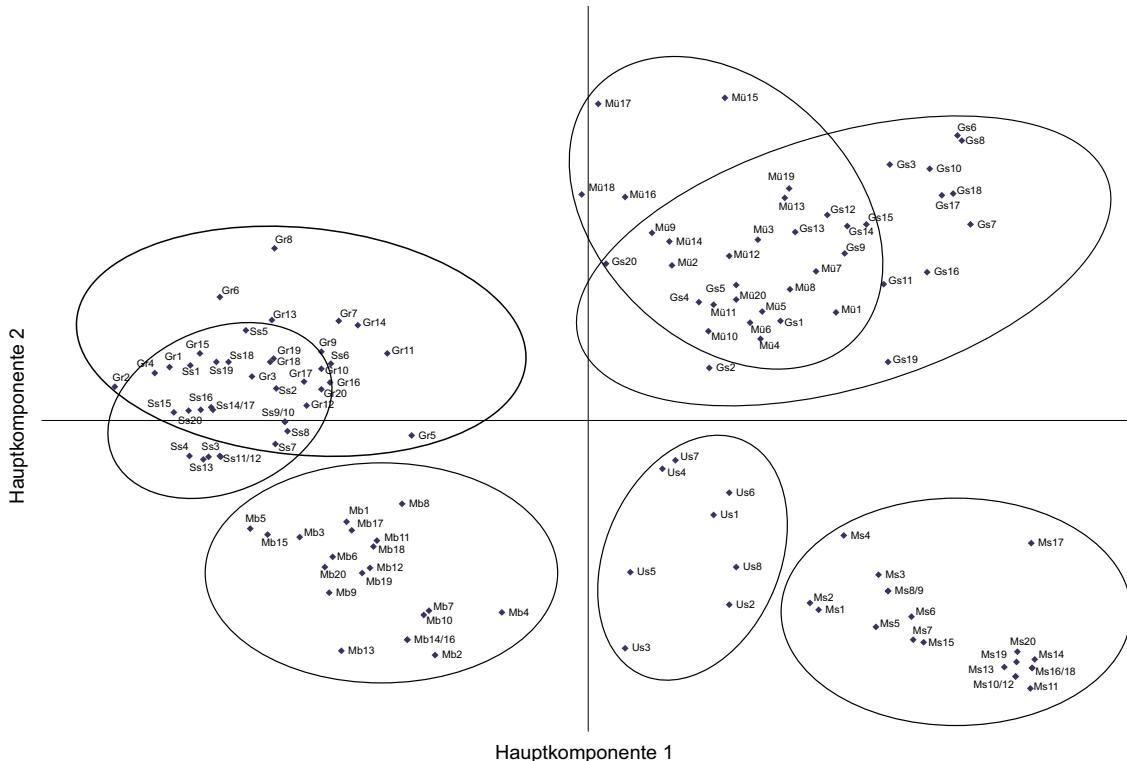


Abb. 25: Hauptkomponentenanalyse (principal coordinate analysis, PCA) der 128 *Euphorbia exigua* L.-Individuen. Dabei spiegelt die Hauptkomponente (1) 30,68 % und die Hauptkomponente (2) 15,92 % der Variabilität wider. Die Nummern und Buchstaben beziehen sich auf die Probenbezeichnungen. Alle zusammengehörigen Individuen einer Population sind eingerahmt dargestellt.

Wie in der Clusteranalyse werden auch hier die Populationen Mb, Us und Ms gut voneinander getrennt. Ebenso werden auch in der PCA die beiden Hauptcluster Schorfheide mit den drei Populationen Ss, Mb und Gr und auf der anderen Seite Müncheberg mit den Populationen der Uckermark Gs, Us und Ms sichtbar. Dass diese Trennung sogar schon mit der 1. Hauptkomponente erfolgt, zeigt die starke Unterschiedlichkeit auf dieser Ebene. Die Populationen Mü und Gs sind miteinander vermischt und damit wird, wie auch schon die Clusteranalyse zeigte, die genetische Ähnlichkeit der beiden Populationen deutlich. Zusätzlich überschneiden sich hier im Gegensatz zur Clusteranalyse die Individuen der Population Ss und Gr. Die Darstellung der dritten Achse könnte die Genauigkeit der PCA noch erhöhen. Die dreidimensionale

Darstellung gestaltet sich jedoch schwierig. Des Weiteren erklärt die dritte Hauptkomponente nur noch 9,15 % der Variabilität zusätzlich, so dass sich der Aussagewert dadurch nur unwesentlich steigern würde, deshalb wurde auf die Darstellung verzichtet.

Neben diesen Methoden auf der Individuenebene, wurde eine Clusteranalyse für die Populationen von *Euphorbia exigua* L. auf der Basis der genetischen Distanzen nach NEI (1978) durchgeführt (Abb. 26). Das Dendrogramm zeigt ähnliche Cluster wie die Clusteranalyse der genetischen Distanzen nach Tanimoto. Auch hier zeigt sich, dass die Population aus der Uckermark Gs der Population in Müncheberg (Mü) genetisch ähnlicher ist, als die Population aus der Uckermark Gs den beiden anderen Populationen aus der Uckermark Us und Ms. Ebenso bilden die Populationen der Schorfheide hier eine gemeinsame Gruppe. Der einzige Unterschied zur Clusteranalyse auf der Ebene der Individuen (vgl. Abb. 24) ist, dass sich hier die Populationen Ss und Gr und nicht Ss und Mb genetisch ähnlicher sind.

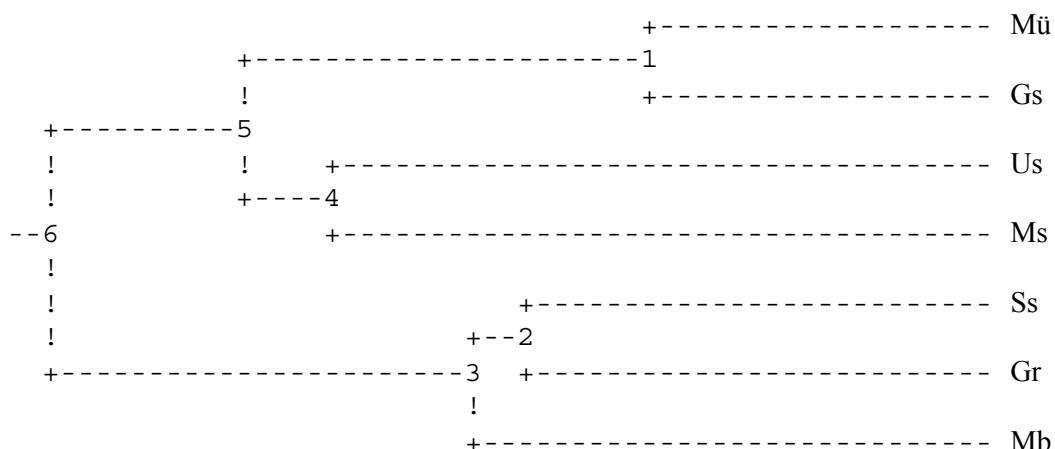


Abb. 26: Dendrogramm (UPGMA-Methode) auf der Basis der genetischen Distanzen (nach NEI 1978) für sieben *Euphorbia exigua* L.-Populationen. Berechnet mit POPGENE (Population Genetic Analysis Software) nach YEH et al. (1999). Mü = Müncheberg; Gs, Us, Ms = Uckermark; Ss, Gr, Mb = Schorfheide.

3.2.3 Diversitätsparameter

Die Abbildung 27 zeigt den Shannon-Index der untersuchten Populationen in Abhangigkeit von der Anzahl der Individuen. Dabei erfolgte die Berechnung so, dass der Index zweier zufallig ausgewahlter Individuen berechnet wurde und dann immer ein weiteres Individuum aus der Population hinzukam, bis der Index uber alle 20 Individuen den Endwert bildet. Bei der Population Us bricht die Kurve vorzeitig ab, da hier nur 8 Individuen analysiert wurden.

Bei allen Populationen stellt sich bereits bei ca. 10 bis 15 Individuen ein stabiler Wert der genetischen Diversität ein. Auffällig ist die Müncheberger Population, die einen höheren Wert als die anderen Populationen aufweist und innerhalb der Population einer größeren Schwankung der Diversität unterliegt.

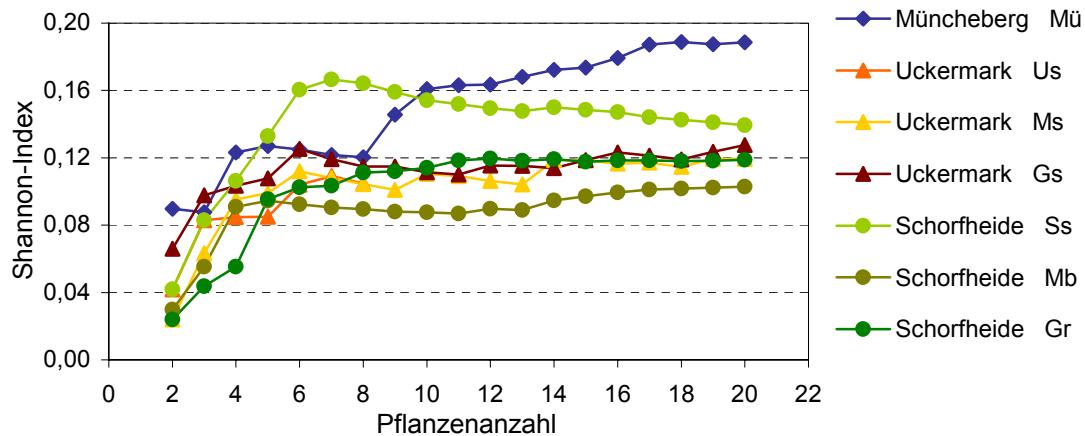


Abb. 27: Diversitätsmaß (Shannon-Index) der *Euphorbia exigua* L. Populationen in Abhängigkeit von der Anzahl der untersuchten Individuen. Von der Population Uckermark Us wurden nur 8 Pflanzen analysiert.

Wie in Abbildung 28 dargestellt ist, reicht der Shannon-Index von 0,1029 in der Population Mb (Schorfheide) bis 0,1885 in der Müncheberger Population. Die Diversität der Population in Müncheberg ist sogar noch etwas größer als die Gesamtdiversität aller 128 Individuen mit einem Shannon-Index von 0,1818. Betrachtet man nur die Populationen aus der Schorfheide und der Uckermark, liegt die Diversität in einem Bereich von ca. 0,10 bis 0,14.

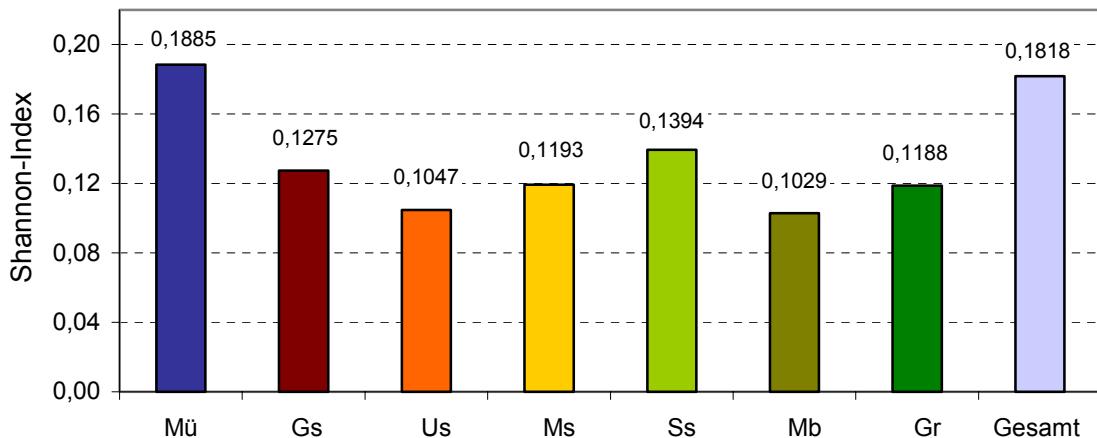


Abb. 28: Shannon-Indizes der *Euphorbia exigua* L.-Populationen im Vergleich mit dem Gesamtindex aller 128 Individuen.

3.2.4 Verteilung der genetischen Variabilität

Die Verteilung der genetischen Variabilität innerhalb und zwischen den Populationen wurde mit Hilfe des Programms GenAlEx nach PEAKALL & SMOUSE (2001) analysiert. Dabei wurden entsprechend den Standorten drei Ebenen betrachtet: zwischen den Regionen (Uckermark, Schorfheide, Märkische Schweiz), zwischen den Populationen in den einzelnen Regionen und innerhalb der Populationen (Mü, Gs, Us, Ms, Ss, Mb und Gr).

Die Ergebnisse der molekularen Varianzanalyse (AMOVA) sind in Tab. 12 zusammengefasst. Zwischen den Regionen lagen nur 14 % der molekularen Varianz. Innerhalb der Regionen, bzw. zwischen den untersuchten Populationen von *Euphorbia exigua* L. konnte 45 % der Varianz nachgewiesen werden. Innerhalb der Populationen liegt der restliche Anteil der Varianz bei 41 %.

Tab. 12: Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) der *Euphorbia exigua* L.-Populationen.

Ebene der Variation	FG*	Absolut	Varianz (%)
zwischen Regionen	2	0,021	14
zwischen Populationen innerhalb von Regionen	4	0,067	45
innerhalb von Populationen	121	0,061	41

*FG: Freiheitsgrad.

Der Signifikanzgrad von 0,01 (P probability value) basiert auf 999 Permutationen.

3.2.5 Zusammenhang von genetischer und geographischer Distanz

Mit Hilfe des Manteltests (MANTEL 1976) wurde die Korrelation der paarweisen genetischen Distanzmatrix mit der entsprechenden Matrix der paarweisen geographischen Distanzen der Einzelpflanzen getestet. Die geographischen Distanzen basieren auf den mittels GPS erfassten x-y-Koordinaten der Probepunkte.

In Abb. 29 sind die verschiedenen geographischen Distanzklassen in Abhängigkeit von der genetischen Distanz dargestellt. Die erste Klasse ist durch die Entfernung der Individuen innerhalb der Populationen definiert und liegt bei 0 km. Kurz darüber befindet sich die zweite Klasse der Populationen innerhalb der Regionen Uckermark und Schorfheide. Im mittleren Bereich liegen die Populationen Uckermark zu Schorfheide sowie Schorfheide zu Müncheberg mit jeweils ca. 50 km Abstand. Die vierte Distanzklasse bilden die Individuen aus Müncheberg zu den Individuen aus der Uckermark mit fast 100 km Abstand zueinander.

Die geringe Anzahl von Distanzklassen erschwert die Auswertung, so dass die Ergebnisse nur Tendenzen aufzeigen können. Zwischen den ersten drei Distanzklassen ist ein geringer Trend wahrnehmbar, aber die vierte Distanzklasse lässt keinen Zusammenhang mehr erkennen.

Zwischen der genetischen und der geographischen Distanz der untersuchten Populationen von *Euphorbia exigua* L. konnte mit einem Bestimmtheitsmaß von $r^2= 0,22$ bzw. einem Korrelationskoeffizienten von $r= 0,47$ nur ein sehr geringer korrelativer Zusammenhang gefunden werden.

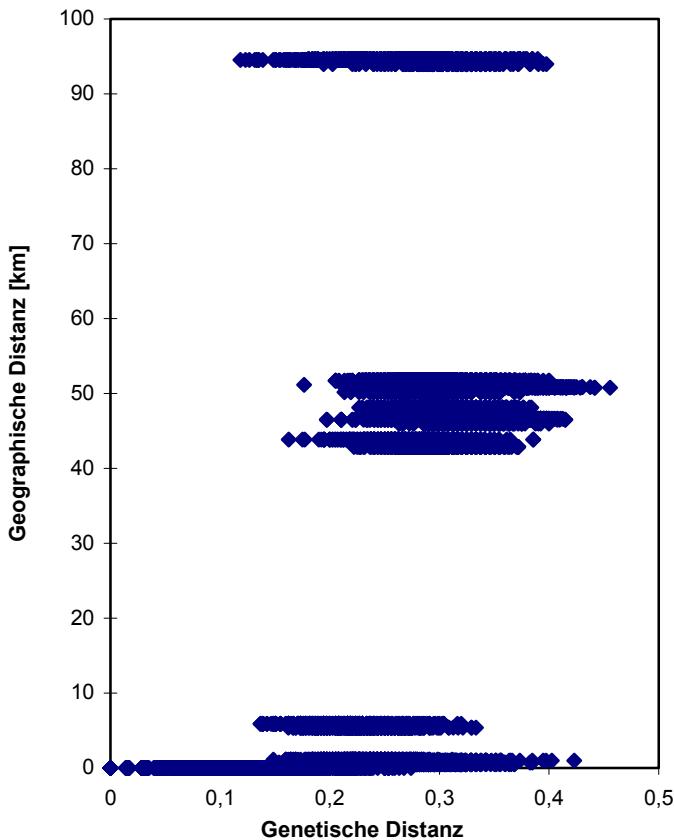


Abb. 29: Manteltest zum Zusammenhang zwischen der mittleren genetischen Distanz, basierend auf 101 AFLP-Marker und der geographischen Distanz nach Tanimoto von *Euphorbia exigua* L. Berechnet mit GenAIEx nach PEAKALL & SMOUSE (2001) (999 Permutationen).

4 Diskussion

4.1 Nutzung der AFLP-Technik zur Klassifizierung im Vergleich zu anderen Fingerprinttechniken

Morphologische Eigenschaften der Pflanzen wie der Habitus, die Pflanzengröße oder der Blütezeitpunkt werden sehr stark durch Umwelteinflüsse oder das jeweilige Entwicklungsstadium der Pflanze determiniert. Molekulare Untersuchungsmethoden ermöglichen hingegen eine Differenzierung der Genotypen einer Art unabhängig von den Umweltfaktoren. Da in dieser Arbeit die Ackerwildkrautpopulationen von *Euphorbia exigua* L. genetisch differenziert und klassifiziert werden sollten, erfolgte eine molekulargenetische Untersuchung mittels der AFLP-Technik (VOS et al. 1995). Auf der Basis von vorliegenden Untersuchungen bei Maniok (ROA et al. 1997; ELIAS et al. 2000), konnte die Methode auch bei *Euphorbia exigua* L. erfolgreich etabliert werden. Die molekularen AFLP-Marker sind aufgrund ihres großen Polymorphismus sehr gut geeignet,

um die genetische Diversität von *Euphorbia exigua* L.-Populationen zu beschreiben. Mit einer Primer-Enzym-Kombination wurden 101 DNA-Fragmente sichtbar gemacht, wovon 67 Fragmente polymorph waren. So wurde eine große Stichprobe des Genoms auf variable Regionen untersucht. Durch die hohe Auflösung der Methode wurden mit dem Primerpaar EcoRI-AAC/MseI-GTA nahezu alle Individuen differenziert. In acht Fällen waren die AFLP-Muster zweier Pflanzen identisch. Ob es sich hierbei um genetisch identische Klone handelt, müsste durch den Einsatz von ein oder mehreren weiteren Primerpaaren überprüft werden. Erst wenn auch dann die Individuen nicht getrennt werden, kann man vermuten, dass Klone vorliegen. Üblicherweise werden in AFLP-Untersuchungen wie z. B. bei ROA et al. (1997) oder ELIAS et al. (2000) mindestens zwei oder mehr Primerkombinationen genutzt. Aufgrund des hohen Arbeitsaufwandes wurde in dieser Arbeit darauf verzichtet.

Die Möglichkeit standardisierte Kits für die Analyse zu nutzen (WOLFE & LISTON 1998), erleichtert den Arbeitsaufwand erheblich. Von Nachteil ist jedoch, dass andere PCR-basierte Techniken nur ein Mal amplifizieren müssen, während bei AFLP neben der Restriktion und der Ligation zwei PCRs durchgeführt werden. Bei der gel-elektrophoretischen Trennung reicht ein normales Agarose Gel nicht aus, entweder nutzt man ein Polyacrylamid-Gel oder man trennt mit Hilfe des Sequenzers ABI Prism 310, der in dieser Arbeit verwendet wurde.

Die AFLP-Technik konnte auch bei einer Reihe von anderen Pflanzenarten erfolgreich für die Analyse von Populationen eingesetzt werden (ROA et al. 1997; RONIKIER 2002; ZIEGENHAGEN et al. 2003). Am Beispiel von *Elymus repens* konnte z. B. gezeigt werden, dass eine gute Beziehung zwischen den Daten der AFLP-Analyse und den morphologischen Unterschieden besteht. Darüber hinaus bildet die AFLP die genetische Diversität innerhalb und zwischen Populationen ab (SZCZEPANIAK et al. 2002). Ausgehend von AFLP-Daten wurde bei *Rhododendron ferrugineum* L. die Korrelation zwischen genetischer und geographischer Distanz berechnet (ESCARAVAGE et al. 1998) und ebenso können AFLP-Daten zur Abschätzung der Identität unterschiedlicher Genome genutzt werden (INNAN et al. 1999).

Für populationsgenetische Untersuchungen stehen weitere Methoden wie die Isoenzym-Analyse zur Verfügung. Mit dem Nachweis von Isoenzymen unterschiedlichster Enzymgruppen werden einzelne Genorte (Loci) biochemisch analysiert und auf ihre Allelvariation hin untersucht. Dabei werden codominante Daten erzeugt, die eine Differen-

zierung und auch eine Klassifizierung innerhalb einer Art zulassen (JASIENIUK & MAXWELL 2001). Ein Nachteil der Isoenzym-Analysen ist jedoch der eingeschränkte Polymorphismus, der darauf beruht, dass nur ein limitiertes Set an Isoenzymen zur Verfügung steht. Dadurch kann die genetische Diversität, die nachgewiesen wird, unter Umständen geringer sein als sie tatsächlich ist (SCHNELLER & HOLDEREgger 1996).

Es gibt neben der AFLP-Technik aber auch einige DNA-basierte Techniken, die für populationsgenetische Untersuchungen geeignet sind. Die RAPD (random amplified polymorphic DNA)-Analysen sind z. B. einfacher und schneller in der Durchführung als AFLPs. Ferner ist die DNA-Menge, die für die Analysen eingesetzt werden muss, geringer. Der Nachteil ist jedoch, dass nur dominante Marker nachweisbar sind und die Muster eine geringere Auflösung haben, dass heißt man erhält weniger Banden. Des Weiteren ist die Reproduzierbarkeit deutlich geringer als bei der AFLP-Technik. (WOLFE & LISTON 1998; JASIENIUK & MAXWELL 2001).

Ebenso wie die AFLP-Marker eignen sich Mikrosatelliten sehr gut zur Differenzierung und Klassifizierung der Individuen (ROA et al. 2000). Darüber hinaus kann mit Hilfe dieses codominanten Markers eine eindeutige allelische Zuordnung der Variation und damit Genotypisierung erfolgen. Für eine ausreichende Differenzierung der Individuen müssen jedoch eine Reihe von Mikrosatelliten zur Verfügung stehen. Da für *Euphorbia exigua* L. keine Mikrosatellitenorte bekannt sind und erst eine Identifizierung solcher Mikrosatellitenorte durch ein Screening des Gesamtgenoms erfolgen müsste, wurden für diese Arbeit die AFLP-Marker bevorzugt. Im Gegensatz zur Mikrosatelliten-Analyse, die sich auf den nicht-codierenden Bereich beschränkt und damit Veränderungen eher stochastisch sind, können durch die AFLP-Technik Variationen im Gesamtgenom beschrieben werden. Dadurch kann die Variation der AFLP-Marker eher einer gerichteten Selektion unterliegen, welche die Anpassung an veränderte Umweltbedingungen widerspiegelt.

4.2 Genetische Diversität und Variabilität der *Euphorbia-exigua*-Populationen

Der Polymorphiegrad (Anzahl polymorpher Genorte) dient als Maßeinheit der genetischen Variation (DANNEMANN 2000) und gibt Auskunft darüber wie divers die untersuchten Populationen sind. Die Polymorphiegrade der *Euphorbia exigua* L.-Populationen in der Uckermark und in der Schorfheide liegen mit ca. 30 % niedriger als der

Polymorphiegrad der Population in Müncheberg mit 50 %. Damit beträgt der Polymorphiegrad aller 128 Individuen 66 %. Dieses Ergebnis spiegelt sich auch in den berechneten Daten des Shannon-Index wider. Die genetische Diversität der untersuchten Populationen der Uckermark und der Schorfheide liegt in einem Bereich zwischen 0,10 und 0,14. Sie sind damit nicht so divers wie die Population aus Müncheberg, die mit ca. 0,19 über den anderen Werten liegt.

Diese Ergebnisse können nicht direkt mit den Daten aus der Literatur verglichen werden, da bisher keine Untersuchungen zur genetischen Diversität von *Euphorbia exigua* L. vorlagen. Deshalb kann die hier ermittelte artspezifische Diversität nicht in Relation zu anderen weiter entfernten Populationen ausgewertet werden. Ein Vergleich mit anderen Arten ist ebenfalls nicht möglich, da die genetische Diversität von Art zu Art verschieden ist. Die aus der Forschung verfügbaren Daten betreffen andere Arten. So gibt es z. B. Untersuchungen zur genetischen Diversität bei der wirtschaftlich bedeutenden Grünlandart *Lolium perenne* L. (POSSELT 2000; GUTHRIDGE et al. 2001) oder der weit verbreiteten Quecke (*Elymus repens*) (SZCZEPANIAK et al. 2002), welche die AFLP-Technik nutzen. Die AFLP-Marker wurden auch schon in Untersuchungen zur genetischen Variabilität in seltenen Pflanzenarten wie *Pulsatilla vernalis* (RONIKIER 2002) oder *Pedicularis palustris* (SCHMIDT & JENSEN 2000) verwendet.

Ein weiterer Grund, der eine Vergleichbarkeit der Ergebnisse mit anderen Analysen nicht zulässt, liegt darin, dass die genetische Diversität stark von der verwendeten Methode abhängig ist. DANNEMANN (2000) verwendete z. B. für die Erforschung der genetischen Diversität in Populationen der Art *Biscutella laevigata* die RAPD-Technik. Die gleiche Methode verwendeten FISCHER & MATTHIES (1998) bei der seltenen Art *Gentianella germanica*. SCHMIDT et al. (2001) haben die genetische Diversität des Ackerunkrautes *Alopecurus myosuroides* untersucht und dabei eine hohe genetische Diversität vorgefunden. Sie verwendeten jedoch ebenfalls die RAPD-Technik, so dass auch diese Ergebnisse mit den in dieser Arbeit erzeugten AFLP-Daten nicht direkt vergleichbar sind.

Die Ergebnisse der Clusteranalyse auf der Ebene der Individuen zeigen, dass die Populationen eindeutig getrennt werden, d. h. dass sich die Individuen einer Population auch genetisch am ähnlichsten sind. Entsprechendes gilt für die drei Populationen in der Schorfheide, denn auch diese bilden einen gemeinsamen Cluster. Besonders auffällig ist, dass die Population aus Müncheberg mit einer Population aus der Uckermark zu-

sammenclustert, da die beiden Populationen offensichtlich eine hohe genetische Ähnlichkeit aufweisen. Die Clusteranalyse ist ein exploratives Verfahren, so dass zusätzlich eine Hauptkomponentenanalyse (PCA) und eine weitere Clusteranalyse auf der Ebene der Populationen hinzugezogen wurden. Ein Vorteil der Hauptkomponentenanalyse liegt auch in der besseren graphischen Darstellung großer Individuenzahlen, wohingegen individuelle genetische Unterschiede in einer Clusteranalyse deutlicher werden. Vergleicht man die Ergebnisse der drei Methoden, stellt man geringe Unterschiede fest. Während in der Clusteranalyse auf Individuenebene sich die Populationen Ss und Mb genetisch ähnlicher sind, sind es in der PCA und der Clusteranalyse auf Populationsebene Ss und Gr. Da diese Ergebnisse in den Berechnungen unterschiedlich sind, werden sie nicht interpretiert. Die Resultate, die in allen Methoden gleich sind, werden als stabil angesehen. In allen drei Methoden wird die genetische Ähnlichkeit der drei Populationen der Schorfheide und die nahe Verwandtschaft der Populationen Mü und Gs bestätigt.

Ziel der AMOVA nach EXCOFFIER et al. (1992) war es, die genetische Variabilität innerhalb und zwischen den Populationen und Regionen zu ermitteln. Danach konnten 45 % der Gesamtvarianz auf die genetische Variabilität zwischen den Populationen und 41 % innerhalb der sieben Populationen zurückgeführt werden. Die Varianz zwischen den drei Untersuchungsregionen Uckermark, Schorfheide und Märkische Schweiz betrug 14 %. Das bedeutet, dass 41 % der Gesamtvarianz auf individuelle genetische Unterschiede zurückzuführen sind, während 59 % durch Standort- oder Populationsunterschiede erklärt werden können. Die geringe Varianz zwischen den Regionen kann auch daher röhren, dass nur drei Regionen untersucht wurden und sich zwei Populationen aus verschiedenen Regionen, Mü aus der Märkischen Schweiz und Gs aus der Uckermark sehr ähnlich waren. Damit bestätigen die mittels AMOVA berechneten Varianzen die Daten aus der Clusteranalyse.

Der Probenumfang von 20 Individuen pro Population wurde eingangs in Abhängigkeit von Literaturangaben anderer Arten (z. B. RONIKIER 2002) und in Abhängigkeit vom Arbeitsaufwand festgelegt. Entsprechend wählten GUTHRIDGE et al. (2001) für ihre genetischen Untersuchungen mit AFLP-Markern bei *Lolium perenne* L. einen Probenumfang von 20 Individuen pro Population nicht zuletzt, um eine zu große Probenahme zu vermeiden. Nach MARSHALL & BROWN (1975) gilt für die Wahl des geeigneten Probenumfanges der Grundsatz, dass eine geringe Variation innerhalb von Populationen

auch einer geringen Individuenanzahl bedarf, während eine hohe Variabilität in den Populationen größere Probenumfänge benötigt. Demnach musste überprüft werden, ob der gewählte Probenumfang ausreichte, um die genetische Diversität einer *Euphorbia exigua* L.-Population hinlänglich zu beschreiben. Die Berechnung des Shannon-Index in Abhängigkeit von der Pflanzenanzahl zeigte, dass die Probenzahl von 20 gut gewählt war, denn bereits bei 10 bis 15 Individuen ergab sich ein stabiler Wert der genetischen Diversität für alle Populationen. Diese Information ist sehr wertvoll als Ausgangsbasis für die Bestimmung des Probenumfangs in weiterführenden Untersuchungen.

4.3 Einfluss der geographischen Distanz und der Nutzung auf die genetische Diversität / Variabilität der Populationen

Die Clusteranalyse zeigte eine deutliche Trennung der Populationen. Ohne Ausnahme clustern alle Individuen, die zu einer Population gehören zusammen. Auch die Populationen der Region Schorfheide bilden einen gemeinsamen Cluster. Interessanter Weise finden sich jedoch die zwei Populationen Müncheberg Mü und Uckermark Gs, die geographisch am weitesten voneinander entfernt liegen (ca. 95 km) in einer Gruppe zusammen. Dieses Ergebnis wird in der PCA und in der zweiten Clusteranalyse bestätigt. Ausgehend von dieser Übereinstimmung zeigte auch der Manteltest nur einen sehr geringen Zusammenhang zwischen genetischer und geographischer Distanz. Das bedeutet, dass der gemeinsame Cluster der Region Schorfheide durch die geringe geographische Distanz erklärbar ist. Insgesamt zeigen jedoch die Ergebnisse aus den Clusteranalysen, aus der PCA und aus dem Manteltest, dass die genetische Ähnlichkeit der *Euphorbia exigua* L.-Populationen nicht allein auf der geographischen Distanz beruht, sondern andere Einflussfaktoren eine Rolle spielen könnten. Im folgenden werden verschiedene in Frage kommende Einflussparameter betrachtet.

Während die Mutation als ein konstanter Faktor in der Entwicklung angesehen wird, haben die Fremdbefruchtungsrate und der Diasporeneintrag einen großen Einfluss auf den Genfluss zwischen den Populationen und damit auf ihre genetische Diversität (WINGENDER 2000; HAMRICK & GODT 1989). *Euphorbia exigua* L. ist eine Art, die sich selbst ausbreitet, bzw. durch Ameisen verbreitet wird. Da weder die explosionsartige Selbstausbreitung der Samen noch die Ameisen eine Ausbreitung über größere geographische Distanzen zulässt, kann man davon ausgehen, dass durch die Samen ein Genfluss nur in geringem Maße zwischen den Populationen erfolgt. Zur Fremdbe-

fruchtungsrate von *Euphorbia exigua* L. werden in der Literatur keine Angaben gemacht. Nach CREMER et al. (1991) erfolgt die Bestäubung von *Euphorbia exigua* L. durch Fliegen, so dass der Genfluss durch Pollen einen teilweisen Austausch ermöglicht und dadurch eine gewisse Verbindung der Populationen vorhanden ist.

Ein weiterer wichtiger Parameter, der einen Einfluss auf die genetische Diversität haben könnte, ist der Standort. Durch Selektion bilden sich in Abhängigkeit der Standortfaktoren verschiedene Genotypen heraus, die auch als Ökotypen bezeichnet werden.

Als erstes sollen die Bodenparameter genauer betrachtet werden. Hinsichtlich der Bodenart unterscheiden sich die Untersuchungsstandorte nur geringfügig. Alle Standorte verfügen über lehmigen Sand, bis auf die Fläche Us wo sandiger Lehm vorliegt. Die Bodenzahlen aus der Reichsbodenschätzung liegen auf den Standorten Mü und Gs bei 30, und unterscheiden sich damit von den anderen Standorten der Uckermark, deren Werte bei 55 bzw. 23 liegen.

ELLENBERG et al. (1992) ordnen *Euphorbia exigua* L. die Reaktionszahl 8 zu (also Schwachbasenzeiger bis Basenzeiger und meist auf Kalk weisend), wobei diese Art aber auch auf saure Äcker übergreifen kann (ELLENBERG 1996). Dies zeigt, dass *Euphorbia exigua* L. als basophile Art mehr oder weniger kalkhaltigen Untergrund bevorzugt (NEZADAL 1973), dass die Standorte für ein Vorkommen der Art jedoch nicht notwendiger Weise alkalisch sein müssen. Die auf den untersuchten Standorten vorgefundenen pH-Werte im schwach alkalischen Bereich reichen offensichtlich aus. Die pH-Werte der Standorte Mü und Gs sind mit 7,2 genauso hoch wie die der Standorte der in der Schorfheide. Die beiden anderen Standorte der Uckermark Us und Ms weisen mit 7,0 und 6,9 einen etwas niedrigeren Wert auf. Die Nährstoffgehalte variieren sehr stark zwischen den Standorten. So sind die K und P-Gehalte des Müncheberger Standortes fast doppelt so hoch wie auf der Fläche Gs in der Uckermark. Des Weiteren lassen sich die beiden Standorte Mü und Gs hinsichtlich der C_t, N_t und C_{org}-Gehalte und des C/N-Verhältnis nicht eindeutig von den anderen Untersuchungsstandorten abgrenzen. Insgesamt ist festzustellen, dass die ermittelten Bodenparameter der Standorte Unterschiede aufweisen, die sich nicht wie die genetischen Unterschiede klassifizieren lassen.

Die Artenzusammensetzung der Vegetationsaufnahme weist ebenfalls einige Unterschiede auf. Zum Beispiel traten auf dem Standort in Mü sieben Arten auf, die weder auf dem Standort Gs noch auf einem der anderen Standorte zu finden waren. Es gab jedoch auch Arten, die sowohl auf den Flächen in Mü und Gs als auch auf den anderen

Flächen der Uckermark vorkamen. Hinsichtlich der Vegetationszusammensetzung sind die Flächen der Standorte relativ variabel. Diese Unterschiede können jedoch wiederum auf Standortfaktoren zurückzuführen sein und werden daher nicht als primäres Kriterium im Hinblick auf die genetische Diversität der *Euphorbia exigua* L.-Populationen bewertet.

Ein weiteres Charakteristikum des Standortes ist die Hangposition. Die Probeflächen der Standorte Mü und Gs lagen beide als einzige auf dem Top einer Kuppe. Hingegen befanden sich die beiden anderen Probeflächen der Uckermark Ms und Us sowie die Flächen Mb und Gr aus der Schorfheide am Mittelhang. Nur die Fläche Ss lag auf einer Kuppe fast auf dem Top.

Bleibt zuletzt die Betrachtung der Nutzung bzw. des Flächenmanagements der Standorte. Die Probefläche Gs lag in der Mitte einer Stilllegungsfläche, die wiederum umgeben von integriert bewirtschaftetem Ackerland lag. Da die Fläche im Jahr vor der Probennahme gepflügt wurde, konnte sich hier eine artenreiche Segetalflora ansiedeln. Die Fläche in Müncheberg wird auf traditionelle Weise extensiv bewirtschaftet, dadurch konnten sich auch hier viele Segetalarten etablieren. Das Vorkommen von *Euphorbia exigua* L. auf dieser Probefläche ist unter anderem auch auf die geringe Bestandesdichte der Kulturpflanzen, bedingt durch die Handsaat, zurückzuführen. Beide Flächen sind also hinsichtlich ihrer Nutzungsintensität relativ ähnlich, denn die eine Fläche wurde zwar stillgelegt, aber dennoch bearbeitet und die andere Fläche wird zwar jährlich bewirtschaftet, aber nur sehr extensiv. Die Probefläche Gs gehört wie die beiden anderen Flächen der Uckermark Ms und Us zu dem Flächenmanagement der schlaginternen Segregation mit dem Unterschied, dass Ms und Us am Rande der Stilllegungsflächen lagen. Daher sind diese Flächen durch Randeinflüsse des unmittelbar angrenzenden integriert bewirtschafteten Ackers gekennzeichnet, während Gs in der Mitte eines stillgelegten Schlages relativ unbeeinflusst durch die Bewirtschaftung der benachbarten Äcker liegt. Die Standorte der Schorfheide lassen sich hinsichtlich ihres Flächenmanagements ebenfalls von den Standorten Mü und Gs abgrenzen, da dort alle Flächen nach den Richtlinien des biologisch-dynamischen Anbaus bewirtschaftet werden.

Die Ähnlichkeiten im Flächenmanagement bzw. der Nutzung der Flächen Mü und Gs, im Gegensatz zu den anderen Flächen, könnte ein Hinweis für die genetische Ähnlichkeit der Individuen dieser Flächen sein.

Die Abhängigkeit der Artenvielfalt der Ackerwildkräuter von der Nutzungsintensität wurde bereits untersucht (OESAU 2002; HILBIG 1997; BECKER & HURLE 1989). Segetalarten sind wie Pflanzen anderer Biotope an bestimmte Standortfaktoren gebunden. Dabei spiegelt die Vegetation der Kulturlandschaft nicht nur die charakteristischen Standortfaktoren der Region wider, sondern auch die aktuelle Art der Landnutzung (WALDHARDT et al. 2001). Zu den ackerbaulichen Faktoren zählen die Kulturart, die Bestandessdichte, der Bestell- und Erntetermin, Bekämpfungsmaßnahmen und die Düngung (ARLT et al. 1991).

Es stellt sich die Frage, inwiefern die Standortfaktoren wie z. B. die Art der Nutzung und die damit verbundene Nutzungsintensität auch die genetische Diversität und Variabilität der Ackerwildkrautpopulationen beeinflussen.

4.4 Bedeutung der genetischen Diversität für den Erhalt der Vielfalt der Arten an ausgewählten Beispielen

In dieser Arbeit wurde besonderer Wert auf die Abhängigkeit von geographischer und genetischer Distanz mit Einflüssen der Nutzung gelegt. Folgende Beispiele zeigen, dass in anderen Untersuchungen zur genetischen Diversität von Pflanzenpopulationen dieses Thema ebenfalls aufgegriffen wird. Zudem werden aber unter anderem auch Wechselbeziehungen der genetischen Diversität zu Parametern, wie Morphologie oder Plastizität untersucht. Die Ergebnisse werden letztlich genutzt, um Schutzmaßnahmen für den Erhalt der Arten und ihrer genetischen Vielfalt abzuleiten.

WUNDER et al. (1999) haben die genetische Diversität von Wildpflanzenpopulationen an ausgewählten Arten (*Camelina microcarpa*, *Carum carvi*, *Conringia orientalis*, *Humulus lupulus* und *Valerianella locusta*), untersucht. Ziel war es, eine Bestandsaufnahme dieser pflanzengenetischen Ressourcen und deren genetischer Vielfalt zu liefern. Sie konnten keinen Zusammenhang von geographischer und genetischer Distanz sowie keine Korrelation zu Großlandschaften bzw. Standorten nachweisen.

Bei *Rhododendron ferrugineum* L. hingegen wurde ausgehend von AFLP-Daten mittels Manteltest eine Korrelation zwischen genetischer und geographischer Distanz gefunden (ESCARAVAGE et al. 1998). Ausgangspunkt dieser Untersuchung war es, mittels einer genetische Analyse die vegetative Ausbreitung der Art anhand der räumlichen Verteilung der Klone nachzuvollziehen. Die populationsgenetische Analyse ist hier wegen der

dichten Populationsstruktur von Bedeutung und weil eine morphologische Differenzierung der Individuen nicht möglich ist.

SZCZEPANIAK et al. (2002) untersuchten die deutlich sichtbare morphologische Variabilität in Beziehung zur genetischen Diversität von *Elymus repens*-Populationen unterschiedlicher Habitate. Sie nutzten dabei ebenfalls die AFLP-Technik. Mit Hilfe einer Clusteranalyse und einer PCA konnten die Populationen genetisch getrennt werden. Die Berechnung des Manteltestes zeigte jedoch keine signifikante Korrelation zwischen genetischer und morphologischer Variabilität. SZCZEPANIAK et al. (2002) schlussfolgerten aus den Ergebnissen, dass die morphologische Variabilität aufgrund der geringen genetischen Diversität vermutlich auf der Plastizität der Pflanzen beruht.

KARRENBERG et al. (2000) haben mittels AFLP *Pedicularis palustris* populationsgenetisch analysiert, um aus den Ergebnissen Konsequenzen für den Naturschutz zu ziehen. Genetische Untersuchungen in Populationen seltener Pflanzenarten dienen oft als Grundlage, um Schutzstrategien für eine ex situ Erhaltung dieser Arten zu entwickeln (RONIKIER 2002). Dies gilt jedoch nicht nur für seltene Arten, sondern auch bei Nutzpflanzen spielt die genetische Diversität für die Erhaltung von Arten bzw. Sorten eine Rolle. Bei *Manihot esculenta* (Maniok) wurden verschiedene Sorten mittels AFLP-Markern auf ihre genetische Variabilität hin untersucht. Die Ergebnisse zeigen, dass regionale Sorten als eine wichtige Quelle genetischer Diversität, als pflanzengenetische Ressource, mit entsprechenden Schutzstrategien erhalten werden sollten (ELIAS et al. 2000).

In einem Projekt, das zur Zeit eine Arbeitsgruppe der Universität in Gießen bearbeitet, wird der Zusammenhang zwischen genetischer Diversität und Fitness der Populationen untersucht. Dies ist von Bedeutung, da die Fitness, die sich auch in der Fortpflanzungsfähigkeit der Individuen ausdrückt, für die Erhaltung der Arten eine wichtige Rolle spielen. Dabei werden die Auswirkungen unterschiedlicher ackerbaulicher Nutzungs geschichte auf die genetische Struktur von Populationen ausgewählter annueller Ackerwildkräuter (*Arabidopsis thaliana*, *Galeopsis tetrahit*, *Viola arvensis*) untersucht. Hierbei wird besonders der Einfluss von Herbizidanwendungen berücksichtigt. Den Untersuchungen liegt die Hypothese zugrunde, dass sich die genetische Architektur von Ackerwildkrautpopulationen und damit einhergehend ihre phänotypische Plastizität und Fitness aufgrund moderner Produktionsmethoden im Laufe der letzten Jahrzehnte verändert haben. Die Ackerwildkrautpopulationen werden aus der Diasporenbank unterschiedlich bewirtschafteter Ackerflächen einer Extensiv- und einer Intensivagrar-

landschaft gewonnen. Die Untersuchungen zur genetischen Diversität erfolgen mit RAPD-Markern bzw. mit Hilfe von Mikrosatelliten (SCHUBERT et al. 2000).

5 Schlussfolgerungen und Ausblick

5.1 Schlussfolgerungen

Der Rückgang der Biodiversität wird als ein ökologisches Problem angesehen. Daher hat sich auch die Konvention über Biologische Vielfalt (CBD) zum Ziel gesetzt, die Biodiversität zu erhalten. Im ersten Kapitel der Arbeit wurde beschrieben, dass unter biologischer Vielfalt auch die Ebene der genetischen Vielfalt verstanden wird. Warum ist nun gerade die Erhaltung der genetischen Vielfalt von Bedeutung? Viele Untersuchungen zeigen, dass für eine langfristige Erhaltung von Arten die genetische Vielfalt in den Populationen eine wichtige Rolle spielt. FISCHER & SCHMID (1998) haben am Beispiel des Deutschen Enzians gezeigt, dass gerade bei seltenen Arten die Anpassungsfähigkeit an veränderte Umweltbedingungen nur bei ausreichender genetischer Variabilität gewährleistet werden kann. Nach TIEDEMANN (2000) kann eine intensive genetische Verarmung und daraus eine möglicherweise folgende verminderte Fortpflanzungsfähigkeit (Fitness) zum weiteren Rückgang von Populationen bis hin zum Aussterben führen.

Die Besonderheit der Agrarökosysteme liegt darin, dass sie einer ständigen Nutzung unterliegen. Wie eingangs beschrieben, sind Ackerwildkräuter dadurch gekennzeichnet, dass sie nicht nur an diese Nutzung angepasst sind, sie sind sogar von einer gewissen Störung abhängig (HOFMEISTER & GARVE 1998). Das Problem liegt also nicht in der Nutzung an sich, sondern in der Intensität der Nutzung. So wie die ehemaligen Landnutzungsformen die Vielfalt in den Agrarökosystemen erhöht haben (KNAUER 1995), muss auch heute bei dem Bestreben diese Vielfalt zu erhalten, ein Augenmerk auf die Art der Landnutzung gelegt werden.

Betrachtet man die Ebene der Artenvielfalt, ist es grundsätzlich eine wichtige Voraussetzung für den Schutz von Biodiversität die Vielfalt zu messen und das Gemessene zu bewerten (GÖRG et al. 1999). Dabei darf jedoch eine hohe Diversität nicht grundsätzlich als Indikator für den optimalem Zustand eines Ökosystems angesehen werden. Sie ist nicht notwendigerweise mit einer vielfältigen Vernetzung von Stoffkreisläufen und Energiefluss verknüpft und bedingt nicht ausschließlich die dynamische Selbstorganisati-

sationsfähigkeit von Ökosystemen. Diese wird durch die zentrale Fähigkeit der Ökosysteme zur Selbstregulation bedingt, die für die systemoptimale Diversität sorgt. Zeitlich betrachtet kann aber absinkende Diversität in einem beobachteten Ökosystem ein Indikator für eine Störung in einer Lebensgemeinschaft sein (ARLT & EGGLERS 1997), wobei die natürlichen Schwankungen der Diversität in Populationen beachtet werden müssen. Da die Ackerbegleitflora früher viel reicher strukturiert war als heute, sind Ackerwildkräuter gute Indikatoren für den anhaltenden Verlust an Artenvielfalt und Variabilität durch intensive Produktionsmethoden (SPAHLARI et al. 1996).

Um Indikatoren auch entsprechend für den Verlust an genetischer Diversität von Ackerwildkräutern zu entwickeln, wurde mit dieser Arbeit eine Voraussetzung geschaffen. An einem ausgewählten Beispiel wurde eine geeignete Technik etabliert, die es ermöglicht die genetische Diversität und Variabilität von Ackerwildkrautpopulationen zu bestimmen. Die ersten Ergebnisse zeigen, dass die Methodik, angewandt auf einen größeren Probenumfang, weitere wichtige Ergebnisse erzielen kann. Diese Untersuchungen sollten dann genutzt werden, um Handlungsempfehlungen bzw. Richtlinien für die Nutzung festzulegen, damit die Vielfalt in den Agrarökosystemen durch den Erhalt der Segetalarten auch langfristig gesichert werden kann. Dabei müssen jedoch neben den naturschutzfachlichen Betrachtungen auch wirtschaftliche Faktoren untersucht werden. Nur dadurch kann eine realistische praktische Umsetzung erfolgen.

Geht man davon aus, dass die extensive Bewirtschaftung wie sie auf der betrachteten Müncheberger Fläche erfolgt, zwar die genetische Diversität der Ackerwildkräuter optimal fördert, dann ist diese Form jedoch keine echte Alternative für die heutige Landwirtschaft. Der Bauer erwirtschaftet so niedrige Erträge, dass er sich fast ausschließlich aus den Förderungen des Vertragsnaturschutzes des Landes Brandenburg finanziert. Das Projekt „Schlaginterne Segregation“ zeigt hingegen, dass Stilllegungsflächen innerhalb von intensiv bzw. integriert bewirtschafteten Äckern, die einem naturschutzfachlich begründetem Management unterzogen werden, nicht nur eine hohe Artenvielfalt aufweisen, sondern für den Landwirt durchaus von wirtschaftlichem Interesse sind (BERGER & PFEFFER 2000). Damit bietet diese Möglichkeit eine praktische Alternative, Naturschutzpotentiale in der Landwirtschaft zu bewahren bzw. wiederherzustellen und sollte daher auch in zukünftigen Untersuchungen zur genetischen Diversität von Ackerwildkrautpopulationen miteinbezogen werden.

Da die Nutzungsintensität von den Landwirten gesteuert wird, kommt ihnen bei dem Bestreben sie genetische Vielfalt und die Artenvielfalt der Agrarökosysteme zu erhalten, eine wichtige Bedeutung zu. HARIS (1990) befragte Landwirte nach ihrer Meinung weshalb Arten geschützt werden sollten. Dabei spielte der Nutzaspekt (z. B. Bestäubung der Kulturpflanzen) eine größere Rolle als der Erhalt des Genpotenzials. ADOMBENT (2002) musste feststellen, dass ungeachtet aller Vorschläge und Empfehlungen, die Landwirte die Kulturlandschaft nach Maßgabe von Produktionserfordernissen gestalten, die durch die Nachfrage gesteuert werden. Damit liegt die Verantwortung nicht mehr nur allein bei dem Landwirt, sondern auch bei dem Verbraucher, der nur durch eine Änderung seines Konsumverhaltens eine biodiversitätsschonende oder -erhaltende Landnutzung erreichen kann (ADOMBENT 2000).

Insgesamt kann zusammengefasst werden, dass die Erhaltung der genetischen Diversität, die Gegenstand der Untersuchungen dieser Diplomarbeit war, von aktueller politischer Bedeutung ist. Die verwendete AFLP-Technik ist eine sehr wirkungsvolle Methode zur Differenzierung und Klassifizierung von Individuen und wird in vielen anderen Untersuchungen verwendet. Die Betrachtung der genetischen Diversität kann in verschiedenen Richtungen erfolgen, sei es durch einen Vergleich zwischen morphologischen Parametern oder Fitnessparametern, oder um der Frage nach den Standort- und den Nutzungseinflüssen nachzugehen.

5.2 Ausblick

In der Literatur stehen für einen Vergleich der genetischen Diversität von Ackerwildkrautpopulationen leider keine geeigneten Daten zur Verfügung. Die Ergebnisse dieser Arbeit können als Voruntersuchung für nachfolgende Forschungsarbeiten gesehen werden.

In den weiterführenden Untersuchungen wäre es interessant die bereits aufgeworfene Frage zum Einfluss der Nutzung auf die genetische Diversität näher zu beleuchten. Die Ergebnisse dieser Arbeit deuten darauf hin, dass die genetische Diversität ähnlich wie die Artenvielfalt durch die Art der Nutzung und die Nutzungsintensität beeinflusst wird. Ein umfassender Vergleich unterschiedlicher Nutzungstypen wie z. B. Flächen mit integrierter Bewirtschaftung mit und ohne Pflug, Ökolandbau und die schon betrachtete Form der kleinflächigen Stilllegung könnte zeigen, welche Managementsysteme einen

positiven Einfluss auf die genetische Diversität verschiedener Ackerwildkrautpopulationen haben.

In diesen nachfolgenden Arbeiten sollten die populationsgenetischen Untersuchungen mit der Erfassung der Populationsgröße kombiniert werden, da die genetische Diversität auch von der Größe der Population der beeinflusst werden kann (FISCHER & SCHMID 1998). Außerdem wäre eine Bestimmung der genetischen Diversität von *Euphorbia exigua* L.-Populationen aus Regionen interessant, wo die Art häufiger verbreitet ist als im Land Brandenburg. Dadurch könnte die artspezifische Diversität noch besser charakterisiert werden. Eine größere Anzahl von Distanzklassen ermöglicht die Berechnung einer räumlichen Autokorrelation. So können Zusammenhänge zwischen geographischer und genetischer Distanz der Einzelpflanzen bzw. darüber hinausgehende Einflussfaktoren aufgezeigt werden.

6 Literaturverzeichnis

- AICHELE, D. & SCHWEGLER, H.-W. (1995): Die Blütenpflanzen Mitteleuropas. Franckh-Kosmos Verlag, Stuttgart.
- ADOMBENT, M. (2000): Erzeuger und Verbraucher in der Region: Kommunikationsbarrieren und Ressourcen für ein vertrauensvolles Miteinander. – In: GÜNTHER, C., FISCHER, C. & LERM, S. [Hrsg.]: Neue Wege zu nachhaltigem Konsumverhalten: eine Veranstaltung der Deutschen Bundesstiftung Umwelt zur EXPO 2000.-Erich Schmidt, Berlin.
- ADOMBENT, M. (2002): Maßnahmen der Umweltkommunikation zur Förderung eines agrarischen Biodiversitätsbewusstseins. In: KORN, H. & FEIT, U. [Bearb.] (2002): Treffpunkt Biologische Vielfalt II. BfN Bundesamt für Naturschutz [Hrsg.], Bonn-Bad Godesberg. S. 229-235.
- AG BODEN (1994): Bodenkundliche Kartieranleitung. 4. Aufl., Schweizerbart'sche Verlagsbuchhandlung, Hannover.
- ARLT, K., HILBIG, W. & ILLIG, H. (1991): Ackerunkräuter – Ackerwildkräuter. Die Neue Brehm-Bücherei 607. A. Ziemsen Verlag, Wittenberg Lutherstadt.
- ARLT, K. & EGGLERS, T. (1997): Natürliche Vegetation – Ackerunkraut-Vegetation. In: WELLING, M. [Red.] (1997): Biologische Vielfalt in Ökosystemen - Konflikt zwischen Nutzung und Erhaltung. Schriftenreihe des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten. Reihe: Angewandte Wissenschaft: Heft 465. Kölken Druck + Verlag GmbH, Bonn. S. 20-28.
- BADELT, C. [Hrsg.] (1999): Handbuch der Nonprofit Organisationen: Strukturen und Management. 2.Aufl. Schäffer-Poeschel, Stuttgart.
- BAUR, B., EWALD, K., FREYER, B. & ERHARDT, A. (1997): Ökologischer Ausgleich und Biodiversität. Birkhäuser-Verlag, Basel.
- BAUR, B. & SCHMID, B. (1996): Spatial and temporal patterns of genetic diversity within species. In: GASTON, K.J. (1996): Biodiversity – A Biology of Numbers and Difference. Blackwell Science, Oxford. S. 169-201.
- BECKER, B. & HURLE, K. (1998): Unkrautflora auf Feldern mit unterschiedlich langer ökologischer Bewirtschaftung. Z. Pfl. Krankh. Pfl. Schutz, Sonderheft XVI.
- BEGEMANN, F., EHLING, C. & FALGE, R. [Hrsg.] (1996): Vergleichende Aspekte der Nutzung und Erhaltung pflanzen- und tiergenetischer Ressourcen. Schriften zu Genetischen Ressourcen, Schriftenreihe des Informationszentrums für Genetische Ressourcen (IGR), Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (ZADI), Bonn.
- BENKERT, D. & KLEMM, G. (1993): Rote Liste Farn- und Blütenpflanzen. In: Ministerium für Umwelt, Naturschutz und Raumordnung des Landes Brandenburg [Hrsg.]: Rote Liste. Gefährdete Farn- und Blütenpflanzen, Algen und Pilze im Land Brandenburg. Potsdam.
- BERGER, G. & PFEFFER, H. (2000): Agrarraumstrukturierung und Naturschutz durch kleinflächige Ackerstilllegungen. Mitteilungen aus der Biologischen Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft 371:106-115.
- BERNHARDT, K.-G. (1995): Möglichkeiten des Naturschutzes für den Erhalt von Genressourcen. In: BEGEMANN, F. und VÖGEL, R. (1995): Schriften zu genetischen Ressourcen in der BRD am natürlichen Standort und on farm – Tagungsband eines Symposiums vom 11. – 13.10.1995 in Bogensee.

- BFN Bundesamt für Naturschutz [Hrsg.] (1997): Erhaltung der biologischen Vielfalt. Bonn-Bad Godesberg.
- BFN Bundesamt für Naturschutz (2002): Floraweb. URL: <http://www.floraweb.de/datenservice/datenservice.html?datenservice/datenservicetext.html> (am 29.07.2002).
- BLAB, J. & KLEIN, M (1997): Biodiversität – ein neues Konzept im Naturschutz? In: ERDMANN, K.-H. & SPANDAU, L.: Naturschutz in Deutschland. Eugen Ulmer Verlag, Stuttgart. S. 201 - 219.
- BMU Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit (2002a): Biodiversität im Internet. Umwelt Nr. 4:279-280.
- BMU (2002b): URL: <http://www.biologische.vielfalt.de> (am 22.07.2002).
- BMZ Bundesministerium für wirtschaftliche Zusammenarbeit und Entwicklung (2002): Weltgipfel für nachhaltige Entwicklung: positive Bilanz. URL: <http://www.bmz.de/themen/imfokus/rio/rio1.html> (am 10.03.2003).
- BRAUN-BLANQUET (1964): Pflanzensoziologie-Grundzüge der Vegetationskunde. Springer Verlag, Wien-New York.
- CHM (2003a): URL: <http://www.biodiv.org/convention/sbstta.asp> (am 20.03.2002)
- CHM (2003b): URL: <http://www.biodiv.org/events/wssd.asp> (am 20.03.2003).
- CREMER, J., M., PARTZSCH M., ZIMMERMANN, G., SCHWÄR, C. & GOLTZ H. (1991): Acker- und Gartenwildkräuter. Berlin.
- DANNEMANN, A. (2000): Der Einfluss von Fragmentierung und Populationsgröße auf die genetische Variation und Fitness von seltenen Pflanzenarten am Beispiel von *Biscutella laevigata* (*Brassicaceae*), Dissertationes Botanicae Bd. 330, Berlin-Stuttgart.
- DEICHSEL, G. & TRAMPISCH, H.J. (1985): Clusteranalyse und Diskriminanzanalyse. Gustav Fischer Verlag, Stuttgart.
- DIERSCHKE, H. (1994): Pflanzensoziologie. Ulmer Verlag, Stuttgart.
- DIERSSEN, K. & KIEHL, K. (2000): Theoretische Grundlagen zur Definition, Messung und Bedeutung von Diversität. In: Bundesamt für Naturschutz (BfN) [Hrsg.]: Erfassung und Schutz der genetischen Vielfalt von Wildpflanzenpopulationen in Deutschland. Schriftenreihe für Vegetationskunde Heft 32, Bonn. S. 7-21.
- DURKA, W. & ACKERMANN, W. (1993): SORT – Ein Computerprogramm zur Bearbeitung von floristischen und faunistischen Artentabellen. Natur und Landschaft 68 (1):16-21.
- EBERT, W., HOFMANN, G., SCHLAAK, N., LOOSE, R. & SUTER, H. (2001): Natur und Geschichte der Schorfheide. Entdeckungen entlang der märkischen Eiszeitstraße, Heft 6/2001.
- EC CHM (2002a): URL: <http://biodiversity-chm.eea.eu.int/> (am 20.03.2003).
- EC CHM (2002b): URL: <http://biodiversity-chm.eea.eu.int/CHMIndexTerms/Glossary/> (am 20.03.2003).
- ECNC European Centre for Nature Conservation (2001): URL: <http://www.strategyguide.org/straabou.html> (am 9.8.2002).
- ELIAS, M., PANAUD, O. & ROBERT, T. (2000): Assesment of genetic variability in a traditional cassava (*Manihot esculenta* Crantz.) farming system, using AFLP markers. Heredity Sep; 65 Pt 3:219-30.
- ELLENBERG, H. (1950): Unkrautgesellschaften als Zeiger für Klima und Boden. Landwirtschaftliche Pflanzensoziologie 1. Stuttgart – Ludwigsburg.
- ELLENBERG, H. (1996): Vegetation Mitteleuropas mit den Alpen in ökologischer, dynamischer und historischer Sicht. Verlag Eugen Ulmer. Stuttgart.

- ELLENBERG, H., WEBER, H.E., DÜLL, R., WIRTH, V., WERNER, W. & PAULISSEN, D. (1992): Zeigerwerte von Pflanzen in Mitteleuropa. Scripta Botanica XVIII.2. Aufl., Verlag Erich Goltze, Göttingen.
- ESCARAVAGE, N., QUESTIAU, A., PORNON, A., DOCHE, B. & TABERLET, P. (1998): Clonal diversity in a *Rhododendron ferrugineum* L. (Ericaceae) population inferred from AFLP markers. Molecular Ecology (1998), 7: 975-982.
- ESQUINAS-ALCÁZAR (2001): Making plant genetic resources beneficial and accessible for all. URL: <http://www.fao.org/news/2001/011005-e.htm> (am 08.02.2002).
- EXCOFFIER, L., SMOUSE, P. E. & QUATTRO, J. M. (1992): Analysis of Molecular Variance Inferred From Metric Distances Among DNA Haplotypes: Application to Human Mitochondrial DNA Restriction Data. Genetics 131:479-497.
- FAO (1996): Weltzustandsbericht über pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft. Leipzig.
- FAO (2001): URL: <http://www.fao.org/ag/cgrfa/itpgr.htm> (am 22.03.2003).
- FEIT, U. (2000): Interdisziplinärer Forschungsaustausch im Rahmen des Übereinkommens über die biologische Vielfalt. In: KORN, H. & FEIT, U. [Bearb.] (2001): Treffpunkt Biologische Vielfalt. Interdisziplinärer Forschungsaustausch über die biologische Vielfalt. BfN Bundesamt für Naturschutz [Hrsg.], Bonn-Bad Godesberg. S. 9-11.
- FESER, S. (1996): Umweltoorientiertes Tourismusmarketing – Das Beispiel Brodowin / Brandenburg. Berliner Beiträge zu Umwelt und Entwicklung Bd. 10, TU-Berlin.
- FISCHER, M. & MATTHIES, D. (1998): RAPD variation in relation to population size and plant fitness in the rare plant *Gentianella germanica* (Gentianaceae). American Journal of Botany. 84:1685-1692.
- FISCHER, M. & SCHMID, B. (1998): Die Bedeutung der genetischen Vielfalt für das Überleben von Populationen. In: Bayrische Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege (ANL) [Hrsg.]: Schutz der genetischen Vielfalt – Laufener Seminarbeiträge, S. 23-30.
- FRANGENBERG, A. (2001): Flora (Blütenpflanzen). In: Institut für Landwirtschaft und Umwelt (ilu) (Hrsg.): Naturschutz in und mit der Landwirtschaft – Möglichkeiten und Grenzen beim Schutz von Edaphon und Flora (Blütenpflanzen). S. 53-70.
- GASTON, K.J. (1996): Biodiversity – A Biology of Numbers and Difference. Blackwell Science, Oxford.
- GLEICH, M., MAXEINER, D., MIERSCH, M. & NICOLAY, F. (2000): Life Counts - eine globale Bilanz des Lebens. Berlin Verlag, Berlin.
- GÖRG, C., HERTLER, C. & SCHRAMM, E. [Hrsg.] (1999): Zugänge zur Biodiversität. Metropolis-Verlag, Marburg.
- GUTHRIDGE, K.M., DUPAL, M. P., KÖLLIKER, R. JONES E.S., SMITH, K. F., & FORSTER, J. W. (2001): AFLP analysis of genetic diversity within and between populations of perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.). Euphytica 122:191-201.
- HAMMER, K. (2001): Agrarbiodiversität, pflanzengenetische Ressourcen und ökologische Leistung. In: Nutzung genetischer Ressourcen – ökologischer Wert der Biodiversität. Schriften zu genetische Ressourcen – Schriftenreihe des Informationszentrums für genetische Ressourcen (IGR) Band 16, Bonn, S. 1-13.
- HAMRICK, J.L. & GODT, M.J.W. (1989): Allozyme diversity in plant species. In: BROWN, A.H.D., CLEGG, M.T., KAHLER, A.L. & WEIR, B.S. (eds.): Plantpopulation genetics, breeding and genetic resources. Sinauer, Sunderland, MA, 229-253.
- HARTAGE, K.-H. & HORN, R. (1989): Die physikalische Untersuchung von Böden. Ferdinand Enke Verlag, Stuttgart

- HEGI, G. (1975): Illustrierte Flora von Mitteleuropa. Band V Teil 1, Paul Parey Verlag, Berlin – Hamburg.
- HEYWOOD, V. H. [Hrsg.] (1995): Global biodiversity assessment. publ. for the United Nations Environment Programme. Cambridge University Press, Cambridge.
- HILBIG, W. (1997): Auswirkungen von Extensivierungsprogrammen im Ackerbau auf die Segetalvegetation. *Tuexenia* 17: 295-325, Göttingen.
- HOBOHM, C. (2000): Biodiversität. UTB für Wissenschaft, Quelle und Meyer Verlag.
- HOFFMANN-KROLL, R., SCHÄFER, D. & SEIBEL, S. (1999): Gesamtrechnung für Bodennutzung und Biodiversität. Statistisches Bundesamt Wiesbaden. [Hrsg.] Verlag Metzler-Poeschel, Stuttgart.
- HOFMEISTER, H. & GARVE, E. (1998): Lebensraum Acker. Parey Verlag, Berlin.
- HOLZNER, W. (1981): Ackerunkräuter. Leopold Stocker Verlag, Graz.
- HORAK & HORAK (2002): URL:<http://www.gut-im-bild.at-thumbnails2/Euphorbia-exigua.jpg>, Bild vom 29.06.2002, Naturschutzgebiet Johannesberg, Wien – Oberlaa.
- HUBER, L. (2001): Biodiversität der Kartoffel. URL:http://www.rzbd.fh-hamburg.de/oet/forum/funde/biodivkart/kartoffel_index.html (am 20.03.2003).
- INNAN, H., TERAUCHI, R., KAHL, G. & TAJIMA F. (1999): A method for estimating nucleotide diversity from AFLP data. *Genetics* 151: 1157-1164.
- ISERMANN-KÜHN, A. (1995): Dorferneuerung in Brandenburg – Das Beispiel Brodowin / Uckermark. Landschaftsentwicklung und Umweltforschung. Schriftenreihe des Fachbereiches Umwelt und Gesellschaft Nr. 97. Berlin.
- JASIENIUK, M. & MAXWELL, B. D. (2001): Plant diversity: new insights from molecular biology and genomics technologies. *Weed Science* 49:257-265.
- JEDICKE, E. [Hrsg.] (1997): Die Roten Listen. Eugen Ulmer Verlag, Stuttgart.
- KARRENBERG, S., SCHMIDT, K., JENSEN, K. & DIERSSEN, K. (2000): Bedeutung vegetationsökologischer, populationsbiologischer und populationsgenetischer Untersuchungen für den Naturschutz-Fallstudie an *Pedicularis palustris*-Populationen. In: Bundesamt für Naturschutz (BfN) [Hrsg.]: Erfassung und Schutz der genetischen Vielfalt von Wildpflanzenpopulationen in Deutschland. Schriftenreihe für Vegetationskunde Heft 32, Bonn. S. 141-156.
- KÄSTNER, A., JÄGER, E.J. & SCHUBERT R. (2001): Handbuch der Segetalpflanzen Mitteleuropas. Springer Verlag, Wien.
- KLAFFENBÖCK, G. [Hrsg.] (2001): Biologische Vielfalt – Wer kontrolliert die globalen genetischen Ressourcen? Brandes & Aspel Verlag, Wien.
- KLAUS, G., SMILL, J., SCHMID, B. & EDWARDS, P.J. (2001): Biologische Vielfalt – Perspektiven für das neue Jahrhundert. Birkhäuser Verlag, Basel.
- KNAUER, N. (1995): Biotische Vielfalt in der Agrarlandschaft – Notwendigkeit und Strategie zur Entwicklung einer Biodiversität durch die Landwirtschaft. In: Bayrische Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege (ANL)[Hrsg.]: Berichte der ANL. 19, S. 73-84.
- KOCH, W. (1970): Unkrautbekämpfung. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart.
- KONNERT, M. (1998): Genetische Vielfalt im Wald – wie erkennen? Wie erhalten? In: Bayrische Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege (ANL) [Hrsg.]: Schutz der genetischen Vielfalt – Laufener Seminarbeiträge, S. 53-60.
- KORN, H. (2000): Interdisziplinärer Forschungsaustausch im Rahmen des Übereinkommens über die biologische Vielfalt. In: KORN, H. & FEIT, U. [Bearb.] (2001): Treffpunkt Biologische Vielfalt. Interdisziplinärer Forschungsaustausch über die biologische Vielfalt. BfN Bundesamt für Naturschutz [Hrsg.], Bonn-Bad Godesberg. S. 13-18.

- KORN, H. (2002): Das Übereinkommen über die biologische Vielfalt – Inhalte, Arbeitsweisen und Themenschwerpunkte. In: KORN, H. & FEIT, U. [Bearb.] (2002): Treffpunkt Biologische Vielfalt. Interdisziplinärer Forschungsaustausch über die biologische Vielfalt. BfN Bundesamt für Naturschutz [Hrsg.], Bonn-Bad Godesberg. S. 13-18.
- KORNECK, D. & SUKOPP, H. (1988): Rote Liste der in der Bundesrepublik Deutschland ausgestorbenen, verschollenen und gefährdeten Farn- und Blütenpflanzen und ihre Auswertung für den Arten- und Biotopschutz. Schriftenreihe für Vegetationskunde 19, Bonn-Bad Godesberg.
- KREBS, M. (2002): Strategien und Potentiale von Nichtregierungsorganisationen (NRO) bei der Umsetzung der Biodiversitätskonvention im internationalen Biodiversitätsschutz unter besonderer Berücksichtigung der Finanzierungsfrage. In: KORN, H. & FEIT, U. [Bearb.] (2002): Treffpunkt Biologische Vielfalt. Interdisziplinärer Forschungsaustausch über die biologische Vielfalt. BfN Bundesamt für Naturschutz [Hrsg.], Bonn-Bad Godesberg. S. 253-257.
- KREBS, M., HERKENRATH, P. & MEYER, H. (2002): Zwischen Schutz und Nutzung – 10 Jahre Konvention über Biologische Vielfalt. Forum Umwelt & Entwicklung und Evangelischer Entwicklungsdienst (EED) [Hrsg.], Bonn.
- KÜCHLER-KRISCHUN, J. (2002): Leben braucht Vielfalt - Eine Öffentlichkeitskampagne 2002 zum zehnjährigen Bestehen des Übereinkommens über die biologische Vielfalt. Natur und Landschaft. Jhrg. 77(3), S. 120 – 121.
- KUNTZE, H., ROESCHMANN, G. & SCHWERTFEGER, G. (1994): Bodenkunde. Eugen-Ulmer Verlag. Stuttgart.
- LANDESANSTALT FÜR PFLANZENBAU UND PFLANZENSCHUTZ [Hrsg.] (1997): Naturschutz in der Agrarlandschaft. Vorträge der 7. Fachtagung des Arbeitskreises Naturschutz in der Agrarlandschaft vom 12. –14. Juni 1997 in Bad Münster a.St. - Schriftenreihe der Landesanstalt für Pflanzenbau und Pflanzenschutz Mainz, Heft Nr. 6.
- LAGS (2003): Biosphärenreservat Schorfheide-Chorin. Landesanstalt für Großschutzgebiete Brandenburg. URL: <http://www.schorfheide-chorin.de/index.htm> (am 29.7.2002).
- LIEBEROTH, I. (1982): Bodenkunde. VEB Deutscher Landwirtschaftsverlag, Berlin.
- LEHMANN, R. (2002): Zehn Jahre Übereinkommen über die biologische Vielfalt. Berlin-Brandenburger Naturmagazin 16. Jhrg. Nr. 4, S. 9 – 11.
- LESSER, W. (1998): Sustainable Use of Genetic Resources under the Convention on Biological Diversity. Centre for Agriculture and Bioscience (CAB) International, Oxford - New York.
- MANTEL, N. A. (1967): The detection of disease clustering and a generalised regression approach. Cancer Research 27: 209-220.
- MARCINEK, J. & ZAUMSEIL, L. (1993): Brandenburg und Berlin im physisch-geographischen Überblick. Geologie 45 (10): 556-563.
- MARSHALL, D. R. & BROWN, A. H. D. (1975): Optimum sampling strategies in genetic conservation. In: FRANKEL, O.H. & HAWKES J.G. [eds.]: Crop genetic resources for today and tomorrow. Cambridge University Press. Cambridge. S. 53-80.
- MC NEELY, J.A., MILLER, K.R., REID, W.V., MITTERMEIER, R.A., & WERNER, T.B. (1990): Conserving The World's Biological Diversity. Gland Switzerland, Washington D.C.
- MC NEELY, J., GADGIL, M., LEVÈQUE, C., PADOCH, C. & REDFORD, K. (1995): Human influences on biodiversity. In: HEYWOOD, V.H. (exec. Ed.): Global Biodiversity Assessment. Cambridge University Press (for UNEP), Cambridge, Chap. 11. S. 711-821.

- MEIER, H. (2002): Biodiversität aus globaler Sicht – aktueller Stand des Wissens. URL: <http://www.auf.uni-rostock.de/IIMitarbeiter/Carl/Doktorandenseiten/indexcarsten.htm>. (am 09. 04.2002.).
- MERTZ, P. (2000): Pflanzengesellschaften Mitteleuropas und der Alpen. Ecomd Verlagsgesellschaft AG & Co. KG, Landsberg / Lech.
- MLUR (2001): Biosphärenreservat Schorfheide-Chorin. Ministerium für Landwirtschaft, Umweltschutz und Raumordnung des Landes Brandenburg, Potsdam.
- MLUR (2002): URL: <http://www.brandenburg.de/land/mlur/lana/aufgaben.htm> (am 22.07.2002).
- MÜLLER, A. (2002): Schutz und Nutzung biologischer Vielfalt im Rahmen internationaler Verträge als Beitrag zur nachhaltigen Entwicklung. In: KORN, H. & FEIT, U. [Bearb.] (2002): Treffpunkt Biologische Vielfalt. Interdisziplinärer Forschungsaustausch über die biologische Vielfalt. BfN Bundesamt für Naturschutz [Hrsg.], Bonn-Bad Godesberg. S. 47-53.
- NEI, M. (1978): Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 89:583-590.
- NEZADAL, W. (1973): Über die Verbreitung von *Spergula arvensis* und *Euphorbia exigua* in Nordostbayern. *Göttinger floristische Rundbriefe* 7 (3):54-57.
- OESAU, A. (2002): Ackerwildkräuter schützen. Auswertungs- und Informationsdienst für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten (aid) [Hrsg.], Bonn.
- OETMANN-MENNEN, A. (1999): Biologische Vielfalt in der Landwirtschaft – Luxus oder Notwendigkeit? In : GÖRG, C., HERTLER, C., SCHRAMM, E. & WEINGARTEN, M. [Hrsg.]: Zugänge zur Biodiversität. Metropolis-Verlag, Marburg. S. 127-144.
- OOSTERMEIJER, J. G. B. (2000): Is genetic variation important for the viability of wild plant populations? In: Bundesamt für Naturschutz (BfN) [Hrsg.]: Erfassung und Schutz der genetischen Vielfalt von Wildpflanzenpopulationen in Deutschland. Schriftenreihe für Vegetationskunde Heft 32, Bonn. S. 23-30.
- ORLOCI, L. (1978): Multivariate analysis in vegetation research. Dr W. Junk B.V. The Hague, Boston.
- PASSARGE, H. (1996): Pflanzengesellschaften Nordostdeutschlands. Cramer in der Gebrüder-Borntraeger- Verlagsbuchhandlung. Berlin – Stuttgart.
- PASSARGE, H. (1999): Pflanzengesellschaften Nordostdeutschlands 2. Cramer in der Gebrüder- Borntraeger- Verlagsbuchhandlung. Berlin – Stuttgart.
- PEAKALL, R. & SMOUSE, P. E. (2001): GenAIEx V5: Genetic Analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. Australien National University, Canberra, Australia. <http://www.anu.edu.au/BoZo/GenAIEx/>.
- PIECHOCKI, R. (2002a): Biodiversitätskampagne 2002: „Leben braucht Vielfalt“. Zur Entstehungsgeschichte des Übereinkommens über die Biologische Vielfalt. Natur und Landschaft Jhrg.77(1), S.43-44.
- PIECHOCKI, R. (2002b): Biodiversitätskampagne 2002: „Leben braucht Vielfalt“. Zur Entstehung des Konzepts der pflanzengenetischen Ressourcen. Natur und Landschaft Jhrg. 77(3), S.127-129.
- PIECHOCKI, R., ESER, U., POTTHAST, T., WIERSBINSKI, N. & OTT, K. (2003): Biodiversität – Symbolbegriff für einen Wandel im Selbstverständnis von Natur- und Umweltschutz. Natur und Landschaft, Jhrg. 78(1), S. 30-32.
- POSSELT, U.K. (2000): Genetische Diversität bei Wildformen und Zuchtsorten von *Lolium perenne* L. In: Bundesamt für Naturschutz (BfN) [Hrsg.]: Erfassung und Schutz der genetischen Vielfalt von Wildpflanzenpopulationen in Deutschland. Schriftenreihe für Vegetationskunde Heft 32, Bonn. S. 79-85.

- RAUH, W. (1983): Unkräuter. Gebrüder Borntraeger. Berlin – Stuttgart.
- RICHTER, M. (2002): Schutz und Erhaltung gefährdeter Ackerwildkräuter. Sächsisches Landeskuratorium Ländlicher Raum e.V., Landschaftspflegerische Projekte im Biospärenreservat “Oberlausitzer Heide- und Teichlandschaft“ URL: <http://www.skl-miltritz.de/infodienst> (am 16.07.2002).
- ROA, A.C., CHAVARRIAGA-AGUIRRE, P., DUQUE, M.C., MAYA, M.M., BONIERBALE, W.M., IGLESIAS, C., TOHME, J. (2000): Cross-Species amplification of Cassava (*Manihot esculenta*) (*Euphorbiaceae*) microsatellites: Allelic polymorphism and degree of relationship. American Journal of Botany 87(11):1647-1655
- ROA, A.C., MAYA, M.M., DUQUE, M.C., THOME, J., ALLEM, A.C. & BONIERBALE, M.W. (1997): AFLP analysis of relationships among cassava and other *Manihot* Species. Theor Appl Genet 95:741 – 750.
- RONIKIER, M. (2002): The Use of AFLP-Markers in Conservation Genetics – A Case Study on *Pulsatilla vernalis* in the Polish Lowlands. Cellular & Molecular Biology Letters 7: 677-648.
- ROTHMALER, W. (1996): Exkursionsflora von Deutschland Band 2 – Gefäßpflanzen: Grundband. Gustav Fischer Verlag Jena – Stuttgart.
- SAUER, T. (1969): Unkrautfibel Schering. Schering AG [Hrsg.].
- SCHAEFER, M. (1997): Biologische Vielfalt unter ökologischen Gesichtspunkten – wieviel Vielfalt ist nötig? In: WELLING, M. [Red.] (1997): Biologische Vielfalt in Ökosystemen – Konflikt zwischen Nutzung und Erhaltung. Schriftenreihe des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten. Reihe: Angewandte Wissenschaft: Heft 465. Köllen Druck + Verlag GmbH, Bonn.
- SCHLICHTING, E., BLUME, H.P. & STAHR, K. (1995): Bodenkundliches Praktikum. Blackwell, Berlin / Wien.
- SCHMIDT, K. & JENSEN K. (2000): Genetic structure and AFLP variation of remnant populations in the rare plant *Pedicularis palustris* (Scrophulariaceae) and its relation to population size and reproductive components. American Journal of Botany 87(5):678-689.
- SCHMIDT, A., HAAS, H.U., GEHRING, K. & HURLE, K. (2001). Genetische Diversität in *Alopecurus myosuroides* Huds. Pflanzenschutzberichte, Bd. 59, Heft 2, 21-27.
- SCHMITZ, K. (2003): URL: <http://www.uckermark.de/landschaft> (am 06.03.2003).
- SCHNEIDER, C., SUKOPP, U. & SUKOPP, H. (1994): Biologisch-ökologische Grundlagen des Schutzes gefährdeter Segetalpflanzen. Landwirtschaftsverlag GmbH, Bonn-Bad Godesberg.
- SCHNEIDER, C., SUKOPP, U., WILLERDING, U., SUKOPP, H. (1997): Typen von Lebenszyklen annueller Segetalpflanzen. LfU: Bayrisches Landesamt für Naturschutz. Schriftenreihe „Naturschutz in der Agrarlandschaft“ Beiträge zum Artenschutz. Heft 142, München.
- SCHNELLER, J. J. & HOLDERECKER, R. (1996): Genetic variation in small, isolated fern populations. Journal of Vegetation Science 7:113-120.
- SCHOLZ, E. (1962): Die naturräumliche Gliederung Brandenburgs. – Potsdam (Pädagogisches Bezirkskabinett).
- SCHUBERT, R., HILBIG, W. & KLOTZ, S. (1995): Bestimmungsbuch der Pflanzengesellschaften Mittel- und Nordostdeutschlands. Gustav Fischer Verlag, Jena.
- SCHULTZE, J. H. (1955): Die naturbedingten Landschaften der Deutschen Demokratischen Republik. VEB Geographisch-Kartographische Anstalt Gotha.

- SCHUSTER, B. (2002): Umweltpolitik und biologische Vielfalt. In: Schriftenreihe des BMVEL „Angewandte Wissenschaft“, Heft 494 Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft? S. 19-28.
- SHANNON, C. E. & WEAVER, W. (1976): Mathematische Grundlagen der Informationstheorie. München-Wien.
- SMOUSE, P. E. & PEAKALL, R. (1999): Spatial autocorrelation analysis of individual multiallele and multilocus genetic structure. Heredity 82:561-573.
- SNEATH, P.H.A. & SOKAL, R.R. (1973): Numerical taxonomy; the principle and practice of numerical classification. W.H. Freeman, New York.
- SPAHIJLLARI, M., GLADIS, T., & SCHMIDT, S. (1996): Diversität von Unkräutern. In: BEGEMANN, F., EHLING, C., FALGE, R. (1996): Vergleichende Aspekte der Nutzung und Erhaltung pflanzen- und tiergenetischer Ressourcen. Schriften zu genetischen Ressourcen. Schriftenreihe für Genetische Ressourcen des IGR und ZADI.
- STATISTICA (1995): STATISTICA for Windows, StstSoft, Inc. Tulsa.
- STEFFAN-DEWENTER, I. & TSCHARNTKE, T. (1999): Effects of habitat isolation on pollinator communities and seed set. Oecologia 121: 432-440.
- SUKOPP, H. (1972): Grundzüge eines Programms für den Schutz von Pflanzenarten in der Bundesrepublik Deutschland. Schriftenreihe Landschaftspflege und Naturschutz 7: 67-79.
- SZCZEPANIAK, M., CIESLAK, E. & BEDNAREK, P. T. (2002): Morphological and AFLP variation of *Elymus repens* (L.) Gould (Poaceae). Cellular & Molecular Biology Letters. 7:547-558.
- TEMPLETON, A.R. (1995): Biodiversity at the molecular genetic level: experiences from disparate macroorganisms. In: HAWKSWORTH, D.L.: Biodiversity – Measurement and Estimation. Oxford. S. 59-64.
- THIEDEMANN, R. (2000): Die Bedeutung ökologisch-genetischer Forschung für die Erfassung, Erhaltung und nachhaltige Nutzung biologischer Vielfalt. In: KORN, H. & FEIT, U. [Bearb.] (2001): Treffpunkt Biologische Vielfalt. Interdisziplinärer Forschungsaustausch über die biologische Vielfalt. BfN Bundesamt für Naturschutz [Hrsg.], Bonn-Bad Godesberg. S. 203-207.
- UBA Umweltbundesamt [Hrsg.] (1997): Auswertung der Waldforschungsergebnisse (1982 – 1992) zur Aufklärung komplexer Ursache-Wirkungsbeziehungen mit Hilfe system-analytischer Methoden. Erich Schmid Verlag, Berlin.
- UBA Umweltbundesamt [Hrsg.] (2002): Nachhaltige Entwicklung in Deutschland – Die Zukunft dauerhaft umweltgerecht gestalten. Erich Schmidt Verlag, Berlin.
- UNEP United Nations Environment Programme [Hrsg.] (1992): Übereinkommen über die biologische Vielfalt. In: Konferenz der Vereinigten für Umwelt und Entwicklung im Juni 1992 in Rio de Janeiro.
- VOS, P., HOGERS, R., BLEEKER, M., REIJANS, M., VAN DE LEE, T., MORNES, M., FRITJERS, A., POT, J., PELEMAN, J., KUIPER, M., & ZABEAU, M. (1995): AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. Nucleic Acids research, 23:4407-4414.
- WALDHARDT, R., FUHR-BOSSDORF, K. & OTTE, A. (2001): The significance of the seed bank as a potential for the reestablishment of arable-land vegetation in a marginal cultivated landscape. Web Ecology 2:83-87.
- WBGU Wissenschaftlicher Beirat der Bundesregierung Globale Umweltveränderungen [Hrsg.] (2000): Welt im Wandel – Erhaltung und nachhaltige Nutzung der Biosphäre (Jahresgutachten 1999). Springer-Verlag, Berlin Heidelberg.
- WBGU (2002): URL: <http://www.wbgu.de> (am 22.05.2002).

- WEIGEL, H.J. (1997): Globale Umweltveränderungen und biologische Vielfalt. In: WELLING, M. [Red.] (1997): Biologische Vielfalt in Ökosystemen - Konflikt zwischen Nutzung und Erhaltung. Schriftenreihe des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten. Reihe: Angewandte Wissenschaft: Heft 465. Kölken Druck + Verlag GmbH, Bonn.
- WELLING, M. [Red.] (1997): Biologische Vielfalt in Ökosystemen - Konflikt zwischen Nutzung und Erhaltung. Schriftenreihe des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten. Reihe: Angewandte Wissenschaft: Heft 465. Kölken Druck + Verlag GmbH, Bonn.
- WERNER, A., BERGER, G., STACHOW, U., GLEMNITZ, M. (1999): Abschätzungen der Auswirkungen transgener Sorten auf Umweltqualitätsziele. In: Fachstelle BATS: Bio-safety Research and Assessment of Technology Impacts of the Swiss Priority Programme Biotechnology (Hrsg.): TA-Projekt Nachhaltige Landwirtschaft 1997-1999, Technischer Bericht 4/6, Basel.
- WINGENDER, R. (2000): Impact of breeding systems on the genetic diversity of natural plant populations. In: Bundesamt für Naturschutz (BfN) [Hrsg.]: Erfassung und Schutz der genetischen Vielfalt von Wildpflanzenpopulationen in Deutschland. Schriftenreihe für Vegetationskunde Heft 32, Bonn. S. 31-34.
- WOLFE, A.D. & LISTON, A. (1998): Contributions of PCR-based Methods to Plant Systematics and Evolutionary Biology. In: SOLTIS D. E., SOLTIS P. S. & DOYLE J. J. [ed.]: Molecular Systematics of Plants II - DNA-Sequencing. Kluwer Academic Publishers. Boston-London. S. 43-86.
- WRI World Resources Institute; International Institute for Environment and Development [Hrsg.] (1995): Welt-Ressourcen: Fakten, Daten, Trends, ökologisch-ökonomische Zusammenhänge. Ecomed, Landsberg.
- WUNDER, J., FORWICK, J., MÖSELER, B. M. & WINGENDER, R. (1999): Morphologische und molekulargenetische Untersuchungen zur intraspezifischen Variabilität von Wildpflanzen als genetische Ressourcen in NRW. 14. Symposium Biodiversität und Evolutionsbiologie der Deutschen Botanischen Gesellschaft, 5.-11.9.1999, Jena.
- YEH, F. C., YANG, R. & BOYLE, T. (1999): POPGENE Version 1.31. Microsoft Window-based Feeware for Population Genetic Analysis. University of Alberta, Canada.
- ZADI (1997): 4. Internationale Technische Konferenz der FAO über Pflanzengenetische Ressourcen. Schriften zu genetischen Ressourcen, Sonderband, Bonn.
- ZALF (2002): URL:http://www.zalf.de/lsad/drimipro/elanus/html_projekt/pkt31/pkt3.htm (am 31.07.2002).
- ZIEGENHAGEN B., BIALOZYT R., KUHLENKAMP V., SCHULZE I., ULRICH A., WULF, M. (2003): Spatial patterns of maternal lineages and clones of *Galium odoratum* in a large ancient woodland – inferences about seedling recruitment. Journal of Ecology, in revision.

7 Anhang

Tab. 13: Werte der Bodenarten (Anteile der Fraktionen) der Bodenproben 0-30cm (nach KA4)

Standort	Bodenartenuntergruppe	Kurz-	Kornfraktionen (Masse-%)		
		zeichen	Ton	Schluff	Sand
Mü	stark lehmiger Sand	Sl 4	15,3	26,7	58,0
Gs	schwach lehmiger Sand	Sl 2	7,6	21,1	71,3
Us	stark sandiger Lehm	Ls 4	17,7	29,0	53,3
Ms	mittel lehmiger Sand	Sl 3	9,1	22,2	68,7
Ss	mittel lehmiger Sand	Sl 3	8,6	12,0	79,4
Mb	stark lehmiger Sand	Sl 4	12,4	18,8	68,9
Gr	mittel lehmiger Sand	Sl 3	9,9	21,9	68,2

Tab. 14: Werte der Bodenarten (Anteile der Fraktionen) der Bodenproben 30-60cm (nach KA4)

Standort	Bodenartenuntergruppe	Kurz-	Kornfraktionen (Masse-%)		
		zeichen	Ton	Schluff	Sand
Mü	stark lehmiger Sand	Sl 4	13,1	32,7	54,2
Gs	mittel sandiger Lehm	Ls 3	18,8	30,5	50,7
Us	stark lehmiger Sand	Sl 4	12,0	24,3	63,7
Ms	schwach schluffiger Sand	Su 2	4,5	23,0	72,5
Ss	reiner Sand	Ss	1,5	8,1	90,4
Mb	stark lehmiger Sand	Sl 4	15,1	20,0	64,9
Gr	mittel lehmiger Sand	Sl 3	9,8	24,2	66,0

Abkürzungsverzeichnis

AFLP	Amplified Fragment Length Polymorphism
AMOVA	Analysis of Molecular Variance
BfN	Bundesamt für Naturschutz
BMU	Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit
BMZ	Bundesministerium für wirtschaftliche Zusammenarbeit und Entwicklung
BUND	Bund für Umwelt und Naturschutz Deutschland
bp	Basenpaare
CaCl ₂	Calciumchlorid
CBD	Convention on Biological Diversity (Konvention über Biologische Vielfalt)
CHM	Clearing-House Mechanismus
COP	Conference of the Parties (Vertragsstaatenkonferenz)
DNA	desoxyribonucleic acid (Desoxyribonucleinsäure)
DNR	Deutscher Naturschutzzring
et al.	et alii [lat.] und andere
Fa.	Firma
FAO	Food and Agriculture Organisation of the United Nations
GPS	global positioning system (Globales Positionierungssystem)
GIS	geographic information system (Geographisches Informationssystem)
KCl	Kaliumchlorid
LAGS	Landesanstalt für Großschutzgebiete Brandenburg
NABU	Naturschutzbund Deutschland e.V.
NRO	Nichtregierungsorganisationen
PCA	Principal Component Analysis (Hauptkomponentenanalyse)
PCR	Polymerase Chain Reaction (Polymerase-Kettenreaktion)
RNA	Ribonucleic acid (Ribonucleinsäure)
SBSTTA	Subsidiary Body on Scientific, Technical and Technological Advice
UBA	Umweltbundesamt
UNCED	United Nations Conference on Environment and Development
UN/ECE	United Nations Economic Commission for Europe
UNEP	United Nations Environment Programme
UNESCO	United Nations Educational, Scientific and Cultural Organization
WBGU	Wissenschaftlicher Beirat für globale Umweltveränderungen

WRI	World Resources Institute
WSSD	World Summit on Sustainable Development
WWF	World Wide Fund for Nature
ZALF	Zentrum für Agrarlandschafts- und Landnutzungsforschung

Abbildungs- und Tabellenverzeichnis

Abb. 1	Regionen ursprünglicher Herkunft der 20 wichtigsten Nahrungspflanzen auf der Welt nach Vavilov (Huber 2001).	11
Abb. 2	Verursacher des Artenrückgangs, angeordnet nach der Zahl der betroffenen Pflanzenarten der Roten Liste (Korneck & Sukopp 1988).	15
Abb. 3	Verbreitungskarte von <i>Euhorbia exigua</i> L. (Kleine Wolfsmilch) in Deutschland.	20
Abb. 4	<i>Euphorbia exigua</i> L. von Haeupler & Muer 2000 aus dem "Bildatlas der Farn- und Blütenpflanzen Deutschlands".	21
Abb. 5	Habitus von <i>Euphorbia exigua</i> L. nach Kästner et al. (2001).	22
Abb. 6	Blüten und Früchte (dreiteilige Spaltkapsel) von <i>Euphorbia exigua</i> L. (Horak & Horak 2002).	22
Abb. 7	Lage der sieben untersuchten Populationen von <i>Euphorbia exigua</i> L. im Land Brandenburg.	25
Abb. 8	Zonale Landschaftsgliederung im Raum Brandenburg und Berlin nach Marcinek & Zaumseil (1993).	27
Abb. 9	Schematische Darstellung der Probenahmestrategie.	30
Abb. 10	Schematische Darstellung der AFLP (amplified fragment lenght polymorphism)- Technik in vier Schritten mit einer Primerkombination.	39
Abb. 11	AFLP-Muster der Proben Ss3 und Gs2.	40
Abb. 12	Bodenarten nach Anteil der Kornfraktion.	44
Abb. 13	pH-Werte der Bodenproben aus 0-30 und 30-60 cm Tiefe.	45
Abb. 14	Gesamt-Kohlenstoff (Ct)- und Gesamt-Stickstoff (Nt)-gehalte der Bodenmischproben.	46
Abb. 15	Corg-gehalte der Bodenproben in 0-30 und 30-60 cm Tiefe auf den Probe-flächen.	46
Abb. 16	C/N-Verhältnis der Bodenproben.	47
Abb. 17	Nährstoffgehalte Phosphor (P), Magnesium (Mg) und Kalium (K) der Bodenproben.	48
Abb. 18	Probefläche Müncheberg (Mü).	54
Abb. 19	Probefläche in der Schorfheide (Gr).	54
Abb. 20	Probefläche in der Uckermark (Us).	55
Abb. 21	Reproduzierbarkeit. AFLP-Muster eines <i>Euphorbia exigua</i> Individuums.	58
Abb. 22	Vergleich der AFLP-Muster an 5 ausgewählten Individuen der Population Müncheberg.	60
Abb. 23	AFLP-Muster der <i>Euphorbia exigua</i> L.	61
Abb. 24	Dendrogramm (UPGMA) der 128 untersuchten <i>Euphorbia exigua</i> L.- Individuen.	65

Abb. 25	Hauptkomponentenanalyse der 128 <i>Euphorbia exigua</i> L.-Individuen.	66
Abb. 26	Dendrogramm (UPGMA-Methode) auf der Basis der genetischen Distanzen (nach Nei 1978) für <i>Euphorbia exigua</i> – Populationen.	67
Abb. 27	Diversitätsmaß (Shannon-Index) der <i>Euphorbia exigua</i> L.-Populationen in Abhängigkeit von der Anzahl der untersuchten Individuen.	68
Abb. 28	Shannon-Indizes der <i>Euphorbia exigua</i> L.-Populationen im Vergleich mit dem Gesamtindex aller 128 Individuen.	69
Abb. 29	Manteltest zum Zusammenhang zwischen der mittleren genetischen Distanz basierend auf 101 AFLP-Marker und der geographischen Distanz von <i>Euphorbia exigua</i> L.	71
Tab. 1	Die drei Ebenen der biologischen Vielfalt (Heywood 1995; WBGU 2000).	4
Tab. 2	Untersuchte Populationen von <i>Euphorbia exigua</i> L.	31
Tab. 3	Geographische Distanz der Probeflächen.	43
Tab. 4	Bodenwertzahlen der Reichsbodenschätzung und Bodenarten aus den Bodenproben.	45
Tab. 5	Vegetationsaufnahme der Probeflächen nach Vegetationsgruppen geordnet Passarge (1996, Tab. 62).	51
Tab. 6	Weitere Arten der Vegetationsaufnahme mit vereinzeltem Vorkommen.	52
Tab. 7	Charakteristik der Betriebe.	53
Tab. 8	Charakteristik der Probeflächen.	56
Tab. 9	Managementparameter der Probeflächen.	57
Tab. 10	Polymorphiegrad der untersuchten <i>Euphorbia exigua</i> L.-Populationen.	62
Tab. 11	Frequenzen ausgewählter Banden (DNA-Fragmente) in den <i>Euphorbia exigua</i> L.-Populationen.	63
Tab. 12	Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) der <i>Euphorbia exigua</i> L.-Populationen.	70
Tab. 13	Werte der Bodenarten (Anteile der Fraktionen) der Bodenproben 0-30cm (nach KA4)	94
Tab. 14	Werte der Bodenarten (Anteile der Fraktionen) der Bodenproben 30-60cm (nach KA4)	94