

Birgit Seitz, Anna Jürgens und Ingo Kowarik

Erhaltung genetischer Vielfalt: Kriterien für die Zertifizierung regionalen Saat- und Pflanzguts

Literatur-Studie



Erhaltung genetischer Vielfalt: Kriterien für die Zertifizierung regionalen Saat- und Pflanzguts

Literatur-Studie

**Bearbeitung:
Birgit Seitz
Anna Jürgens
Ingo Kowarik**

Titelfoto: Wildrosen zählen zu den sippenreichsten einheimischen Gehölzgattungen in Deutschland. Für die Duftarme Rose (*Rosa inodora*) konnte eine regionale genetische Differenzierung nachgewiesen werden (Foto: Birgit Seitz).

Adresse der Bearbeiterinnen und Bearbeiter:

Dipl.-Ing. Birgit Seitz TU Berlin, Institut für Ökologie
Dr. Anna Jürgens Rothenburgstr. 12
Prof. Dr. Ingo Kowarik 12165 Berlin

Fachbetreuung im BfN: Dr. Christelle Otto, Fachgebiet I 1.2 „Botanischer Artenschutz“

Abschlussbericht eines Werkvertrags im Auftrag des Bundesamts für Naturschutz, Stand: April 2007

Die Beiträge der Skripten werden aufgenommen in die Literaturdatenbank „**DNL-online**“ (www.dnl-online.de).

Die BfN-Skripten sind nicht im Buchhandel erhältlich.

Herausgeber: Bundesamt für Naturschutz
Konstantinstr. 110
53179 Bonn
Telefon: 0228/8491-0
Fax: 0228/8491-9999
www.bfn.de

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

Nachdruck, auch in Auszügen, nur mit Genehmigung des BfN.

Druck: BMU-Druckerei

Gedruckt auf 100% Altpapier

Bonn - Bad Godesberg 2007

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung und Zielsetzung	5
2	Methodik.....	5
3	Ergebnisse	6
3.1	Regional differenzierte genetische Variabilität und Differenzierung der wichtigsten einheimischen Landschaftsgehölze und Grünlandarten	6
3.2	Genetische Vielfalt bei Kultursorten und Baumschul-Handelsware	10
3.3	Auswirkungen der Hybridisierung zwischen gebietseigenen und gebietsfremden Sippen	14
3.4	Beeinträchtigungen der biologischen Vielfalt durch gebietsfremde Herkünfte auf anderen trophischen Ebenen.....	20
3.5	Ökonomisch relevante Konsequenzen der Verwendung gebietsfremder Herkünfte	22
4	Zusammenfassung.....	27
5	Literatur.....	28
6	Anhang.....	39

1 Einleitung und Zielsetzung

Die Sicherung der genetischen Vielfalt ist ein wichtiger, auch durch rechtliche Regelungen gestützter Auftrag des Naturschutzes. Ein wesentliches Handlungsfeld zur Implementierung dieses Auftrages ist die Pflanzenverwendung, vor allem in freier Natur, da durch die Auswahl des verwendeten Saat- oder Pflanzmaterials auch auf die genetische Vielfalt Einfluss genommen wird.

Zur fachlichen Unterstützung von Strategien zur Erhaltung und Förderung der genetischen Vielfalt wurde vom Bundesamt für Naturschutz Ende Dezember 2006 eine Literaturstudie beauftragt, die innerhalb von acht Wochen erarbeitet wurde und eine stichprobenhafte Auswertung vorhandener Literatur zu folgenden Themen zum Ziel hat::

- Regionale Differenzierung der genetischen Variabilität wichtiger einheimischer Landschaftsgehölze und Grünlandarten
- Genetische Vielfalt bei Kultursorten und Baumschulhandelsware
- Auswirkungen der Hybridisierung zwischen gebietseigenen und gebietsfremden Pflanzen
- Auswirkung der Verwendung gebietsfremder Herkünfte auf andere trophische Ebenen
- Ökonomisch relevante Konsequenzen der Verwendung gebietsfremder Herkünfte

2 Methodik

Der aktuelle Wissenstand wurde in Form einer Literatur-Übersicht zusammengefasst. Die Auswertung erfolgte modellhaft und konzentrierte sich auf publizierte Arbeiten. Die Recherche der Publikationen erfolgt im Wesentlichen durch Auswertung folgender Literaturdatenbanken: Internationale Literaturdatenbank des Web of Science, Dokumentation Natur und Landschaft (BfN-Literaturdatenbank), Informationssystem genetische Ressourcen GENRES (forstliche Genressourcen), Endnote-Literaturdatenbank zu gebietseigenen Herkünften am Institut für Ökologie der TU Berlin.

3 Ergebnisse

3.1 Regional differenzierte genetische Variabilität und Differenzierung der wichtigsten einheimischen Landschaftsgehölze und Grünlandarten

Genetische Vielfalt oder genetische Diversität¹ ist Teil der biologischen Vielfalt² und bezeichnet die Mannigfaltigkeit der Genotypen einer Population oder der Populationen einer Lebensgemeinschaft (Schaefer 2003). Die intraspezifische genetische Differenzierung einer Art ist das Ergebnis der fortwährenden evolutiven Anpassung durch Mutation, Hybridisierung und Selektion. Dabei konnten sich in unterschiedlichen Regionen unterschiedliche Genotypen entwickeln. Genetische Unterschiede zwischen Populationen reflektieren somit Selektionsprozesse und Genflüsse in der Vergangenheit. Die daraus entstehende genetische Variation innerhalb von Populationen bestimmt das Potential der Anpassungsfähigkeit an neue Selektionsprozesse, z.B. verursacht durch die Klimaerwärmung (Rice & Emery 2003).

Die genetische Differenzierung von Pflanzenpopulationen ist mit genetischen Methoden messbar. Untersuchungen zur genetischen Differenzierung von Landschaftsgehölzen und Grünlandarten wurden mit unterschiedlichen Genmarkern durchgeführt (Isoenzyme, SSR-Marker, Chloroplasten-DNA-Marker, RAPD-Marker, AFLP-Marker). Bei SSR-Markern (Mikrosatelliten), RAPD-Markern und AFLP-Markern handelt es sich um nukleare, bi-parental vererbte Marker, bei Chloroplasten-DNA-Markern um extranukleare, uni-parental (maternal) vererbte Marker. Isoenzym-Orte werden überwiegend bi-parental vererbt (Degen 2005).

Zur Messung der genetischen Differenzierung zwischen Populationen wird klassischerweise der Fixierungs-Index (G_{ST} oder F_{ST}) verwendet. Er benutzt als Messgröße das Ausmaß der genetischen Fixierung auf Allele bzw. Haplotypen. Insbesondere bei Genmarkern mit einer hohen genetischen Variation wie z.B. nukleare Mikrosatelliten können die Ergebnisse der beiden Kategorien von Maßen sehr unterschiedlich sein und sind daher nicht immer direkt vergleichbar (Hedrick 1999, Degen 2005). Auch die parentale Vererbung der Genmarker wirkt sich auf die Werte der genetischen Differenzierung aus. Die maternale Vererbung (über Samen) der Chloroplasten-DNA führt zu höheren Fixationsindices als die bi-parentale Vererbung (über Pollen und Samen), da mütterlich vererbte Marker zumeist eine stärkere geni-

¹ Die genetische Variation innerhalb von Populationen kann als genetische Vielfalt und genetische Diversität beschrieben werden. Während die genetische Vielfalt die Anzahl verschiedener Allele oder Genotypen in einer Population wiedergibt, berücksichtigt die genetische Diversität zusätzlich deren Häufigkeiten. Die Diversität ist somit ein Maß, welches auf der Anzahl und dem Verteilungsmuster der Genvarianten basiert. Je größer die Anzahl der Genvarianten und je gleichmäßiger diese in ihren Häufigkeiten verteilt sind, umso höher ist die Diversität (Hussendörfer & Konnert 1999).

² Biologische Vielfalt umfasst die Ebene der genetischen Vielfalt, der Artenvielfalt und der Vielfalt der Lebensgemeinschaften (Solbrig 1994, Blab et al. 1995).

sche Differenzierung als väterlich vererbte Marker zeigen (Palmé et al. 2003, Aguinalalde et al. 2005).

Petit et al. (2003) stellten die Fixierungs-Indices von 22 einheimischen Gehölzarten zur Beschreibung ihrer genetischen Differenzierung zusammen. Der Durchschnittswert für die Chloroplasten-DNA (cp-DNA) beträgt $G_{ST} = 0,54$, der niedrigste Wert liegt bei $G_{ST} = 0,09$. Andere Untersuchungen mit nuklearen Markern weisen jeweils deutlich geringere Werte auf. Raspé et al. (2000) verglichen G_{ST} -Werte von bi-parental vererbten Markern (Isoenzyme) mit maternal vererbten Markern (cpDNA). In Tab. 1 wird ersichtlich, dass die Werte der mütterlich vererbten Marker deutlich höher sind als die der von beiden Eltern vererbten Marker. Die Höhe der Fixationsindices hängt also stark von der jeweiligen Untersuchungsmethode ab. Die Werte können nicht direkt miteinander verglichen, sondern nur innerhalb einer Methode in Beziehung gesetzt werden.

Tab. 1: Genetische Differenzierung bi-parental (G_{STn}) und maternal (G_{STc}) vererbter Marker verschiedener Baumarten (nach Raspé et al. 2000)

Art	G_{STn}	Referenz	G_{STc}	Referenz
<i>Sorbus aucuparia</i>	0,025	Raspé & Jacquemart 1998	0,29	Raspé et al. 2000
<i>Argania spinosa</i>	0,25	El Mousadik & Petit 1996	0,60	El Mousadik & Petit 1996
<i>Eucalyptus nitens</i>	0,30	Moran 1992	0,62	Byrne & Moran 1994
<i>Pinus contorta</i>	0,09	Wheeler & Guries 1982	0,72	Dong & Wagner 1993
<i>Pinus flexilis</i>	0,016	Latta & Mitton 1997	0,68	Latta & Mitton 1997
<i>Pseudotsuga menziesii</i>	0,24	Li & Adams 1988	0,73	Aagaard et al. 1995
<i>Alnus glutinosa</i>	0,20	Prat et al. 1992	0,87	King & Ferris 1998
<i>Fagus sylvatica</i>	0,054	Comps et al. 1990	0,83	Demesure et al. 1996
<i>Quercus petraea</i>	0,024	Zanetto et al. 1994	0,90	Petit et al. 1993
<i>Quercus robur</i>	0,032	Zanetto et al. 1994	0,92	Petit et al. 1993
Durchschnittswert	0,12		0,72	

Die Ergebnisse der Literaturlauswertung sind im Einzelnen in den Tab. 2 und 3 im Anhang zusammengefasst worden. Dort finden sich auch Angaben zur jeweiligen Untersuchungsmethode, zu untersuchten Populationsgrößen und zu den Untersuchungsgebieten. Es ergibt sich ein relativ differenziertes Bild. Grundsätzlich besitzen Gehölze eine relativ hohe genetische Diversität. Diese sichert den ortsfesten und langlebigen Arten die genetische Anpassungsfähigkeit an sich ändernde Umweltbedingungen. Dies deckt sich mit weiteren Arbeiten zur genetischen Diversität von Samenpflanzen. Nach Nybom (2004), Hamrick (1983) und Hamrick et al. (1992) zeigen langlebige Pflanzen (Gehölze) mit großem Verbreitungsgebiet, einem hohen Anteil an Fremdbefruchtung und einer effizienten Samenausbreitung durch Tiere eine hohe genetische Diversität innerhalb der Populationen, aber eine geringere genetische

Variation zwischen den Populationen. Darüber hinaus spielt die jeweilige Evolutionsgeschichte einer Sippe eine entscheidende Rolle (Hamrick et al. 1992).

Tendenziell konnte diese These für die in der Literaturstudie behandelten Arten bestätigt werden. Eine geringe genetische Differenzierung zwischen den Populationen sowie hohe genetische Diversität innerhalb der Populationen besitzen Arten, die sich durch hohe Genflüsse auszeichnen, d.h. Arten mit Fernausbreitungsmechanismen, mit großem, gering strukturiertem Verbreitungsgebiet, mit hohem Anteil an Fremdbestäubung, langem Lebenszyklus und starkem anthropogenem Einfluss durch Pflanztätigkeit. Hier ist häufig eine geografische Differenzierung erst über größere Räume erkennbar.

Insbesondere bei Waldbaumarten haben bereits umfangreiche genetische Untersuchungen zur regionalen Differenzierung stattgefunden. Ein Überblick zum Stand der Isoenzymuntersuchungen findet sich z.B. bei Müller-Starck et al. (1992). Eine breit angelegte Untersuchung der Chloroplasten-DNA zahlreicher Gehölzarten erfolgte im Rahmen des EU-Projektes CYTOFOR (Überblick bei Petit et al. 2003, Aguinalalde et al. 2005).

Genetische Untersuchungen zur Buche (*Fagus sylvatica*) in Deutschland ergaben relativ geringe Unterschiede zwischen den Herkunftsgebieten (Hussendörfer & Konnert 1999, Konnert et al. 2000). Andererseits war die genetische Variation innerhalb einzelner Herkunftsgebiete wiederum sehr groß (z.B. im Märkisch-Lausitzer-Tiefland). In Bayern unterscheiden sich die Populationen aus den Hochlagen des Bayrischen Waldes und der Alpen von den übrigen bayrischen Vorkommen (Konnert 1995, Hussendörfer & Konnert 1999). In Höhenlagen des Schwarzwaldes und der Alpen wurde die Häufung eines bestimmten Genortes festgestellt, was für die Ausbildung bestimmter Ökotypen in klimatisch extremen Lagen spricht. Die genetische Variation zwischen Weißtannenbeständen (*Abies alba*) in Süddeutschland hingegen ist deutlich höher (Konnert 1996, Hussendörfer & Konnert 1999). Eine genetische Differenzierung zwischen gebietseigenen Beständen und einer gepflanzten Population konnte bei *Picea abies* in Gebirgsregionen Frankreichs festgestellt werden (Jeandroz et al. 2004).

Die Hainbuche (*Carpinus betulus*) zeigt eine klare genetische Differenzierung der Populationen in Nordeuropa, Südeuropa, Osteuropa und Süditalien (Grivet & Petit 2003). Innerhalb einer kleineren Region (Flandern) war keine genetische Differenzierung feststellbar (Coart et al. 2005). *Rosa canina*, eine weit verbreitete Wildrose, zeigte innerhalb einer kleinen geografischen Region (Brandenburg) keine geografische Differenzierung, wogegen signifikante Unterschiede auf größerer räumlicher Skala (Bayern, Mittelmeerländer, Ungarn) vorhanden waren (Seitz et al. 2005, Jürgens et al., in press). Die selteneren Wildrosen *R. sherardii* und *R. subcollina* weisen im Vergleich mit *Rosa canina* einen höheren Fixations-Index auf, und innerhalb einer kleinen Region (Brandenburg) konnten deutliche geografische Differenzierungen herausgearbeitet werden (Seitz et al. 2005). Eine geringe genetische Differenzierung wurde für *Crataegus monogyna* beschrieben. Der seltenere *Crataegus laevigata* zeigte im Vergleich eine leicht erhöhte Differenzierung (Fineschi et al. 2005). Bei Faulbaum (*Frangula alnus*) konnte eine deutliche Differenzierung zwischen Populationen des gemäßigten Europas, der Iberischen Halbinsel und Anatolien nachgewiesen werden (Hampe et al. 2003). Zwischen den Populationen Europas war die genetische Differenzierung gering ausgeprägt.

Die Hasel (*Corylus avellana*) zeigte ein extrem schwach differenziertes Bild in den zentralen europäischen Regionen, was vermutlich auf die starke Pflanztätigkeit des Menschen sowie auf die Fernbestäubung durch Wind zurückzuführen ist. Hier konnten nur noch in den Randlagen Europas (Schweden) höhere Differenzierungen gemessen werden (Persson et al. 2004). Palmé & Vendramin (2002) konnten bei dieser Art eine signifikante Differenzierung zwischen südost- und nordwesteuropäischen Populationen nachweisen. Bei *Prunus spinosa* konnte eine geografische Differenzierung zwischen den nordeuropäischen, den italienischen und den deutschen Populationen nachgewiesen werden (Mohanty et al. 2000, 2002). Leinemann et al. (2002) fanden einen hohen Grad an genetischer Differenzierung (11%) zwischen einer ungarischen Saatgutprobe und einer natürlichen Schlehenhecke in Göttingen. Am geringsten ist die Differenzierung bei windverbreiteten Arten wie *Salix caprea* und *Populus tremula* ausgeprägt. Bei *Populus tremula* war innerhalb Italiens, bei *Salix caprea* innerhalb Europas keine geografische Struktur erkennbar (Salvini et al. 2001, Palmé et al. 2003). Hier führen extreme Anpassungen in der Fernausbreitung (im Kilometer-Bereich) zu einer geringen geografischen Differenzierung (in der englischen Literatur wird von geographischer Struktur gesprochen).

In den Niederlanden wurde die genetische und morphologische Differenzierung zwischen alten Kultursorten und Populationen alter Wiesen von *Lolium perenne* und *Trifolium repens* untersucht (van Treuren et al. 2005). Die alten Wiesen wurden seit 30 Jahren nicht mehr mit kommerziellen Kultursorten eingesät. Die ausgewählten Kultursorten spielten in den vergangenen 50 Jahren eine wichtige Rolle bei der Wiesenbewirtschaftung. Bei beiden Arten konnte eine morphologische und genetische Differenzierung zwischen Kultursorten und alten Wiesen nachgewiesen werden.

Dem gegenüber stehen Arten mit einer hohen genetischen Differenzierung zwischen den Populationen und einer geringen genetischen Diversität innerhalb der Populationen. Hier handelt es sich tendenziell um Arten mit geringen Genfluss-Raten, d.h. mit hohen Anteilen an Selbstbefruchtung, mit kleinem Verbreitungsgebiet und isolierten Populationen, mit überwiegend im Nahbereich ausgebreiteten Samen und kurzen Lebenszyklen. Eine deutliche genetische Differenzierung konnte für europäische Populationen einheimischer Eichen- (*Quercus*-)Arten nachgewiesen werden (Dumolin-Lapègue et al. 1997, König et al. 2002, Petit et al. 2002). In Deutschland und den Niederlanden, wo ein hoher Genfluss aus gebietsfremden Provenienzen vermutet wird, wurde eine starke räumliche genetische Differenzierung für die genannten Eichenarten beschrieben (König et al. 2002). Größere Ähnlichkeiten wurden für Populationen, die weniger als 270 km voneinander entfernt sind, nachgewiesen.

Auch bei *Acer campestre* konnten hohe Werte genetischer Differenzierung innerhalb Europas gefunden werden (Petit et al. 2003). Leinemann et al. (2002) konnten bei dieser Art einen hohen Grad an genetischer Differenzierung (35%) zwischen deutschen und ungarischen Herkünften nachweisen. Die Untersuchung von *Acer platanoides* in Skandinavien ergab überraschenderweise ebenfalls eine starke geografische Differenzierung (Rusanen et al. 2003). Offenbar ist die Art an ihrer Arealgrenze noch stärker differenziert und der Genpool nicht durch gebietsfremde Herkünfte beeinträchtigt. Es muss jedoch davon ausgegangen

werden, dass die Ergebnisse nicht ohne weiteres auf Deutschland und angrenzende Länder übertragbar sind, wo die Art in großen Mengen gepflanzt wird.

Schlussfolgerungen

Eine räumliche genetische Differenzierung konnte bei zahlreichen Landschaftsgehölzen und Grünlandarten nachgewiesen werden. Die Erhaltung der genetischen Variabilität zwischen und innerhalb von Populationen ist Schutzziel des Naturschutzes. Um eine Vermischung natürlicher Genotypen durch das Sammeln und Ausbringen von Wildpflanzen bei der Anzucht gebietseigener Sippen zu vermeiden, ist die Ausweisung von Herkunftsgebieten erforderlich. Die genetischen Unterschiede sind bei der Auswahl von Herkunftsgebieten nutzbar. Empfehlungen zur Ausweisung von Herkunftsgebieten müssen in Abhängigkeit der o.g. Parameter (Fremdbestäubung, Lebensdauer, Verbreitung und Häufigkeit der Arten) und der Ergebnisse der genetischen Untersuchungen differenziert erfolgen. Anhand der Literaturauswertung sind Generalisierungen nur bedingt möglich, da die Ergebnisse stark von der Untersuchungsmethode abhängen (ausgewählte Populationen, geografischer Bezugsraum). Darüber hinaus muss bei seltenen Arten differenzierter vorgegangen werden als bei häufigen Arten, da hier ein Verlust der indigenen Populationen durch Auszuchtdepression³ zu befürchten ist (vgl. Kap. 3.3).

3.2 Genetische Vielfalt bei Kultursorten und Baumschul- Handelsware

Die Produktion von Saatgut von Gehölzen und krautigen Arten für Maßnahmen in der freien Landschaft erfolgt überwiegend in Baumschulen und Saatgutbetrieben. Saatgut für Gehölze wird traditionellerweise von Wildpflanzen gewonnen. Früher wurden hierfür überwiegend regionale Bestände genutzt, seit dem 20. Jh. wird zunehmend gebietsfremdes Saatgut importiert (Weber 1967, Spethmann 1995, Skoluda 2002, Kowarik & Seitz 2003). Das Inverkehrbringen von Saatgut krautiger Arten wird durch das Saatgutverkehrsgesetz (SaatG) geregelt. Dabei stehen Kriterien wie Reinheit, Keimfähigkeit und Homogenität im Vordergrund. Diese Kriterien gehen v.a. auf landwirtschaftlich begründete Überlegungen zurück, sind jedoch wenig an die Vorgaben und Bedürfnisse des Naturschutzes angepasst. Im Saatguthandel werden neben landwirtschaftlichen Kulturpflanzen auch Saatgut für Rasen- und Wiesenansaat sowie für Begrünungsmaßnahmen in der freien Landschaft nach dem SaatG produziert. Auch in Regel-Saatgutmischungen, die in der freien Landschaft verwendet werden, sind selektierte Wildsippen, aber auch züchterisch veränderte Kultursippen einheimi-

³ Unter Auszuchtdepression oder outbreeding depression versteht man die Reduktion der Anpassungsfähigkeit einer Population durch Paarung zwischen Vertretern stark differenzierter Unterpopulationen oder unterschiedlicher Unterarten (Schaefer 2003).

scher Arten vertreten.⁴ Züchterisch veränderte Sorten finden sich v.a. bei Gräsern wie *Agrostis capillaris*, *A. stolonifera*, *Festuca arundinacea*, *F. ovina*, *F. rubra*, *Lolium perenne*, *Poa nemoralis*, *P. pratensis* und *P. trivialis*, aber auch bei einigen krautigen Arten wie *Leucanthemum vulgare*, *Lotus corniculatus* oder *Medicago lupulina* (Molder 1995, FLL 2002). In der Regel handelt es sich außerdem um gebietsfremde Herkünfte: knapp die Hälfte des Bedarfs an Gräser Saatgut in Deutschland (17500 t) und fast der Gesamtbedarf des Leguminosensaatguts (3500 t) werden derzeit aus dem Ausland importiert (Deutscher Bundestag 2005). Auch landwirtschaftliche Kultursorten kommen bei Begrünungsmaßnahmen in der freien Natur zum Einsatz, insbesondere zur Zwischenbegrünung als Bodenverbesserung und Erosionsschutz. Von der FLL (2002) empfohlene Arten sind Raps (*Brassica napus*), Rübsen (*Brassica rapa*), Sonnenblume (*Helianthus annuus*), Erbse (*Lathyrus sativus*), Lupine (*Lupinus angustifolius*, *L. luteus*, *L. albus*), Schneckenklee (*Medicago lupulina*), Luzerne (*Medicago sativa*), Steinklee (*Melilotus alba*, *M. officinalis*), Esparsette (*Onobrychis viciifolia*), Serradella (*Ornithopus sativus*), Phacelia (*Phacelia tanacetifolia*), Ölrettich (*Raphanus sativus*), Staudenroggen (*Secale multicaule*), Kronwicke (*Securigera varia*), Senf (*Sinapis alba*), Klee-Arten (*Trifolium hybridum*, *T. pratense*, *T. repens*), Ackerbohne (*Vicia faba*), Wicken-Arten (*Vicia sativa*, *V. villosa*).

Da Kulturpflanzen häufig von einer begrenzten Anzahl züchterisch veränderter Individuen abstammen, sind sie in ihrer genetischen Variation gegenüber den Populationen der verwandten Wildsippen eingeschränkt (Ladizinsky 1985, Ellstrand & Elam 1993). So zeigt z.B. die Kultursippe von Luzerne (*Medicago sativa*) eine signifikant geringere genetische Diversität als die Wildsippe aus dem Mittleren Osten, wo die Art ursprünglich herkommt (Muller et al. 2003). Auch das Beispiel einer landwirtschaftlichen Kulturpflanze veranschaulicht dies. Bartsch & Ellstrand (1999) konnten bei Kulturformen der Zuckerrübe (*Beta vulgaris*) eine deutlich geringere genetische Variabilität nachweisen als bei ihrer Wildform. Die Gründung einer neuen Population mit eingeschränkten oder stark veränderten genetischen Eigenschaften (Gründereffekt⁵) ist häufig mit einer höheren Empfindlichkeit gegen extreme Umwelteinflüsse verbunden. Bei Hybridisierung zwischen Kultur- und Wildsippen kann es darüber hinaus zur genetischen Auslöschung der Wildsippen kommen (vgl. Kap. 3.3).

Bei Landschaftsgehölzen spielt der Einsatz züchterisch veränderter Kultursippen eine geringere Rolle. Vor allem bei Allee- und Straßenbäumen existieren zahlreiche Sorten mit veränderten morphologischen Eigenschaften (Wuchsform, Blattfärbung). Allein von *Acer pseudoplatanus* wurden bei Krüssmann (1976) 56 Sorten, von *Acer platanoides* 50 Sorten be-

⁴ Im folgenden Text wird zwischen Anbaupflanzen und Kulturpflanzen unterschieden. Anbaupflanzen sind in Kultur genommene Wildpflanzen, deren Genpool zwar nicht züchterisch verändert worden ist, aber durch Selektionsprozesse bereits Veränderung erfahren hat. Kulturpflanzen sind Pflanzen, die durch Hybridisierung, Mutation oder Selektion züchterisch verändert worden sind (Def. nach Willerding 1986, Kowarik 2005). Sie können von einheimischen oder nichteinheimischen Arten abstammen.

⁵ Gründereffekt oder founder effect ist die Erscheinung, dass Populationen, die sich aus einer niedrigen Zahl von Kolonisatoren entwickeln, nur einen geringen Anteil an der genetischen Variation der Ausgangspopulation haben (Schaefer 2003).

schrieben. Eine Untersuchung zur Standorteignung von *Acer pseudoplatanus* als Straßenbaum in Mitteldeutschland zeigte, dass Alleen aus unterschiedlichen Sorten und Wildherkünften zusammengesetzt sind (Schneidewind 2005). Dabei handelt es sich bei den verwendeten Bergahorn-Sorten fast ausschließlich um niederländische Selektionen, die durch fortlaufende vegetative Vermehrung erhalten werden. Nach Beobachtung der Jugendentwicklung kommt Schneidewind zu der ersten Einschätzung, dass die Sorten hinsichtlich des Auftretens von Frostrissen, Sonnenbrand und des Befalls mit Phytoparasiten (*Verticillium*-Arten) keine nennenswerten Vorteile gegenüber der Wildart besitzen.

Wie bei den Straßenbäumen führt auch bei Sträuchern v.a. die klonale Vermehrungsform zur Einschränkung der genetischen Vielfalt. Nach Hanske (1991) und Spethmann (1995) wird in deutschen Baumschulen ein knappes Drittel von 159 einheimischen Gehölzarten ausschließlich vegetativ vermehrt. Für Baum- und Strauchpflanzungen in Siedlungen und in der freien Natur werden jährlich über 150 Millionen Gehölze in deutschen Baumschulen produziert. In der freien Landschaft werden vermutlich noch erheblich mehr Gehölze ausgebracht, da Sträucher und Bäume in wesentlichem Umfang auch aus anderen Ländern importiert werden (vgl. Kowarik & Seitz 2003). Die Verwendung klonal vermehrten, genetisch einheitlichen Materials in solch großen Mengen schränkt das innerartliche genetische Spektrum und damit die genetische Anpassungsfähigkeit von Populationen ein. Diese ist jedoch eine wesentliche Voraussetzung für die nachhaltige Etablierung von Populationen, insbesondere vor dem Hintergrund aktueller und zukünftiger Umweltveränderungen (z. B. Klimaveränderungen, Stoffeinträge, Habitatfragmentierung und Nutzungsveränderungen). Maurer & Tabel (1995) konnten mittels Isoenzymanalysen die Abstammung einer Winterlinden-Allee (*Tilia cordata*) aus einem Klon nachweisen. In einem breit angelegten Versuch zur genetischen Diversität von Stieleiche (*Quercus robur*) aus Beständen unterschiedlicher Naturnähe konnte mit zunehmendem Kultureinfluss des Menschen eine abnehmende genetische Differenzierung zwischen den Populationen gemessen werden. So zeichneten sich niederländische Straßenrandbepflanzungen mit Stieleiche durch eine deutlich geringere genetische Differenzierung aus als alte, gebietseigene Stieleichenwälder (König et al. 2002).

Auch der Anbau von Wildpflanzen (Anbaupflanzen) kann mit einer Reduzierung der genetischen Vielfalt verbunden sein, da Baumschulen und Saatgutbetriebe in der Regel bestimmte Phänotypen mit besonderer Wüchsigkeit, gutem Fruchtansatz, kürzerer Samenruhe oder größeren Samen selektieren. Die Selektion bestimmter Eigenschaften (z.B. rascher Wuchs, gute Keimfähigkeit) kann die Häufigkeit der entsprechenden Allele⁶ erhöhen, allerdings kann damit eine Verschlechterung anderer Eigenschaften (z.B. Lebensdauer) verbunden sein (Lescia & Allendorf 1999)⁷. Eine gezielte Selektion bestimmter Phänotypen reduziert die ge-

⁶ Ein Allel ist eine von zwei oder mehreren verschiedenen Ausprägungsformen eines Gens am selben Locus eines Chromosoms (Wagenitz 1996).

⁷ Die Ursachen hierfür liegen in der Pleiotropie (Wirkung eines Gens auf verschiedene Merkmale, Wagenitz 1996) oder in der Störung des Gleichgewichts miteinander verbundener oder benachbarter Gene.

netische Vielfalt und erhöht das Risiko der genetischen Drift⁸ (Jones & Johnson 1998, Lescia & Allendorf 1999). Ein verbreitetes Verfahren, das die genetische Vielfalt von Baumschul-Ware einschränkt, ist die Qualitätssortierung vor dem Verkauf der Gehölze. Konnert & Schmidt (1996) und Konnert & Ruetz (2003) untersuchten die genetischen Konsequenzen der Pflanzensortierung von *Picea abies*, *Abies alba* und *Fagus sylvatica* in einer Baumschule. Es wurden bei der Sortierung drei Kategorien gebildet: große Pflanzen (25-50 cm), kleine Pflanzen (15-30 cm) und aussortierte Pflanzen. Die gewonnenen Sortierungsklassen unterscheiden sich in ihren genetischen Strukturen sowohl untereinander als auch von den Ausgangspopulationen. Die größten Pflanzen hatten bei Fichte, Tanne und Buche die geringste genetische Diversität. Bei Fichte und Tanne unterscheiden sich die großen Pflanzen in ihrem Allelbestand am stärksten von den restlichen Gruppen. Nach diesem Ergebnis engt die Größensortierung in Baumschulen die genetische Vielfalt der gepflanzten Populationen ein, da bei Pflanzmaßnahmen in der Regel nur eine Qualität und meist die größten Pflanzen verwendet werden.

Savolainen & Kärkkäinen (1992) und Lefèvre (2004) beschreiben die Auswirkungen des Menschen auf forstgenetische Ressourcen. Beeinträchtigungen der genetischen Vielfalt ergeben sich durch gezielte Selektion ausgewählter Phänotypen, die Verwendung gebietsfremder Herkünfte sowie durch die Bewirtschaftungsweise (Ernte, Durchforstung).

Zur generativen Anzucht von Gehölzen werden häufig Samenplantagen genutzt. Untersuchungen zur genetischen Variabilität von Forstpflanzen aus Samenplantagen kommen zu dem Schluss, dass bestimmte Parameter wie Aufpflanzung und Beerntung ausreichender Herkunftsklone, Beerntung zahlreicher Individuen, wechselnde Beerntung unterschiedlicher Bestände beachtet werden müssen, um die genetische Vielfalt nicht einzuschränken (Kitzmiller 1990, Kleinschmit 1995, Behm et al. 1997, Konnert & Behm 1999). Es sind Beispiele dafür bekannt, dass die forstliche Praxis (Saatguternte, Bestandspflege, Ernteverfahren) die genetische Zusammensetzung der Baumbestände verändert hat. Konnert & Fromm (2004) verglichen Saatgutpartien von Winterlinde (*Tilia cordata*) und Bergahorn (*Acer pseudoplatanus*) aus Forstbeständen und Saatgutplantagen hinsichtlich des Ausmaßes ihrer genetischen Variation. Dabei zeigten die Plantagenernten bei beiden Baumarten eine geringere genetische Diversität und Heterozygotie.

Ein weiteres Beispiel aus dem Forstbereich zeigt, dass Pflanzungen von *Abies alba* im Vergleich zu spontan verjüngten Beständen eine geringere genetische Vielfalt aufweisen können (Hussendörfer 1996). Auch die genotypische Struktur unterschied sich signifikant von derjenigen des Ausgangsbestands. Die gepflanzten Jungbäume stammten zwar aus derselben Region, aber von nur 8 Erntebäumen auf 3 ha. Sie wurden zuvor in einem Pflanzgarten angezogen und unsortiert auf der Versuchsfäche ausgebracht.

⁸ Unter genetischer Drift versteht man die Veränderung der Genfrequenz in kleinen Populationen. Sie spielt v.a. bei geringer Populationsdichte, z.B. bei der Besiedlung neuer Lebensräume, eine Rolle (Schaefer 2003).

Schlussfolgerungen

Die genetische Vielfalt von Pflanzenpopulationen ist ein eigenständiges Schutzobjekt des Naturschutzes (Wingender & Klingenstein 2000). Züchterisch veränderte Kultursippen besitzen eine eingeschränkte genetische Vielfalt und sollten bei Pflanzmaßnahmen in der freien Landschaft nicht verwendet werden. Durch Hybridisierung und Introgression können sie die genetische Vielfalt der indigenen Arten nachhaltig verändern. Dies kann zum Verlust spezieller Anpassungen, zur Homogenisierung des Genpools einer Art und zur Auslöschung der ursprünglichen Wildsippen führen. Zur Erhaltung einer größtmöglich genetischen Vielfalt muss die Pflanzenvermehrung für Maßnahmen in der freien Landschaft ausschließlich generativ erfolgen. Bei der Samenernte sollten möglichst zahlreiche Individuen sowie möglichst auch mehrere Bestände beerntet werden. Insbesondere bei der Nutzung von Samenplantagen ist auf die Ernte in mehreren Beständen bzw. eine Mischung der Saatgutklone zu achten. Selektionsmaßnahmen in Baumschulen (Auswahl bestimmter Phänotypen, Größensortierung) sollten unterbleiben. Ein Verfahren zur Ausweisung von Erntebeständen sowie Hinweise zum Vorgehen bei der Saatguternte für die Gehölzanzucht wurden von Seitz et al. (2003, 2005) und Seitz et al. (subm.) erarbeitet.

3.3 Auswirkungen der Hybridisierung zwischen gebietseigenen und gebietsfremden Sippen

Sofern sich die Blühzeitpunkte überschneiden, kann es zu Kreuzungen und Rückkreuzungen zwischen gebietseigenen und gebietsfremden Sippen der gleichen Art oder anderen genetisch kompatiblen Arten kommen. Hybridisierung kann somit auf Artebene sowie unterhalb der Artebene erfolgen. Im folgenden Kapitel werden mögliche Auswirkungen auf die biologische Vielfalt beschrieben.

Hybridisierung als Auslöser für die Invasion von Sippen

Die anthropogen verursachte Beseitigung von Kreuzungsbarrieren in Zusammenhang mit der Einführung von Arten, mit Habitatveränderungen sowie der Klimawandel können sich positiv auf die Hybridisierung von Arten auswirken (Rhymer & Simberloff 1996, Abbott 1992, Abbott et al. 2003, Petit 2004). Auf globaler Ebene wird die Verbreitung von Individuen gleicher oder kreuzungskompatibler Arten die Genflüsse zwischen und innerhalb von Arten erhöhen. Veränderte Blühzeiten durch Klimaveränderungen können ebenfalls zu erhöhten Hybridisierungsraten führen (Petit 2004). Dadurch können neue Taxa entstehen, die sich sexuell reproduzieren und möglicherweise im neuen Lebensraum invasiv werden können (Rhymer & Simberloff 1996). Somit kann Hybridisierung stimulierend auf das Invasionspotenzial einer Sippe wirken (Ellstrand & Schierenbeck 2000).

Invasionserfolge wurden von Hybriden zwischen Arten beschrieben (z.B. *Bromus hordeaceus* = *B. arvensis* x *scoparius*, *Rhododendron catawbiense* x *R. ponticum*, *Viola riviniana* x *V. reichenbachiana*, weitere Beispiele in Ellstrand & Schierenbeck 2000). Der Invasionser-

folg dieser Hybriden wurde v.a. in gestörten Ökosystemen beschrieben. Neuffer et al. (1999) berichten über das ökologische Verhalten der Hybride zweier einheimischer Veilchen-Arten (*Viola reichenbachiana* x *V. riviniana*). Der neue Genotyp ist offenbar in der Lage, sich in eutrophierten Kiefernwäldern rasch auszubreiten. In Kalifornien entstand aus der Spontanhybride zwischen *Secale cereale* und *Secale montanum* eine invasive Roggensippe, die als Kulturunkraut ein großes Problem für die ansässigen Farmer darstellt (Sun & Corke 1992).

Invasions-Phänomene werden auch für Hybridisierungsereignisse unterhalb der Artebene beschrieben. Der Anbau von Zuckerrüben (*Beta vulgaris* subsp. *vulgaris*) zur Samenproduktion in mediterranen Ländern führte zur Kreuzung mit einjährigen wilden Rüben (*Beta vulgaris* subsp. *maritima*) (Boudry et al. 1993, Parker & Bartsch 1996). Die Hybriden sind ebenfalls einjährig und bilden eine hölzerne Wurzel aus, die keinen landwirtschaftlichen Wert besitzt. Da das in Nordeuropa verwendete Saatgut immer einen Anteil an Hybridsamen enthält, konnte sich erfolgreich ein invasives annuelles Unkraut ausbreiten, das nur schwierig zu bekämpfen ist und einen enormen wirtschaftlichen Schaden verursachen kann.

Genetische Homogenisierung und Auslöschung von Wildsippn

Da die genetische und morphologische Differenzierung von Arten in unterschiedlichen Regionen stark variieren kann, kann die Ausbringung gebietsfremder Herkünfte und darauf folgende innerartliche Hybridisierung zur Homogenisierung von Populationsstrukturen führen (Slatkin 1987, Petit 2004). Die Ausbringung gebietsfremder Provenienzen kann also zur Beeinträchtigung regionaler Genpools führen. So können bei zahlreichen Forstbäumen aufgrund der lange andauernden genetischen Vermischung keine gebietseigenen Herkünfte mehr identifiziert werden (König et al. 2002). Das gleiche gilt für die Luzerne (*Medicago sativa*) (Muller et al. 2003).

Hybridisierungsereignisse zwischen Kultursippen und verwandten Wildsippen können das Risiko zur Auslöschung der Wildsippen erhöhen (Ellstrand & Elam 1993, Levin et al. 1996, Rhymer & Simberloff 1996, Ellstrand et al. 1999, Modelle bei Huxel 1999). Auslöser für Verdrängungsprozesse sind z.B. Auszuchtdepression (siehe folgendes Kapitel) oder die Überformung der ursprünglichen genetischen Ausstattung durch wiederholte Hybridisierung und Introgression (genetic swamping) (Ellstrand & Elam 1993, Hufford & Mazer 2003). Dieser Vorgänge können unter Umständen rasch vonstatten gehen und nur wenige Generationen dauern, v.a. wenn die Wildpopulationen klein sind und ein kleines Verbreitungsgebiet besitzen (Levin et al. 1996, Ellstrand et al. 1999).

Konkrete Fallbeispiele zur Verdrängung indigener Genotypen durch Hybridisierung sind bislang wenig untersucht. Bei Hasel (*Corylus avellana*) konnte durch molekulargenetische Untersuchungen eine deutliche Veränderung der Wildvorkommen durch Kultursippen nachgewiesen werden (Palmé & Vendramin 2002). Genetische Untersuchungen von Wildrosen in Brandenburg zeigten, dass die häufige *Rosa canina* innerhalb Brandenburgs keine nennenswerte räumliche Differenzierung aufweist, auf überregionaler Ebene aber durchaus unterschiedliche Genotypen zu erkennen sind (Jürgens et al. in press). Seltener Wildrosen (*R. sherardii*, *R. subcollina*) hingegen zeigten auch innerhalb Brandenburgs noch eine deutliche

genetische Differenzierung (Seitz et al. 2005). Dies spricht für die Hypothese, dass zum einen die ursprünglich größere Abundanz, aber möglicherweise auch die massenhafte Pflanzung gebietsfremder Herkünfte von *R. canina* zumindest auf regionaler Ebene bereits zur Homogenisierung des Genpools beigetragen hat.

Bei Weißdorn haben die Zerstörung natürlicher Barrieren und künstliche Pflanzungen zu einer Vermischung der drei Arten *Crataegus monogyna*, *C. laevigata* und *C. rhipidophylla* geführt (Christensen 1984, Spethmann 1997). Durch die einseitige und massenhafte Pflanzung gebietsfremder Provenienzen von *C. monogyna* wird dieser Prozess vermutlich beschleunigt (Lippert 1978). Die Artgrenzen werden hier weiter verschwimmen, und es ist zu erwarten, dass *C. laevigata* und *C. rhipidophylla* von *C. monogyna* „aufbastardiert“ werden (Borger 1990, Spethmann 1997, Hellwig 2000).

In Galizien haben sich mitteleuropäische Hochleistungssorten von *Dactylis glomerata*, die in den 70er Jahren für die Heuproduktion angesät worden waren, in kurzer Zeit auch in naturnahe Weideflächen ausgebreitet. Es kam zu Kreuzungen mit gebietseigenen, auf Galizien beschränkten Ökotypen der gleichen Art, die nun zunehmend durch Hybriden und die mitteleuropäischen Sorten ersetzt werden. Dies schränkt die biologische Vielfalt ein und ist wegen der Rückwirkungen auf das Landnutzungspotenzial auch ökonomisch relevant. Die mitteleuropäischen Sorten und deren Hybriden mit den ursprünglichen galizischen Herkünften eignen sich zwar für die Heuproduktion, jedoch weniger als Weidegras. Ihre Blätter sind härter, und der Zuwachs hört zum Ende des Winters auf. Die galizischen Sippen wachsen dagegen ganzjährig und lassen durchgängig eine Beweidung zu (Lumaret 1990).

In Nordamerika hat die Einführung gebietsfremder Genotypen von *Phragmites australis* aus Europa und Asien zu Beginn des 19. Jh. zur starken Ausbreitung der Art geführt (Saltonstall 2002). Aufgrund der überwiegend vegetativen Fortpflanzung der nordamerikanischen Schilfklone ist es bislang nicht zu einer genetischen Vermischung zwischen den Provenienzen gekommen (Saltonstall 2003), die jedoch langfristig zu erwarten ist. Die gebietsfremden Herkünfte können rasch Lebensräume und Gebiete besiedeln, die zuvor nicht mit Schilf bewachsen waren.

Bei Gehölzen liegen bekannte Fallbeispiele zur Kreuzung von indigenen mit gebietsfremden Arten vor. Nach Spethmann (1997) haben Hybridisierungen mit Kultursippen erheblich zur Gefährdung von Holz-Apfel (*Malus sylvestris*) und Wild-Birne (*Pyrus pyraster*) beigetragen. Ihr Rückgang wird zudem wahrscheinlich durch Rückkreuzung mit Kultursorten verschleiert, die nicht leicht zu erkennen sind und häufig zu Verwechslungen führen. Nach Dostalek (1989) und Loos (1992) sind die unter *Pyrus x amphigenea* zusammengefassten Hybriden zwischen Kultur- und Holz-Birne weit verbreitet. Nach Endtmann (1999) ist reine *Pyrus pyraster* in Deutschland sehr selten und in vielen Gebieten ausgestorben. Ähnliches ist für den Holz-Apfel anzunehmen (Coart et al. 2006). Zumindest in Südwestdeutschland kommen wahrscheinlich keine ursprünglichen Wildformen des Holz-Apfels mehr vor (Remmy & Gruber 1993).

Die Verdrängung der Schwarzpappel durch Zerstörung ihrer natürlichen Lebensräume (Auen) und darauf folgende verstärkte Pflanzungen von *Populus x canadensis* - Klonen (*P. nigra*

x deltoides) führten zum starken Rückgang der Schwarzpappel in Europa. Wo männliche Kreuzungspartner von *P. nigra* fehlen, kann es leicht zur Hybridisierung zwischen Schwarz- und Hybridpappeln kommen. Sind jedoch ausreichend männliche Exemplare von *P. nigra* vorhanden, besitzen diese einen Bestäubungsvorteil gegenüber den Hybridpappeln. In Belgien konnte beim Fehlen männlicher Kreuzungspartner die Gen-Introgression von *P. deltoides* in den Nachkommen einheimischer Schwarzpappeln nachgewiesen werden (Vanden Broeck et al. 2005). Geringe Introgressionsraten konnten europaweit an zahlreichen Flüssen festgestellt werden (u.a. Donau, Drôme, Ebro, Garonne, Loire, Maas, Rhein, Ticino, Usk und Waal; alle zit. in Vanden Broeck et al. 2005). Kommen kleine und isolierte natürliche Schwarzpappel-Populationen in Kontakt mit größeren Hybrid-Pappel-Populationen, können diese in nur wenigen Generationen infolge genetischer Introgression ausgelöscht werden (Vanden Broeck et al. 2005).

Kreuzungsexperimente zwischen dem gefährdeten einheimische Roten Maulbeerbaum (*Morus rubra*) und dem eingeführten Weißen Maulbeerbaum (*M. alba*) in Kanada zeigten bei *M. alba* und der Hybride zwischen den Arten eine erhöhte Fitness gegenüber der einheimischen Art (Burgess & Husband 2006). So ist zu erwarten, dass *M. rubra* langfristig durch *M. alba* bzw. die Hybride verdrängt wird.

Die reduzierte Fitness von Hybridpopulationen zweier genetisch unterschiedlicher Genotypen kann sich auch auf andere trophische Ebenen auswirken (vgl. Kap. 3.4). Whitham (1989) untersuchte die Verteilung und Überlebensrate von Blattläusen auf Hybrid- und Elternpopulationen zweier Pappelarten (*Populus fremontii*, *P. angustifolia*) in Utah. Die Bäume in der Hybridzone wurden um das 119fache stärker von Blattläusen befallen als die Bäume der Elternarten. Die durchschnittliche Überlebensrate der Blattläuse betrug in den Hybridpopulationen 60,7%, in den Elternpopulationen hingegen nur 38,5%. In Jahren mit geringer Blattlaus-Populationsdichte fungierten die Pappelhybriden als Rückzugsgebiete und die reinen Arten wurden gar nicht befallen.

Verlust der genetischen Anpassung

Aus der Züchtungsforschung ist bekannt, dass die Kreuzung von Sippen zwar zu einer Verbesserung erwünschter Eigenschaften, aber zu einer reduzierten Fitness (z.B. Fertilität und Überlebensfähigkeit) führen kann (Folgen von Inzucht- bzw. Auszuchtdepression⁹). Dies wurde bei zahlreichen Wildpopulationen beobachtet und ist auch bei der Hybridisierung zwischen Kultur- und Wildsippen zu erwarten (Ellstrand et al. 1999). Nicht nur die Kreuzung von sehr nah verwandten Sippen (Inzuchtdepression) kann zu einem Fitnessverlust der nachfol-

⁹ Inzuchtdepression ist die vermehrte Ausprägung meist negativer rezessiver Merkmale durch stärkere Homozygotie bei der Paarung von nahe verwandten Individuen. Unter Auszuchtdepression oder outbreeding depression versteht man die Reduktion der Anpassungsfähigkeit einer Population durch Paarung zwischen Vertretern stark differenzierter Unterpopulationen oder unterschiedlicher Unterarten (Schaefer 2003).

genden Generationen führen, sondern auch die Kreuzung von weit entfernt verwandten Populationen (Ellstrand & Schierenbeck 2000).

Abgesehen von negativen Effekten durch die Übertragung von Genen aus nicht angepassten Populationen kann es bei der Hybridisierung zwischen unterschiedlichen Herkünften vorübergehend auch zu Heterosiseffekten¹⁰ kommen. Diese zeichnen sich dadurch aus, dass die erste Kreuzungsgeneration zunächst Vorteile gegenüber der Elterngeneration aufweist. Diese Vorteile müssen jedoch unter Umständen mit Verlusten in der Anpassungsfähigkeit und unter Umständen auch mit Sterilität bezahlt werden. Häufig werden Heterosiseffekte in späteren Generationen durch Auszuchtdepression überlagert (Hufford & Mazer 2003). Darunter versteht man das Auseinanderreißen kooperierender Genkomplexe in der F2 als Folge einer Hybridisierung (Kollmann & Keller 2001). Obwohl dieses Phänomen beträchtliche Ausmaße erreichen kann, ist es für natürliche Populationen bislang nur wenig untersucht.

Fitnessverluste durch Auszuchtdepression sind aus naturschutzfachlicher Sicht dann relevant, wenn es durch Übertragung unangepasster Gene zu einem Verlust der genetischen Anpassungsfähigkeit der gebietseigenen Populationen kommt. Dies ist v.a. bei kleinen Populationen seltener Arten der Fall.

An Ackerunkräutern haben Keller et al. (2000) gezeigt, dass ein Genfluss zwischen gebiets-eigenen Herkünften sowie deren Hybriden mit gebietsfremden Herkünften die Fitness der von der Introgression betroffenen Genotypen beeinträchtigen kann. Ein Rückgang der Biomasse und der Überlebensrate konnte bei den F2-Generationen von *Papaver rhoeas* und *Agrostemma githago* nachgewiesen werden. *Silene alba* zeigte zunächst in der F1-Generation eine Zunahme der Samenmenge und Spross-Biomasse, die in der F2-Generation wieder zurückging. In den meisten Fällen trat in der ersten Generation ein Heterosiseffekt auf, während in der F2 bei Rückkreuzungen der F1 mit der Elterngeneration Fitnessseinbußen auftraten, die bei entfernteren Herkünften besonders groß waren.

Auch zur Stützung und Erhaltung gefährdeter Populationen seltener Arten wird häufig die Übertragung von Genen aus anderen Populationen empfohlen. Wenn jedoch unangepasste Merkmale weitergegeben werden, kann dies ebenfalls zu negativen Effekten führen („genetic swamping“) und die Fitness der Empfängerpopulation weiter schwächen (Storfer 1999, Hufford & Mazer 2003). Diese Gefahr droht v.a. kleinen Populationen von Arten, die an ihrem Arealrand liegen. Bestehen große Fitness-Differenzen zwischen der Randpopulation und der eingeführten Population (z.B. aus dem Arealzentrum), kann eine Hybridisierung dieser Provenienzen zum vollständigen Zusammenbruch der gefährdeten Population führen (Ronce & Kirkpatrick 2001, Rice & Emery 2003).

Fischer & Schmid (1998) zeigten mit einem Bestäubungsexperiment, dass in sehr kleinen Populationen von *Gentianella germanica* verstärkt Inzuchtdepression auftreten. Die durch Selbstbestäubung befruchteten Samen keimten schlechter als diejenigen aus Kreuzungen

¹⁰ Als Heterosis bezeichnet man die höhere Fitness der Heterozygoten im Vergleich zu den Homozygoten bei Hybridisierung (Schaefer 2003). Dies äußert sich darin, dass die Hybriden in verschiedenen Eigenschaften deutlich besser entwickelt sind als ihre Eltern (Wagenitz 1996).

zwischen Eltern, die im Umkreis von 10 m gewachsen waren. Die Keimungsergebnisse verschlechterten sich jedoch nach dem Einbringen von Pflanzen aus fremden Populationen. Die Nachkommen dieser Kreuzungen keimten schlechter und waren kleiner als diejenigen aus Kreuzungen im 10 m-Umkreis. Bei der Kreuzung unterschiedlicher Herkünfte von *Succisa pratensis* zeigten die Kreuzungen mit lokalen Herkünften die höchste Biomasseproduktion und den besten Blütenansatz (Vergeer et al. 2004).

Untersuchungen an *Lotus scoparius* in Kalifornien zeigten, dass die Kreuzungserfolge mit zunehmender genetischer Distanz abnahmen (Montalvo & Ellstrand 2001). Bei Auspflanzung der gekreuzten Nachkommen waren Überlebensrate und Fruchtansatz umso geringer, je weiter die Individuen von ihren Elternpopulationen entfernt waren. Ein deutlicher Heterosiseffekt in der F1 gefolgt von Auszuchtdepression in der F3 waren bei der Kreuzung entfernter Populationen von *Chamaecrista fasciculata* zu erkennen (Fenster & Galloway 2000).

Waser & Price (1994) testeten die Überlebensrate, Wuchshöhe und Blütenproduktion von F1-Nachkommen aus unterschiedlich weit voneinander entfernten Populationen einer seltenen nordamerikanischen Rittersporn-Art (*Delphinium nelsonii*, Kreuzungsdistanzen: 1m, 3m, 10m, 30m). Eine reduzierte Fitness zeigen Nachkommen aus den direkt benachbarten und den am weitesten entfernten Populationen, ein deutlicher Hinweis für Inzucht- und Auszuchtdepression.

Einen Überblick über weitere Untersuchungen zum Fitnessverlust bei der Kreuzung geographisch isolierter Populationen derselben Art (Auszuchtdepression) geben Hufford & Mazer (2003).

Aus den genannten Untersuchungsergebnissen kann geschlossen werden, dass mit zunehmender Entfernung der gepflanzten Herkünfte von ihrem Ursprungsort die Gefahr der Beeinträchtigung des gebietseigenen Genpools zunimmt. Von der Interessengemeinschaft überregionaler Pflanzenhandel des BdB wird häufig angeführt, dass die Kreuzung zwischen gebietseigenen und gebietsfremden Herkünften sich positiv auf die biologische Vielfalt auswirkt und die Reduzierung auf gebietseigene Sippen einer „Inzucht“ gleichkäme (Stahl 2006). Inzuchtdepressionen sind hingegen nur dann zu erwarten, wenn eine ausschließliche Hybridisierung mit direkt verwandten Genotypen in der unmittelbaren Umgebung stattfindet. Bei der derzeitigen Praxis der Produktion gebietseigener Sippen (Abgrenzung relativ großer Herkunftsgebiete) sind Fitnessverluste durch Inzuchtdepressionen nicht zu erwarten.

Beeinflussung der genetischen Variation durch Hybridisierung

Da Kulturpflanzen eine deutlich geringere genetische Variation als Populationen der verwandten Wildsippen aufweisen, können Genflüsse zwischen Wild- und Kultursippen zur Verringerung der genetischen Variation der Wildsippe führen (Ellstrand et al. 1999). Dies ist durch Fallbeispiele wie die Zuckerrübe (Bartsch & Ellstrand 1999) oder Luzerne (Muller et al. 2003) belegt (siehe Kap. 3.2).

Bei der Kreuzung verschiedener Genotypen kommt es jedoch auch vor, dass die Hybridpopulationen eine höhere genetische Diversität besitzen als ihre Elternpopulationen. Beispiele

hierfür sind Populationen von *Echium plantagineum* in Australien (Burdon & Brown 1986) und *Bromus tectorum* in Nordamerika (Novack & Mack 1993). Die genannten Arten weisen in ihrem Heimatreal (Europa) eine deutlich geringere genetische Variation innerhalb der Populationen auf als in den neu besiedelten Gebieten. Offenbar können die genannten Arten durch immer wiederkehrende Einführungen den zuerst stattfindenden Verlust an genetischer Variation wieder ausgleichen. Insofern ist es möglich, dass Kreuzungen mit gebietsfremden Herkünften erfolgreicher neue Lebensräume besiedeln als die Ausgangssippen. Nach Hybridisierungsereignissen können die Nachkommen durch adaptive Evolution eine erhöhte Fitness gegenüber der Elterngeneration aufweisen (Arnold & Hodges 1995, Arnold et al. 1999). Dass auch gebietsfremde Herkünfte durch immer wiederkehrende Einführungen in großen Mengen den Verlust an genetischer Variabilität langfristig ausgleichen können, ist vor dem Hintergrund einer größtmöglichen Anpassungsfähigkeit als positiv zu betrachten. Nach dem Naturschutzrecht spielt die Frage von Vorteilen jedoch keine Rolle. Hier geht es lediglich um den Ausschluss von Risiken für die heimische Tier- und Pflanzenwelt.

Schlussfolgerungen

Hybridisierung zwischen gebietseigenen und gebietsfremden Sippen ist grundsätzlich möglich und kann zur Verdrängung und Auslöschung von verwandten Wildsippen führen. Durch zahlreiche Kreuzungsexperimente konnte nachgewiesen werden, dass es durch die Übertragung von Genen aus weit entfernten und weniger angepassten Populationen zu Auszucht-Depressionen (outbreeding depression) mit einem Verlust der regionalen Anpassungsfähigkeit kommen kann.

3.4 Beeinträchtigungen der biologischen Vielfalt durch gebietsfremde Herkünfte auf anderen trophischen Ebenen

Mögliche Beeinträchtigungen der biologischen Vielfalt durch gebietsfremde Herkünfte wurden bereits in den Kap. 3.1, 3.2 und 3.3 beschrieben. Im folgenden Kapitel sollen v.a. Auswirkungen auf assoziierte Organismen beschrieben werden.

Zwischen gebietseigenen und gebietsfremden Herkünften können erhebliche Unterschiede in der zeitlichen Entwicklung des Blattaustriebs, der Blüten oder Früchte bestehen. Diese können Effekte auf anderen trophischen Ebenen auslösen. So können beispielsweise Insekten benachteiligt werden, deren Entwicklungszyklen mit denen ihrer gebietseigenen Nahrungspflanzen synchronisiert sind. Unterschiede in der Morphologie sowie bei den Inhaltsstoffen verschiedener Herkünfte können sich ebenfalls auf deren Eignung als Habitat oder als Nahrungsressource für Tiere auswirken. Solche Unterschiede sind bei verschiedenen Provenienzen von Wildpflanzen sowie beim Vergleich zwischen Kultur- und Wildsippen der gleichen Art festgestellt worden.

Gebietsfremde Herkünfte von *Crataegus monogyna* trieben im Versuch von Jones et al. (2001) bis zu 5 Wochen früher als die gebietseigene Herkunft aus. Dies könne nach Einschätzung der Autoren die Entwicklung von Schmetterlingsraupen beeinträchtigen, deren Erscheinen an die später verfügbaren Nahrungsressourcen der lokalen Herkünfte angepasst sei. Auch bei Heckenpflanzen in Brandenburg wurden Unterschiede in der Phänologie festgestellt (Metzner et al. 2006). Für zwei Arten (*Euonymus*, *Rhamnus*) konnte ein früherer Blattaustrieb der ungarischen im Vergleich zu den brandenburgischen Herkünften gemessen werden. Ähnlich wie beim Blattaustrieb setzte die Blüte bei den gebietsfremden *Euonymus*- und *Rhamnus*- Sträuchern eher ein als bei den gebietseigenen. Bei *Prunus* und *Cornus* verhielt es sich umgekehrt. Die festgestellten phänologischen Verschiebungen zwischen den Gebietsherkünften von bis zu einer Woche könnten von erheblicher bioökologischer Wirkung sein.

Leather et al. (1997) fanden z.B. Unterschiede in den Wachstumsraten der Larven der Kieferneule *Panolis flammea* an unterschiedlichen Provenienzen von *Pinus contorta*. Manninen et al. (1998) untersuchten die Besiedlung von Phytophagen (Blattlausarten *Schizolachnus pineti*, *Eulachnus agilis*, *Lygus rugulipennis*) an vier Provenienzen von *Pinus sylvestris* in Finnland und Estland. Die nördlichen Provenienzen wiesen die höchsten Terpenkonzentrationen auf und wurden daher von einer der Blattlausarten (*Lygus*) bei der Eiablage gemieden. Gleichzeitig bevorzugte die Art diejenigen Provenienzen mit größeren Sämlingen und größeren Schösslingen. Auch bei der Besiedlung der anderen Blattlausarten zeigten sich deutliche provenienzenbedingte Unterschiede. Stephan (1987) fand deutliche herkunftsbedingte Unterschiede bei Douglasie (*Pseudotsuga menziesii*) für die Anfälligkeit eines Befalls mit der Woll-Laus *Gilleettella coolei*. Stephan und Liesebach (1996) führten einen Provenienzenversuch an Kiefer (*Pinus sylvestris*) mit Herkünften aus verschiedenen europäischen Ländern und China durch. Es zeigten sich starke Unterschiede in Wuchsleistung und Stammform. Herkünfte aus Schweden, Lettland, Russland, vom Balkan, aus der Türkei und aus China waren besonders anfällig für einen Befall mit dem Kiefern-Graurüssler (*Brachyderes incanus*).

An Knautgras (*Dactylis glomerata*) und Rotklee (*Trifolium pratense*) wurde festgestellt, dass verschiedene Insekten bestimmte Kultursippen (Sorten) stärker als andere besiedeln. Bei *Dactylis* wurden die an den Halmen lebenden Insektenarten untersucht: Die deutsche Herkunft (Sorte 'Lidacta') besiedelten 18 der 21 untersuchten Arten stärker als die polnische Herkunft (Sorte 'Oberweihst'). Dabei waren Blattläuse und Zikaden sogar zwei- bis dreimal häufiger. Bei beiden angesäten Kultursorten wurde bei nur 5 % der Halme das Halminnere besiedelt, wogegen bei Pflanzen in der unmittelbaren Umgebung 20 % der Halme bewohnt waren. Wahrscheinlich handelte es sich hierbei um Wildsippen des Knautgrases. Diese Unterschiede sind mit einer erhöhten Resistenz der Kultursorten gegen Herbivorie zu erklären (Wesserling & Tschardtke 1993). Weitere Untersuchungen an sechs Gräsern (*Alopecurus pratensis*, *Festuca arundinacea*, *F. pratensis*, *Lolium perenne*, *Phleum pratense*, *Poa pratensis*) ergaben eine geringere Parasitierung und ein vermindertes Räuber-Beute-Verhältnis auf den Kultursorten im Vergleich zu den Wildsippen (Neugebauer & Tschardtke 1997, Tschardtke 2000).

Bei Untersuchungen an Handelssaatgut für Buntbrachen in der Schweiz (Keller & Kollmann 1998) zeigten sich provenienzbedingte Unterschiede im Blühverhalten, wobei tendenziell die aus nördlicheren und östlicheren Regionen stammenden Pflanzen später blühten als die aus der Schweiz stammenden. Bei *Daucus carota* und *Leucanthemum vulgare* betrug die Verzögerung jeweils drei Wochen, bei *Centaurea cyanus* und *Cichorium intybus* zwei Wochen. Nachteile durch verschobene Blühzeitpunkte sind besonders gravierend für spezialisierte Blütenbesucher, insbesondere bei kurz blühenden Arten wie *Leucanthemum vulgare*.

Keller et al. (1999) stellten auch Abhängigkeiten zwischen Pflanzenherkünften und dem Fressverhalten von zwei Nacktschneckenarten dar. Herkünfte von *Daucus carota*, *Silene alba*, *Leucanthemum vulgare* und *Cichorium intybus* aus Gebieten mit milderem Klima (England, Schweiz) wurden weniger befallen als Herkünfte aus winterkälteren Regionen (Ungarn, Deutschland). Offenbar entwickeln Pflanzen aus milderen Regionen Abwehrmechanismen gegen Schneckenfraß, die den anderen Genotypen fehlen. Die Resistenz der Pflanzen korrelierte offenbar mit den klimatischen Verhältnissen der Herkunftsgebiete. Ein ähnliches Muster zeigte der Befall einer Minierfliege auf *Leucanthemum ircutianum*, während die Resistenz gegen Rostpilze am stärksten bei einheimischen *Silene latifolia*-Pflanzen war und Pflanzen aus entfernteren Ländern am stärksten befallen wurden.

3.5 Ökonomisch relevante Konsequenzen der Verwendung gebietsfremder Herkünfte

Da gebietseigene Populationen besonders gut an die abiotischen (Klima, Böden) und biotischen Bedingungen (Schädlinge, Parasiten) des jeweiligen Naturraumes angepasst sind, können mit der Verwendung gebietseigenen Pflanzmaterials auch ökonomische Vorteile verbunden sein. Es ist zu vermuten, dass die Verwendung von Saatgut aus entfernten Regionen mit einem erheblichen Verlust der lokalen genetischen Anpassung verbunden ist und dadurch wirtschaftliche Nachteile wie schlechtere Anwuchsleistungen, schlechtere Zuwachsraten oder höhere Mortalitätsraten verbunden sind. Diese Hypothese wurde an verschiedenen Beispielen belegt.

Um die Hypothese zu testen, dass Pflanzen an ihrem ursprünglichen Wuchsort am besten angepasst sind, wurden unterschiedliche Verpflanzungsexperimente durchgeführt. In vielen Fällen konnte nachgewiesen werden, dass die Individuen, die vom Pflanzort stammen, eine größere Fitness besitzen als diejenigen aus entfernteren Populationen. Darüber hinaus sind auch die abiotischen (Klima, Boden) und biotischen Bedingungen (u.a. Konkurrenz, Mutualismus, Fraß) in der jeweiligen Habitatumgebung relevant (van Andel 1998).

Bischoff et al. (2006) untersuchten Überlebensrate, Wachstum und Reproduktion von drei Grünlandarten an einem tschechischen, schweizer und britischen Wuchsort. In jedem Land wurden die Herkünfte aus den jeweils anderen Ländern sowie die gebietseigenen Herkünfte angepflanzt. *Plantago lanceolata* und *Holcus lanatus* waren in ihren Fitness-Eigenschaften am jeweiligen Ursprungsort signifikant überlegen. Die lokale Anpassung war von der Konkurrenz mit der jeweiligen Umgebungsvegetation abhängig. Die Autoren weisen daher darauf

hin, dass bei der Auswahl von Provenienzen für Rekultivierungsmaßnahmen neben der geografischen Nähe auch die Ähnlichkeit von Umweltparametern eine Rolle spielen muss.

Ein weiteres Verpflanzungsexperiment in verschiedenen europäischen Ländern führten Joshi et al. (2001) mit den weit verbreiteten Arten *Dactylis glomerata*, *Trifolium pratense* und *Plantago lanceolata* durch. Auch hier waren Blüheigenschaften und Überlebensraten jeweils im Herkunftsland am besten ausgeprägt und verschlechterten sich mit zunehmender Entfernung vom Herkunftsland.

Becker et al. (2006) untersuchten die Differenzierung und lokale Anpassung von Populationen von *Carlina vulgaris*. Dazu wurden reziproke Verpflanzungsexperimente zwischen und innerhalb von fünf Regionen in Europa durchgeführt (Tschechien, Deutschland, Luxemburg, Schweden und Schweiz). Die Entwicklung der verpflanzten Individuen wurde über drei Wachstumsperioden verfolgt. Auf regionaler Skala waren die individuelle Fitness und andere Maßzahlen für die Entwicklung der Pflanzen von *C. vulgaris* am höchsten, wenn die Pflanzen in ihrer Ursprungsregion wuchsen. Sie nahmen mit zunehmender Entfernung zwischen Ursprungsort und Pflanzort ab. Die geografische Distanz war wiederum positiv mit klimatischen und edaphischen Distanzen zwischen den Flächen korreliert. Auf lokaler Ebene waren Effekte lokaler Anpassung kaum ausgeprägt.

Auch in Nordamerika wurden Experimente mit ähnlicher Fragestellung durchgeführt. Bei einem Verpflanzungsexperiment von *Lotus scoparius* in Kalifornien war die räumliche Entfernung schwach mit der genetischen Distanz korreliert. Die Pflanzen zeigten eine leicht erhöhte Fitness am Ursprungsort (Montalvo & Ellstrand 2000). *Chamaecrista fasciculata*, eine in Nordamerika indigene einjährige Leguminose, zeigte in Keimung, Überlebensrate, Biomasse, Fruchtproduktion und Fruchtmenge eine lokale Anpassung, die besonders deutlich in der größten räumlichen Skala (2000 m) ausgeprägt war (Galloway & Fenster 2000).

Die Konkurrenzfähigkeit von *Trifolium repens* mit verschiedenen Nachbararten wurde von Turkington & Harper (1979) untersucht. Es wurden Pflanzen aus vier unterschiedlichen Beständen, dominiert von *Lolium perenne*, *Holcus lanatus*, *Cynosurus cristatus* und *Agrostis tenuis*, entnommen. Die Pflanzen wurden im Gewächshaus kultiviert und dann jeweils wieder in jeden der oben genannten Dominanzbestände ausgebracht. Zusätzlich erfolgte ein Test in künstlich angesäten Beständen, die jeweils von einer der oben genannten Grasarten dominiert wurden. Jeder *Trifolium*-Typ wuchs am besten dort, wo er ursprünglich gesammelt wurde. Bei den Saatexperimenten wuchs er am besten in Gesellschaft der Art, die den ursprünglichen Wuchsort dominierte. Dies wird als Mikro-Evolution auf unterschiedliche Selektionseinflüsse gedeutet, die an biotische Faktoren angepasste Genotypen produziert.

Einen Überblick über weitere Verpflanzungsexperimente gibt van Andel (1998).

Herkunftsversuche haben v.a. im forstwissenschaftlichen Bereich eine lange Tradition. Es wurde in verschiedenen Experimenten belegt, dass die Pflanzung gebietsfremder Herkünfte zu drastischen Einbußen führen kann. Bekannte Beispiele sind die Verwendungsgeschichte der Fichte in oberen Lagen des Harzes (Kison 1995) oder die der Kiefer in Brandenburg (Schulz 2003).

In Großbritannien wurden Wachstum und Überlebensrate verschiedener gebietseigener Herkünfte von Forstbaumarten mit kontinentaleuropäischen Herkünften verglichen. Die Wachstumsraten der kontinentaleuropäischen Provenienzen von *Pinus sylvestris*, *Betula pendula*, *Quercus petraea* und *Alnus glutinosa* waren in 90% der Fälle denen der britischen Herkünfte unterlegen. Die kontinentalen Herkünfte dieser Arten zeigten auch eine verringerte Überlebensrate (Worrell 1992). Ähnlich verhält es sich mit dem Höhenzuwachs von britischen und kontinentaleuropäischen Provenienzen der Esche (*Fraxinus excelsior*). In den ersten 4 Jahren nach der Aussaat waren die britischen Herkünfte den kontinentaleuropäischen signifikant überlegen (Cundall et al. 2003). Oleksyn et al. (2001) untersuchten das Sprosswachstum von 19 unterschiedlichen europäischen Kiefern-Populationen (*Pinus sylvestris*) und fanden signifikante Unterschiede. Die Gebirgsprovenienzen und nördlichen Flachlandprovenienzen zeigten einen langsameren Zuwachs als die Tieflandherkünfte. Dies wurde als Anpassung an unterschiedliche klimatische Bedingungen gedeutet.

Die Frosthärte finnischer Herkünfte von *Pinus sylvestris* und *Picea abies* wurde in Klimakammern getestet. Bei beiden Arten gab es Unterschiede zwischen nördlichen und südlichen Provenienzen beim Zeitpunkt der Knospen- und Nadelabhärtung im Herbst. Die nördlichen Provenienzen zeigten eine frühere Kälteakklimatisierung als die südlichen (Beuker et al. 1998). Beim Vergleich dreier Ökotypen von *Betula pendula* in Finnland und Estland stellten Li et al. (2003) bei dem nördlichen Ökotyp einen früheren Wachstumsabschluss, eine frühere Kälteakklimatisierung und einen früheren Übergang in den Dormanzzustand im Herbst fest. Im Winter wies er eine höhere Kältetoleranz auf und im Frühjahr begann er deutlich früher auszutreiben als der südliche Ökotyp aus Estland.

Auch für Heckenarten sind ökonomisch relevante Unterschiede zwischen gebietsfremden und gebietseigenen Herkünften hinsichtlich ihrer Phänologie, Morphologie, ihres Wachstums sowie ihrer biozönotischen Einbindung belegt worden (Jones & Evans 1994, Jones et al. 2001). In einer breit angelegten Versuchspflanzung in Wales wurde eine gebietseigene Herkunft von *Crataegus monogyna* mit drei englischen, einer schottischen sowie vier kontinentaleuropäischen Herkünften verglichen (Jones et al. 2001). Die Ergebnisse veranschaulichten eine erhebliche Überlegenheit der gebietseigenen Herkunft. Sie wuchs besser auf den schwierigen Standorten, bildete eine kompaktere Wuchsform aus, verzeichnete weniger Einbußen bei den ungezäunten Varianten und war weniger von Mehltau befallen. Der spätere Zeitpunkt des Austreibens wurde als bessere Anpassung an die regionstypischen Spätfröste gedeutet.

In Deutschland werden gegenwärtig mehrere Forschungsprojekte mit vergleichenden Heckenpflanzungen gebietseigener und gebietsfremder Herkünfte durchgeführt (Bayern, Brandenburg, Hessen). Die Ergebnisse der Versuche aus Bayern und Brandenburg liegen veröffentlicht vor (Marzini 2000, Vollrath 2004, Metzner et al. 2006).

Vergleichspflanzungen von Hecken gebietseigener und gebietsfremder Sträucher in Brandenburg ergaben deutliche Unterschiede in Anwuchserfolg und anderen Wachstumsparametern (Metzner et al. 2006). Der Anwuchserfolg war bei gebietseigenen Herkünften von *Cornus sanguinea* und *Prunus spinosa* signifikant höher als bei gebietsfremden Herkünften. Auch schnitten gebietseigene Herkünfte (mit Ausnahme von *Euonymus*) bei Wachstumspa-

rametern wie Durchmesser und Höhe überwiegend besser als gebietsfremde Pflanzen ab. Die ungarischen Provenienzen von *Euonymus europaeus* und *Rhamnus cathartica* entwickelten ihre Knospen früher als die brandenburgischen Herkünfte. Bei *Cornus sanguinea* und *Prunus spinosa* trieben überraschenderweise die brandenburgischen Herkünfte früher aus als die gebietsfremden.

Mehrere vergleichender Bepflanzungsversuche in Bayern, bei denen gebietseigene sowie unbekannte Herkünfte einheimischer Straucharten verwendet wurden, erbrachten durchgängig bessere Anwuchsergebnisse und eine höhere Vitalität des gebietseigenen Materials (Marzini 2000, Vollrath 2004). Die Kostenrechnung führte zu der Schlussfolgerung, dass die Verwendung gebietseigener Pflanzen auch ökonomisch sinnvoll sein kann.

Eine Prüfung dieser ersten Ergebnisse durch breit angelegte Versuche steht noch aus. Sie ist auch aus ökonomischen Gründen wünschenswert, da mögliche Mehrkosten bei der Produktion gebietseigener Pflanzen durch Mehrkosten gebietsfremder Herkünfte aufgrund unzureichender Anwuchsergebnisse oder späterer Einbußen bei den Pflanzungen teilweise oder sogar völlig ausgeglichen werden können.

Untersuchungen von Vegetationsabschluss, Austrieb und Frosthärte bei Hasel und Gemeinem Schneeball (*Viburnum opulus*) ergaben einen besonders späten Vegetationsabschluss bei der süditalienischen *Corylus*-Herkunft und einen frühen Blattaustrieb bei den ukrainischen Herkünften beider Arten. Die süditalienische Herkunft von *Corylus* zeichnete sich durch eine geringere Frosthärte aus (Rumpf 2002). Nach Spethmann (1997) sind türkische und italienische Herkünfte von Hasel (*Corylus avellana*) und Schlehe (*Prunus spinosa*) nicht ausreichend frosthart.

Gebietsfremde Herkünfte können auch anfälliger gegenüber Phytoparasiten sein. Italienische Weißdornherkünfte sind im Vergleich zu deutschen anfälliger gegenüber Mehltau und Blattlausbefall. Nordische Herkünfte der Hänge-Birke (*Betula pendula*) wachsen in Deutschland schlechter und sind für einen Befall mit dem Pilz *Myxosporium devastans* besonders anfällig (Spethmann 1997). Der Vergleich zweier Kiefern-Provenienzen aus Frankreich und Polen zeigte eine deutlich geringere Anfälligkeit der polnischen Herkunft gegen Kiefernrost (*Melampsora pinitorqua*) (Quencez & Bastien 2001).

Keller & Kollmann (1998, 1999) stellten bei Untersuchungen an Buntbrachen in der Schweiz fest, dass einheimische Provenienzen krautiger Arten bessere Keim- und Etablierungsraten aufweisen. Das regionale Schweizer Handelssaatgut zeigte mit wenigen Ausnahmen höhere Etablierungsraten als importierte Sippen von *Agrostemma githago*, *Centaurea cyanus*, *Daucus carota*, *Leucanthemum vulgare*, *Pastinaca sativa* und *Silene alba*. Samen der am weitesten entfernten Provenienzen aus England und Ungarn entwickelten sich im Gelände am schlechtesten.

Auch die in Kap. 3.3 genannte Ausbringung gebietsfremder Herkünfte von *Dactylis glomerata* in Galizien ist ökonomisch relevant, da die mitteleuropäischen Hochleistungssorten und deren Hybriden mit den ursprünglichen galizischen Herkünften nicht als Weidegras geeignet sind. Ihre Blätter sind härter, und der Zuwachs hört zum Ende des Winters auf. Die galizi-

schen Sippen wachsen dagegen ganzjährig und lassen durchgängig eine Beweidung zu (Lumaret 1990).

Schlussfolgerungen

Beispiele aus der Herkunftsforschung belegen, dass Arten in ihrer jeweiligen Herkunftsregion optimal an die vorherrschenden Umweltbedingungen angepasst sind. Die Ausbringung schlecht angepasster, gebietsfremder Herkünfte kann daher gravierende ökonomische Probleme nach sich ziehen. Beeinträchtigungen der biologischen Vielfalt durch gebietsfremde Herkünfte können auch auf anderen trophischen Ebenen entstehen. Unterschiede in der Morphologie sowie bei den Inhaltsstoffen verschiedener Herkünfte können sich auf deren Eignung als Habitat oder als Nahrungsressource für Tiere auswirken. Solche Unterschiede sind bei verschiedenen Provenienzen von Wildpflanzen sowie beim Vergleich zwischen Kultur- und Wildsippen der gleichen Art festgestellt worden.

Zusammenfassung

Die Sicherung der genetischen Vielfalt ist ein wichtiger, auch durch rechtliche Regelungen gestützter Auftrag des Naturschutzes. Durch die Wahl des Pflanzmaterials in freier Natur wird die genetische Vielfalt wesentlich beeinflusst.

Anhand vorliegender Literaturstudie werden Auswirkungen gebietsfremder Herkünfte auf die biologische Vielfalt gezeigt. Darüber hinaus wird der Wissensstand zur genetischen Variabilität und Differenzierung häufiger Gehölze und Grünlandarten beispielhaft dargestellt. Ökonomisch relevante Konsequenzen bei der Verwendung gebietsfremder Herkünfte werden genannt.

Die genetische Differenzierung einheimischer Landschaftsgehölze und Grünlandarten ist abhängig von ihrer Verbreitung, Lebensform, Ausbreitungs- und Bestäubungsbiologie sowie vom menschlichen Einfluss durch Pflanzung gebietsfremder Provenienzen. Der Grad der genetischen Differenzierung ist darüber hinaus von der Untersuchungsmethode abhängig. Die Ergebnisse zur regionalen genetischen Differenzierung ausgewählter Arten werden in Tab. 2 und 3 im Anhang wiedergegeben.

Die gärtnerische Praxis in Baumschulen und Saatgutbetrieben hat die genetische Vielfalt von Gehölzen und krautigen Arten ebenfalls nachhaltig beeinflusst. Beispiele belegen, dass züchterisch veränderte Arten eine geringere genetische Variabilität besitzen als deren wilde Stammarten. Auch die fortwährende Selektion erwünschter Phänotypen und die vegetative Vermehrung von Landschaftsgehölzen führten zur Einengung der genetischen Vielfalt.

Hybridisierungsereignisse zwischen gebietseigenen und gebietsfremden Sippen führen zur schleichenden Veränderung des Genpools. Dass Hybridisierungen das Invasionspotential von Sippen steigern können, ist anhand zahlreicher Beispiele auf Artebene belegt. Die Kreuzung von gebietseigenen Sippen mit gebietsfremden Herkünften kann zur genetischen Homogenisierung des Genpools, zum Verlust der genetischen Anpassung der gebietseigenen Populationen und zur Auslöschung der Wildsippen führen.

Beeinträchtigungen der biologischen Vielfalt durch gebietsfremde Herkünfte finden auch auf anderen trophischen Ebenen statt. Unterschiede in der Morphologie sowie bei den Inhaltsstoffen verschiedener Herkünfte können sich auf deren Eignung als Habitat oder als Nahrungsressource für Tiere auswirken. Solche Unterschiede sind bei verschiedenen Provenienzen von Wildpflanzen sowie beim Vergleich zwischen Kultur- und Wildsippen der gleichen Art festgestellt worden.

Ökonomisch relevante Konsequenzen der Verwendung gebietseigener Provenienzen wurden durch Vergleichspflanzungen gebietseigener und gebietsfremder Hecken belegt. Zahlreiche Herkunftsversuche an Forstbäumen und reziproke Verpflanzungsexperimente belegen die Annahme, dass Pflanzenpopulationen an ihrem Ursprungsort am besten angepasst sind.

Literatur

- Aagaard, J. E., S. S. Vollmer, F. C. Sorensen & S. H. Strauss 1995: Mitochondrial-DNA products among RAPD-profiles are frequent and strongly differentiated between races of Douglas fir. - *Molecular Ecology* 4: 441-446.
- Abbott, R. J. 1992: Plant invasions, interspecific hybridization and the evolution of new plant taxa. - *Trends in Ecology and Evolution* 7: 401-405.
- Abbott, R. J., J. K. James, R. I. Milne & A. C. M. Gillies 2003: Plant introductions, hybridization and gene flow. – *Philosophical transactions of the royal society of London Series B – Biological sciences* 358: 1123-1132.
- Aguinagalde, I., I. Rebordinos, A. Mohanty & J. P. Martin 2002: Chloroplast DNA diversity in the wild shrub *Cytisus scoparius* L. (Leguminosae). - *Israel Journal of Plant Sciences* 50: 1-9.
- Aguinagalde, I., Hampe, A., Mohanty, A., Martin, J. P., Duminil, J., Petit, R. J. 2005: Effects of life-history traits and species distribution on genetic structure at maternally inherited markers in European trees and shrubs. – *Journal of Biogeography* 32: 329-339.
- Arnold, M. L. & S. A. Hodges 1995: Are natural hybrids fit or unfit relative to their parents? - *Trends in Ecology & Evolution* 10: 67-71.
- Arnold, M. L., M. R. Bulger, J. M. Burke, A. L. Hempel & J. H. Williams 1999: Natural hybridization: How low can you go and still be important? - *Ecology* 80: 371-381.
- Bartish, I. V., N. Jeppsson & H. Nybom 1999: Population genetic structure in the dioecious pioneer plant species *Hippophae rhamnoides* investigated by random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. - *Molecular Ecology* 8: 791-802.
- Bartsch, D. & N. C. Ellstrand 1999: Genetic evidence for the origin of Californian wild beets (genus *Beta*). - *Theoretical and Applied Genetics* 99: 1120-1130.
- Becker, U., G. Colling, P. Dostal, A. Jakobsson & D. Matthies 2006: Local adaptation in the monocarpic perennial *Carlina vulgaris* at different spatial scales across Europe. - *Oecologia* 150: 506-518.
- Behm, A., A. Becker, H. Dorflinger, A. Franke, J. Kleinschmit, G. H. Melchior, H. J. Muhs, H. P. Schmitt, B. R. Stephan, U. Tabel, H. Weisgerber & T. Widmaier 1997: Concept for the conservation of forest genetic resources in the Federal Republic of Germany. - *Silvae Genetica* 46: 24-34.
- Beuker, E., E. Valtonen & T. Repo 1998: Seasonal variation in the frost hardiness of Scots pine and Norway spruce in old provenance experiments in Finland. - *Forest Ecology and Management* 107: 87-98.
- Bischoff, A., L. Cremieux, M. Smilauerova, C. S. Lawson, S. R. Mortimer, J. Dolezal, V. Lanta, A. R. Edwards, A. J. Brook, M. Macel, J. Leps, T. Steinger & H. Muller-Scharer 2006: Detecting local adaptation in widespread grassland species - the importance of scale and local plant community. - *Journal of Ecology* 94: 1130-1142.
- Blab, J., M. Klein & A. Ssymank 1995: Biodiversität und ihre Bedeutung für die Naturschutzarbeit. - *Natur und Landschaft* 70: 11-18.
- Bolaric, S., S. Barth, A. E. Melchinger & U. K. Posselt 2005: Molecular genetic diversity within and among German ecotypes in comparison to European perennial ryegrass cultivars. - *Plant Breeding* 124: 257-262.
- Borger, A. 1990: Untersuchungen zu Verbreitung und Standortsbeziehungen der *Crataegus*-Sippen im nordöstlichen Vorland des Nördlinger Rieses. Diplomarbeit, Georg August Universität zu Göttingen, 54 S.

- Boudry, P., M. Morchen, P. Saumitoullaprade, P. Vernet & H. Vandijk 1993: The origin and evolution of weed beets - Consequences for the breeding and release of herbicide-resistant transgenic sugar-beets. - *Theoretical and Applied Genetics* 87: 471-478.
- Burdon, J. J. & A. H. D. Brown 1986: Population genetics of *Echium plantagineum* L. - Target weed for biological control. - *Australian Journal of Biological Sciences* 39: 369-378.
- Burgess, K. S. & B. C. Husband 2006: Habitat differentiation and the ecological costs of hybridization: the effects of introduced mulberry (*Morus alba*) on a native congener (*M. rubra*). - *Journal of Ecology* 94: 1061-1069.
- Byrne, M. & G. F. Moran 1994: Population divergence in the chloroplast genome of *Eucalyptus nitens*. - *Heredity* 73: 18-28.
- Christensen, K. I. 1984: The morphological variation of some *Crataegus* populations (Rosaceae) in Greece and Yugoslavia. - *Nordic Journal of Botany* 4: 585-595.
- Coart, E., X. Vekemans, M. J. M. Smulders, I. Wagner, J. Van Huylbroeck, E. Van Bockstaele & I. Roldan-Ruiz 2003: Genetic variation in the endangered wild apple (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) in Belgium as revealed by amplified fragment length polymorphism and microsatellite markers. - *Molecular Ecology* 12: 845-857.
- Coart, E., S. Van Glabeke, R. J. Petit, E. Van Bockstaele & I. Roldan-Ruiz 2005: Range wide versus local patterns of genetic diversity in hornbeam (*Carpinus betulus* L.). - *Conservation Genetics* 6: 259-273.
- Coart, E., S. Van Glabeke, M. De Loose, A. S. Larsen & I. Roldan-Ruiz 2006: Chloroplast diversity in the genus *Malus*: new insights into the relationship between the European wild apple (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) and the domesticated apple (*Malus domestica* Borkh.). - *Molecular Ecology* 15: 2171-2182.
- Comps, B., B. Thiebaut, L. Paule, D. Merzeau & J. Letouzey 1990: Allozymic variability in beechwoods (*Fagus sylvatica* L.) over Central Europe - Spatial differentiation among and within populations. - *Heredity* 65: 407-417.
- Cundall, E. P., C. M. Cahalan & T. Connolly 2003: Early results of ash (*Fraxinus excelsior* L.) provenance trials at sites in England and Wales. - *Forestry* 76: 385-399.
- Degen, B. 2005: Etablierte Methoden zur genetischen Differenzierung von forstlichen Genressourcen als Voraussetzung der Generhaltung im Forst. - *Schriften zu Genetischen Ressourcen* 24: 15-26.
- Demesure, B., B. Comps & R. J. Petit 1996: Chloroplast DNA phylogeography of the common beech (*Fagus sylvatica* L.) in Europe. - *Evolution* 50: 2515-2520.
- Demesure, B., B. Le Guerroue, G. Lucchi, D. Prat & R. J. Petit 2000: Genetic variability of a scattered temperate forest tree: *Sorbus torminalis* L. (Crantz). - *Annals of Forest Science* 57: 63-71.
- Deutscher Bundestag 2005: Kleine Anfrage: Bereitstellung von gebietsheimischem Wildkräuterversaatgut im Konflikt zwischen Bestimmungen des Saatgutverkehrsgesetzes und des Bundesnaturschutzgesetzes vom 23.2.2005. - Drucksache des Deutschen Bundestages und Bundesrates 15. Wahlperiode Nr. 4960.
- Dong, J. & D. B. Wagner 1993: Taxonomic and population differentiation of mitochondrial diversity in *Pinus banksiana* and *Pinus contorta*. - *Theoretical and Applied Genetics* 86: 573-578.
- Dostalek, J. 1989: *Pyrus x amphigenea*, seine Taxonomie und Nomenklatur. - *Folia Geobotanica and Phytotaxonomica* 24: 103-108.
- Dumolin-Lapègue, S., B. Demesure, S. Fineschi, V. LeCorre & R. J. Petit 1997: Phylogeographic structure of white oaks throughout the European continent. - *Genetics* 146: 1475-1487.

- El Mousadik, A. & R. J. Petit 1996: High level of genetic differentiation for allelic richness among populations of the argan tree (*Argania spinosa* (L.) Skeels) endemic to Morocco. - *Theoretical and Applied Genetics* 92: 832-839.
- Ellstrand, N. C. & D. R. Elam 1993: Population genetic consequences of small population size - Implications for plant conservation. - *Annual Review of Ecology and Systematics* 24: 217-242.
- Ellstrand, N. C. & K. A. Schierenbeck 2000: Hybridization as a stimulus for the evolution of invasiveness in plants? - *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 97: 7043-7050.
- Ellstrand, N. C., H. C. Prentice & J. F. Hancock 1999: Gene flow and introgression from domesticated plants into their wild relatives. - *Annual Review of Ecology and Systematics* 30: 539-563.
- Endtmann, K. J. 1999: Taxonomie und Naturschutz der Wild-Birne (*Pyrus pyraster*) und mit ihr verwandter Sippen. - *Beiträge für Forstwirtschaft und Landschaftsökologie* 33: 123-131.
- Eriksson, G., S. Black-Samuelsson, M. Jensen, T. Myking, M. Rusanen, T. Skroppa, P. Vakkari & L. Westergaard 2003: Genetic variability in two tree species, *Acer platanoides* L. and *Betula pendula* Roth, with contrasting life-history traits. - *Scandinavian Journal of Forest Research* 18: 320-331.
- Fenster, C. B. & L. F. Galloway 2000: Inbreeding and outbreeding depression in natural populations of *Chamaecrista fasciculata* (Fabaceae). - *Conservation Biology* 14: 1406-1412.
- Fineschi, S., D. Turchini, P. Grossoni, R. J. Petit & G. G. Vendramin 2002: Chloroplast DNA variation of white oaks in Italy. - *Forest Ecology and Management* 156: 103-114.
- Fineschi, S., D. Salvini, D. Turchini, S. Carnevale & G. G. Vendramin 2003: Chloroplast DNA variation of *Tilia cordata* (Tiliaceae). - *Canadian Journal of Forest Research - Revue Canadienne de Recherche Forestiere* 33: 2503-2508.
- Fineschi, S., D. Salvini, D. Turchini, R. Pastorelli & G. G. Vendramin 2005: *Crataegus monogyna* Jacq. and *C. laevigata* (Poir.) DC. (Rosaceae, Maloideae) display low level of genetic diversity assessed by chloroplast markers. - *Plant Systematics and Evolution* 250: 187-196.
- Fischer, M. & B. Schmid 1998: Die Bedeutung der genetischen Vielfalt für das Überleben von Populationen. - *Laufener Seminarbeiträge* 2/98: 23-30.
- FLL, Forschungsgesellschaft Landschaftsentwicklung Landschaftsbau e.V. (Hrsg.) 2002: Regel-Saatgut-Mischungen Rasen RSM 2003. Bonn, 57 S.
- Frascaria, N., F. Santi & P. H. Gouyon 1993: Genetic differentiation within and among populations of chestnut (*Castanea sativa* Mill.) and wild cherry (*Prunus avium* L.). - *Heredity* 70: 634-641.
- Galloway, L. F. & C. B. Fenster 2000: Population differentiation in an annual legume: Local adaptation. - *Evolution* 54: 1173-1181.
- Grivet, D. & R. J. Petit 2002: Phylogeography of the common ivy (*Hedera* sp.) in Europe: genetic differentiation through space and time. - *Molecular Ecology* 11: 1351-1362.
- Grivet D. & R. J. Petit 2003: Chloroplast DNA phylogeography of the hornbeam in Europe: Evidence for a bottleneck at the outset of postglacial colonization. *Conservation Genetics* 4: 47-56.
- Hampe, A., J. Arroyo, P. Jordano & R. J. Petit 2003: Rangewide phylogeography of a bird-dispersed Eurasian shrub: contrasting Mediterranean and temperate glacial refugia. - *Molecular Ecology* 12: 3415-3426.

- Hamrick, J. L. 1983: The distribution of genetic variation within and among natural plant populations. - Schonewald-Cox, C. M., S. M. Chambers, B. McBryde & W. L. Thomas (Hrsg.): Genetic and Conservation: 335-348.
- Hamrick, J. L. & M. J. W. Godt 1989: Allozyme diversity in plant species. - Brown, A. H. D., M. T. Clegg & A. L. Kahler (Eds.): Plant population genetics, breeding and genetic resources: 43-65.
- Hamrick, J. L., M. J. W. Godt & S. L. Sherman-Broyles 1992: Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species. - New Forests 6: 95-124.
- Hanske, C. 1991: Verfügbarkeit, Herkünfte und Qualität von heimischem Gehölzsaatgut. Diplomarbeit am Fach Baumschullehre des Fachbereichs Gartenbau der Universität Hannover, 107 S.
- Hebel, I., R. Haas & A. Dounavi 2006: Genetic variation of common ash (*Fraxinus excelsior* L.) populations from provenance regions in southern Germany by using nuclear and chloroplast microsatellites. - Silvae Genetica 55: 38-44.
- Hedrick, P. W. 1999: Perspective: Highly variable loci and their interpretation in evolution and conservation. - Evolution 53: 313-318.
- Hellwig, F. H. 2000: Ist die Flaumeiche in Thüringen noch zu retten? - Genetische Diversität und introgressive Hybridisierung. - Schriftenreihe für Vegetationskunde 32: 157-165.
- Heuert, M., S. Fineschi, M. Anzidei, R. Pastorelli, D. Salvini, L. Paule, N. Frascaria-Lacoste, O. J. Hardy, X. Vekemans & G. G. Vendramin 2004: Chloroplast DNA variation and postglacial recolonization of common ash (*Fraxinus excelsior* L.) in Europe. - Molecular Ecology 13: 3437-3452.
- Hufford, K. M. & S. J. Mazer 2003: Plant ecotypes: genetic differentiation in the age of ecological restoration. - Trends in Ecology and Evolution 18: 147-155.
- Hussendörfer, E. 1996: Wird "Biodiversität" durch eine künstliche Bestandesbegründung beeinflusst? - Müller-Starck, G. (Hrsg.): Biodiversität und nachhaltige Forstwirtschaft: 160-176.
- Hussendörfer, E. & M. Konnert 1999: Genetische Variation der Buchen in Naturwäldern. - NUA Seminarbericht 4: 128-139.
- Huxel, G. R. 1999: Rapid displacement of native species by invasive species: effects of hybridization. - Biological Conservation 89: 143-152.
- Jeandroz, S., A. M. Collignon & J. M. Favre 2004: RAPD and mtDNA variation among autochthonous and planted populations of *Picea abies* from the Vosges mountains (France) in reference to other French populations. - Forest Ecology and Management 197: 225-229.
- Jesch, H.-H. & R. Fronia 2006: Prüfung der Identität und Variabilität gebietsheimischer Gehölze aus überregionalen und regionalen Naturräumen zur Verwendung in der freien Landschaft. - Forschungsbericht, Humboldt-Universität zu Berlin, 136 S.
- Jones, A. T. & P. R. Evans 1994: A comparison of the growth and morphology of native and commercially obtained *Crataegus monogyna* Jacq. (Hawthorn) at an upland site. - Watsonia 20: 97-103.
- Jones, A. T., M. J. Hayes & N. R. Sackville Hamilton 2001: The effect of provenance on the performance of *Crataegus monogyna* in hedges. - Journal of Applied Ecology 38: 952-962.
- Jones, T. A. & D. A. Johnson 1998: Integrating genetic concepts into planning rangeland seedings. - Journal of Range Management 51: 594-606.
- Joshi, J., B. Schmid, M. C. Caldeira, P. G. Dimitrakopoulos, J. Good, R. Harris, A. Hector, K. Huss-Danell, A. Jumpponen, A. Minns, C. P. H. Mulder, J. S. Pereira, A. Prinz, M.

- Scherer-Lorenzen, A. S. D. Siamantziouras, A. C. Terry, A. Y. Troumbis & J. H. Lawton 2001: Local adaptation enhances performance of common plant species. - *Ecology Letters* 4: 536-544.
- Jürgens, A., B. Seitz & I. Kowarik i. pr.: Genetic differentiation of *Rosa canina* (L.) at regional and continental scales. - *Plant Systematics and Evolution*, in press.
- Jürgens, A., B. Seitz & I. Kowarik in prep.: Genetic differentiation of three scattered wild roses (*Rosa inodora*, *R. sherardii*, *R. subcollina*) in northeastern Germany.
- Keller, M. & J. Kollmann 1998: Bedeutung der Herkunft von Saatgut. Untersuchungen an Buntbrachen und anderen ökologischen Ausgleichsflächen. - *Naturschutz und Landschaftsplanung* 30 (4): 101-106.
- Keller, M. & J. Kollmann 1999: Effects of seed provenance on germination of herbs for agricultural compensation sites. - *Agriculture, Ecosystems and Environment* 72: 87-99.
- Keller, M., J. Kollmann & P. J. Edwards 1999: Palatability of weeds from different European origins to the slugs *Deroceras reticulatum* Muller and *Arion lusitanicus* Mabilie. - *Acta Oecologica-International Journal of Ecology* 20: 109-118.
- Keller, M., J. Kollmann & P. J. Edwards 2000: Genetic introgression from distant provenances reduces fitness in local weed populations. - *Journal of Applied Ecology* 37: 647-659.
- King, R. A. & C. Ferris 1998: Chloroplast DNA phylogeography of *Alnus glutinosa* (L.) Gaertn. - *Molecular Ecology* 7: 1151-1161.
- Kison, H. U. 1995: Einbeziehung von Nationalparks zur Erhaltung genetischer Ressourcen. - *Schriften zu Genetischen Ressourcen* 1: 39-47.
- Kitzmilller, J. H. 1990: Managing genetic diversity in a tree improvement program. - *Forest Ecology and Management* 35: 131-149.
- Kleinschmit, J. 1995: Practical implications of the forest genetic resources conservation program in Germany. - *Silvae Genetica* 44: 269-274.
- Kölliker, R., F. J. Stadelmann, B. Reidy & J. Nosberger 1999: Genetic variability of forage grass cultivars: A comparison of *Festuca pratensis* Huds., *Lolium perenne* L., and *Dactylis glomerata* L. - *Euphytica* 106: 261-270.
- König, A. O., B. Ziegenhagen, B. C. van Dam, U. M. Csaikl, E. Coart, B. Degen, K. Burg, S. M. G. de Vries & R. J. Petit 2002: Chloroplast DNA variation of oaks in western Central Europe and genetic consequences of human influences. - *Forest Ecology and Management* 156: 147-166.
- Kollmann, J. & M. Keller 2001: Bedeutung der Herkunft von Saatgut für ökologische Ausgleichsflächen - das Fallbeispiel Buntbrachen. - *Kieler Notizen zur Pflanzenkunde in Schleswig-Holstein* 29: 65-67.
- Konnert, M. 1995: Investigations on the genetic variation of beech (*Fagus sylvatica* L) in Bavaria. - *Silvae Genetica* 44: 346-351.
- Konnert, M. 1996: Genetische Variation der Weißtanne (*Abies alba* Mill.) in Bayern. - *Mitteilungen der Landesanstalt für Wald- und Forstwirtschaft Thüringen* 11: 71-83.
- Konnert, M. & A. Behm 1999: Genetische Strukturen einer Saatgutpartie - Einflussfaktoren und Einflußmöglichkeiten. - *Beiträge für Forstwirtschaft und Landschaftsökologie* 33: 152-156.
- Konnert, M. & M. Fromm 2004: Genetische Variation in kommerziellen Saatgutpartien aus Erntebeständen und Samenplantagen von Winterlinde (*Tilia cordata*) und Bergahorn (*Acer pseudoplatanus*). - *Mitteilungen aus der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz* 52: 204-212.

- Konnert, M. & W. Ruetz 2003: Influence of nursery practices on the genetic structure of beech (*Fagus sylvatica* L.) seedling populations. - Forest Ecology and Management 184: 193-200.
- Konnert, M. & S. Schmidt 1996: Genetische Konsequenzen der Größensortierung in der Baumschule: Erste Ergebnisse. - Müller-Starck, G. (Hrsg.): Biodiversität und nachhaltige Forstwirtschaft: 222-238.
- Konnert, M., M. Ziehe, U. Tröber, W. Maurer, A. Janßen, T. Sander, E. Hussendörfer & H. Hertel 2000: Genetische Variation der Buche (*Fagus sylvatica* L.) in Deutschland: Gemeinsame Auswertung genetischer Inventuren über verschiedene Bundesländer. - Forst und Holz 55: 403-408.
- Kowarik, I. 2003: Biologische Invasionen: Neophyten und Neozoen in Mitteleuropa. - Stuttgart, 380 S.
- Kowarik, I. 2005: Urban ornamentals escaped from cultivation. - Gressel, J. (Hrsg.): Crop ferality and volunteerism: 97-121.
- Kowarik, I. & B. Seitz 2003: Perspektiven für die Verwendung gebietseigener ("autochthoner") Gehölze. - Neobiota 2: 3-26.
- Kremer, A. & A. Zanetto 1997: Geographical structure of gene diversity in *Quercus petraea* (Matt) Liebl. 2. Multilocus patterns of variation. - Heredity 78: 476-489.
- Krüssmann, G. 1976: Handbuch der Laubgehölze, Bd. a. - Berlin und Hamburg, 486 S.
- Ladizinsky, G. 1985: Founder effect in crop-plant evolution. - Economic Botany 39: 191-199.
- Latta, R. G. & J. B. Mitton 1997: A comparison of population differentiation across four classes of gene marker in limber pine (*Pinus flexilis* James). - Genetics 146: 1153-1163.
- Leather, S. R., M. D. E. Fellowes, G. R. F. Hayman & J. S. Maxen 1997: The influence of lodgepole pine (*Pinus contorta*) provenance on the development and survival of larvae of the pine beauty moth *Panolis flammea* (Lepidoptera: Noctuidae). - Bulletin of Entomological Research 87: 75-80.
- Lefevre, F. 2004: Human impacts on forest genetic resources in the temperate zone: an updated review. - Forest Ecology and Management 197: 257-271.
- Leinemann, L., K. Bendixen, D. Kownatzki, H. H. Hattemer, K. Liepe & G. Stenger 2002: Genetische Untersuchungen an Landschaftsgehölzen im Hinblick auf die Erzeugung und Zertifizierung von Vermehrungsgut. - Allgemeine Forst- und Jagdzeitung 173: 146-152.
- Lesica, P. & F. W. Allendorf 1999: Ecological genetics and the restoration of plant communities: Mix or match? - Restoration Ecology 7: 42-50.
- Levin, D. A., J. Francisco-Ortega & R. K. Jansen 1996: Hybridization and the extinction of rare plant species. - Conservation Biology 10: 10-16.
- Li, C. Y., A. Vihera-Aarnio, T. Puhakainen, O. Junttila, P. Heino & E. T. Palva 2003: Ecotype-dependent control of growth, dormancy and freezing tolerance under seasonal changes in *Betula pendula* Roth. - Trees- Structure and Function 17: 127-132.
- Li, P. & W. T. Adams 1988: Range-wide patterns of allozyme variation in Douglas fir (*Pseudotsuga menziesii*). - Canadian Journal of Forest Research 19: 149-161.
- Lippert, W. 1978: Zur Gliederung und Verbreitung der Gattung *Crataegus* in Bayern. - Berichte der Bayerischen Botanischen Gesellschaft 49: 165-198.
- Loos, G. H. 1992: Hybriden bei Wildbirnen und Wildäpfeln. - Floristische Rundbriefe 26: 45-47.
- Loveless, M. D. & J. L. Hamrick 1984: Ecological determinants of genetic structure in plant populations. - Annual Review of Ecology and Systematics 15: 65-95.

- Lumaret, R. 1990: Invasion of natural pastures by cultivated grass (*Dactylis glomerata* L.) in Galicia, Spain: process and consequence on plant-cattle interactions. - Di Castri, F., A. J. Hansen & M. Debusche (Eds.): Biological invasions in Europe and the Mediterranean Basin: 392-397.
- Machon, N., M. LeFranc, I. Bilger, S. Mazer & A. JandSarr 1997: Allozyme variation in *Ulmus* species from France: Analysis of differentiation. *Heredity* 78: 12-20.
- Manninen, A. M., M. Vuorinen & J. K. Holopainen 1998: Variation in growth, chemical defense and herbivore resistance in Scots pine provenances. - *Journal of Chemical Ecology* 24: 1315-1331.
- Marzini, K. 2000: Ergebnisse von Versuchspflanzungen regionaler Gehölze für Extremlagen und im Rahmen von Flurbereinigungsverfahren. - *Jahrbuch Naturschutz in Hessen* 5: 252-254.
- Maurer, W. D. & U. Tabel 1995: A methodical study to improve the isozyme analysis for identification of clones of *Tilia* (Linden syn lime tree). - *Silvae Genetica* 44: 351-356.
- Maurer, W. D. & U. Tabel 1999: Genetische Untersuchungen zur Herkunftsfrage der Kiefer (*Pinus sylvestris* L.) in der Pfalz - unter besonderer Berücksichtigung der wuchsschwachen Bestände am Haardtrand. - *Mitteilungen der Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft* 194: 260-277.
- Metzner, K., Kowarik, I. & von der Lippe, M. (2006): Anwuchserfolg, Wachstum und Phänologie gebietseigener und gebietsfremder Gehölze auf der Nauener Platte in Brandenburg.- In: Jessel, B., Schöps, A., Gall, B. & Szaramowicz, M.: Flächenpools in der Eingriffsregelung und regionales Landschaftswassermanagement als Beiträge zu einer integrierten Landschaftsentwicklung am Beispiel der Mittleren Havel. *Naturschutz und Biologische Vielfalt* 33: 367-381.
- Milligan, B. G. 1991: Chloroplast DNA diversity within and among populations of *Trifolium pratense*. - *Current Genetics* 19: 411-416.
- Mohanty, A., J. P. Martin & I. Aguinagalde 2000: Chloroplast DNA diversity within and among populations of the allotetraploid *Prunus spinosa* L. - *Theoretical and Applied Genetics* 100: 1304-1310.
- Mohanty, A., J. P. Martin & I. Aguinagalde 2001: A population genetic analysis of chloroplast DNA in wild populations of *Prunus avium* L. in Europe. - *Heredity* 87: 421-427.
- Mohanty, A., J. P. Martin & I. Aguinagalde 2002: Population genetic analysis of European *Prunus spinosa* (Rosaceae) using chloroplast DNA markers. - *American Journal of Botany* 89: 1223-1228.
- Molder, F. 1995: Vergleichende Untersuchungen mit Verfahren der oberbodenlosen Begrünung unter besonderer Berücksichtigung areal- und standortbezogener Ökotypen. - *Boden und Landschaft* 5: 1-242.
- Montalvo, A. M. & N. C. Ellstrand 2000: Transplantation of the subshrub *Lotus scoparius*: Testing the home-site advantage hypothesis. - *Conservation Biology* 14: 1034-1045.
- Montalvo, A. M. & N. C. Ellstrand 2001: Nonlocal transplantation and outbreeding depression in the subshrub *Lotus scoparius* (Fabaceae). - *American Journal of Botany* 88: 258-269.
- Moran, G. F. 1992: Patterns of genetic diversity in Australian tree species. - *New Forests* 6: 49-66.
- Müller-Starck, G. 1987: Genetic differentiation among seed samples provenances of *Pinus sylvestris* L. - *Silvae Genetica* 36: 232-238.
- Müller-Starck, G., P. Baradat & F. Bergmann 1992: Genetic variation within European tree species. - *New Forests* 6: 23-47.

- Muller, M. H., J. M. Prosperi, S. Santoni & J. Ronfort 2003: Inferences from mitochondrial DNA patterns on the domestication history of alfalfa (*Medicago sativa*). - *Molecular Ecology* 12: 2187-2199.
- Neuffer, B., H. Auge, H. Mesch, U. Amarell & R. Brandl 1999: Spread of violets in polluted pine forests: morphological and molecular evidence for the ecological importance of interspecific hybridization. - *Molecular Ecology* 8: 365-377.
- Neugebauer, A. & T. Tschardt 1997: Insektengesellschaften auf Gräsern unterschiedlicher Sorten. - *Mitt. Dtsch. Ges. Allg. Angew. Ent.* 11: 755-758.
- Novak, S. J. & R. N. Mack 1993: Genetic variation in *Bromus tectorum* (Poaceae) - Comparison between native and introduced populations. - *Heredity* 71: 167-176.
- Nybom, H. 2004: Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity in plants. - *Molecular Ecology* 13: 1143-1155.
- Nybom, H. & I. V. Bartish 2000: Effects of life history traits and sampling strategies on genetic diversity estimates obtained with RAPD markers in plants. - *Perspectives in Plant Ecology Evolution and Systematics* 3: 93-114.
- Oddou-Muratorio, S., R.J. Petit, B. Le Guerroue, D. Guesnet & B. Demesure 2001: Pollen- versus seed-mediated gene flow in a scattered forest tree species. - *Evolution* 55: 1123-1135.
- Oleksyn, J., P. B. Reich, M. G. Tjoelker & W. Chalupka 2001: Biogeographic differences in shoot elongation pattern among European Scots pine populations. - *Forest Ecology and Management* 148: 207-220.
- Palmé, A. E. & G. G. Vendramin 2002: Chloroplast DNA variation, postglacial recolonization and hybridization in hazel, *Corylus avellana*. - *Molecular Ecology* 11: 1769-1780.
- Palmé, A. E., V. Semerikov & M. Lascoux 2003: Absence of geographical structure of chloroplast DNA variation in willow, *Salix caprea* L. - *Heredity* 91: 465-474.
- Palmé A. E., Q. Su, A. Rautenberg & M. Lascoux 2003: Postglacial recolonization and cpDNA variation of silver birch, *Betula pendula*. *Molecular Ecology* 12: 201-212
- Parker, I. M. & D. Bartsch 1996: Recent advances in ecological biosafety research on the risks of transgenic plants: A trans-continental perspective. - Tomiuk, J., K. Wöhrmann & A. Sentker (Eds.): *Transgenic organisms - Biological and social implications*: 147-161.
- Persson, H., B. Widén, S. Andersson & L. Svensson 2004: Allozyme diversity and genetic structure of marginal and central populations of *Corylus avellana* L. (Betulaceae) in Europe. - *Plant Systematics and Evolution* 244 (3-4): 157-179.
- Petit, R. J. 2004: Biological invasions at the gene level. - *Diversity and Distributions* 10: 159-165.
- Petit, R. J., A. Kremer & D. B. Wagner 1993: Geographic Structure of chloroplast DNA polymorphisms in European oaks. - *Theoretical and Applied Genetics* 87: 122-128.
- Petit, R. J., U. M. Csaikl, S. Bordacs, K. Burg, E. Coart, J. Cottrell, B. van Dam, J. D. Deans, S. Dumolin-Lapegue, S. Fineschi, R. Finkeldey, A. Gillies, I. Glaz, P. G. Goicoechea, J. S. Jensen, A. O. König, A. J. Lowe, S. F. Madsen, G. Matyas, R. C. Munro, M. Olalde, M. H. Pemonge, F. Popescu, D. Slade, H. Tabbener, D. Turchini, S. G. M. de Vries, B. Ziegenhagen & A. Kremer 2002: Chloroplast DNA variation in European white oaks - Phylogeography and patterns of diversity based on data from over 2600 populations. - *Forest Ecology and Management* 156: 5-26.
- Petit, R. J., I. Aguinagalde, J. L. de Beaulieu, C. Bittkau, S. Brewer, R. Cheddadi, R. Ennos, S. Fineschi, D. Grivet, M. Lascoux, A. Mohanty, G. M. Muller-Starck, B. Demesure-Musch, A. Palmé, J. P. Martin, S. Rendell & G. G. Vendramin 2003: Glacial refugia: Hotspots but not melting pots of genetic diversity. - *Science* 300: 1563-1565.

- Posselt, U.K. 2000: Allogame Reproduktion: Genetische Diversität bei Wildformen und Zuchtsorten von *Lolium perenne* L. – Schriftenreihe für Vegetationskunde 32: 79-85.
- Prat, D., C. Leger & S. Bojovic 1992: Genetic diversity among *Alnus glutinosa* (L.) Gaertn. populations. - Acta Oecologica-International Journal of Ecology 13: 469-477.
- Prus-Glowacki, W. & B. R. Stephan 1994: Genetic variation of *Pinus sylvestris* from Spain in relation to other European populations. - Silvae Genetica 43: 7-14.
- Quencez, C. & C. Bastien 2001: Genetic variation within and between populations of *Pinus sylvestris* L. (Scots pine) for susceptibility to *Melampsora pinitorqua* Rostr. (pine twist rust). - Heredity 86: 36-44.
- Raspé, O. & A. L. Jacquemart 1998: Allozyme diversity and genetic structure of European populations of *Sorbus aucuparia* L. (Rosaceae : Maloideae). - Heredity 81: 537-545.
- Raspé, O., P. Saumitou-Laprade, J. Cuguen & A. L. Jacquemart 2000: Chloroplast DNA haplotype variation and population differentiation in *Sorbus aucuparia* L. (Rosaceae : Maloideae). - Molecular Ecology 9: 1113-1122.
- Remmy, K. & F. Gruber 1993: Untersuchungen zur Verbreitung und Morphologie des Wild-Apfels (*Malus sylvestris* (L.) Mill.). - Mitteilungen Der Deutschen Dendrologischen Gesellschaft 81: 71-94.
- Rendell, S. & R. A. Ennos 2002: Chloroplast DNA diversity in *Calluna vulgaris* (heather) populations in Europe. - Molecular Ecology 11: 69-78.
- Rhymer, J. M. & D. Simberloff 1996: Extinction by hybridization and introgression. - Annual Review of Ecology and Systematics 27: 83-109.
- Rice, K. J. & N. C. Emery 2003: Managing microevolution: restoration in the face of global change. - Frontiers in Ecology and the Environment 1: 469-478.
- Ronce, O. & M. Kirkpatrick 2001: When sources become sinks: Migrational meltdown in heterogeneous habitats. - Evolution 55: 1520-1531.
- Rumpf, H. 2002: Phänotypische, physiologische und genetische Variabilität bei verschiedenen Herkünften von *Viburnum opulus* L. und *Corylus avellana* L. Dissertation, Universität Hannover, 176 S.
- Rusanen, M., P. Vakkari & A. Blom 2003: Genetic structure of *Acer platanoides* and *Betula pendula* in northern Europe. - Canadian Journal of Forest Research-Revue Canadienne De Recherche Forestiere 33: 1110-1115.
- Saltonstall, K. 2002: Cryptic invasion by a non-native genotype of the common reed, *Phragmites australis*, into North America. - Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 99: 2445-2449.
- Saltonstall, K. 2003: Microsatellite variation within and among North American lineages of *Phragmites australis*. - Molecular Ecology 12: 1689-1702.
- Salvini, D., M. Anzidei, S. Fineschi, M. E. Malvolti, D. Turchini & G. G. Vendramin 2001: Low genetic differentiation among Italian populations of *Populus tremula* L. (Salicaceae) estimated using chloroplast PCR-RFLP and microsatellite markers. - Forest Genetics 8: 81-88.
- Salvini, D., S. Fineschi, R. Pastorelli, F. Sebastiani & G. G. Vendramin 2006: Absence of geographic structure in European populations of *Rubus fruticosus* L. complex using chloroplast DNA microsatellites. - Journal of the American Society for Horticultural Science 131: 616-621.
- Savolainen, O. & K. Kärkkäinen 1992: Effect of forest management on gene pools. – New Forests 6: 329-345.
- Schaefer, M. 2003: Wörterbuch der Ökologie. – Heidelberg, Berlin, 452 S.

- Schneidewind, A. 2005: Untersuchungen zur Standorteignung von *Acer pseudoplatanus* L. als Straßenbaum in Mitteldeutschland unter besonderer Berücksichtigung abiotischer und biotischer Stressfaktoren. - Bristol, Berlin, 152 S.
- Schulz, P.-M. 2003: Erfassung und Nutzung von Genressourcen einheimischer Sträucher in Brandenburg. - *Neobiota* 2: 73-80.
- Seitz, B. 2003: Erfassung gebietseigener Gehölzvorkommen als Grundlage für Gehölzanzuchten und Pflanzmaßnahmen im Hohen Fläming. - *Neobiota* 2: 81-93.
- Seitz, B., A. Jürgens, M. Hoffmann & I. Kowarik 2005: Produktion und Zertifizierung herkunftsgesicherter Straucharten. Ein modellhafter Lösungsansatz zur Erhaltung der Biodiversität einheimischer Gehölze in Brandenburg. Unveröffentlichter Forschungsbericht, Technische Universität Berlin, 2 Bde.
- Skoluda, R. 2002: Hecken- und Flurgehölzpflanzungen in Brandenburg. Eine historische Analyse der Artenzusammensetzungen und Pflanzkonzepte seit Ende des 19. Jh.. Diplomarbeit, TU Berlin, Institut für Ökologie, FG Ökosystemkunde/Pflanzenökologie, 127 S.
- Slatkin, M. 1987: Gene flow and the geographic structure of natural populations. - *Science* 236: 787-792.
- Solbrig, O. T. 1994: Biodiversität - Wissenschaftliche Fragen und Vorschläge für die internationale Forschung. - Bonn, 88 S.
- Spethmann, W. 1995: In-Situ-/Ex-Situ-Erhaltung von heimischen Straucharten. - *Schriften zu genetischen Ressourcen* 1: 68-87.
- Spethmann, W. 1997: Gefährdet Hybridisierung die Erhaltung von Baum- und Straucharten? - *NNA-Berichte* 2: 26-31.
- Stahl, G. 2006: "Autochthon" verschreckt die Baumschulwirtschaft. - *Deutsche Baumschule* 10/06: 16-17.
- Stephan, B. R. 1987: Differences in the resistance of Douglas-fir provenances to the woolly aphid *Gilletteella cooleyi*. - *Silvae Genetica* 36: 76-79.
- Stephan, B. R. & M. Liesebach 1996: Results of the IUFRO 1982 Scots pine (*Pinus sylvestris* L) provenance experiment in southwestern Germany. - *Silvae Genetica* 45: 342-349.
- Storfer, A. 1999: Gene flow and endangered species translocations: a topic revisited. - *Biological Conservation* 87: 173-180.
- Sun, M. & H. Corke 1992: Population genetics of colonizing success of weedy rye in Northern California. - *Theoretical and Applied Genetics* 83: 321-329.
- Tscharntke, T. 2000: Parasitoid Populations in the agricultural landscape. - Hochberg, M. E. & A. R. Ives (Eds.): *Parasitoid population biology*: 235-253.
- Turkington, R. & J. L. Harper 1979: Growth, distribution and neighbour relationships of *Trifolium repens* in a permanent pasture. 4. Fine-scale biotic differentiation. - *Journal of Ecology* 67: 245-254.
- Van Andel, J. 1998: Intraspecific variability in the context of ecological restoration projects. - *Perspectives in Plant Ecology Evolution and Systematics* 1: 221-237.
- Van Treuren, R., N. Bas, P. J. Goossens, J. Jansen & L. J. M. Van Soest 2005: Genetic diversity in perennial ryegrass and white clover among old Dutch grasslands as compared to cultivars and nature reserves. - *Molecular Ecology* 14: 39-52.
- Vanden Broeck, A., V. Storme, J. E. Cottrell, W. Boerjan, E. Van Bockstaele, P. Quataert & J. Van Slycken 2004: Gene flow between cultivated poplars and native black poplar (*Populus nigra* L.): a case study along the river Meuse on the Dutch-Belgian border. - *Forest Ecology and Management* 197: 307-310.

- Vendramin, G. G., M. Anzidei, A. Madaghiele, C. Sperisen & G. Bucci 2000: Chloroplast microsatellite analysis reveals the presence of population subdivision in Norway spruce (*Picea abies* K.). - *Genome* 43: 68-78.
- Vergeer, P., E. Sonderen & N. J. Ouborg 2004: Introduction strategies put to the test: Local adaptation versus heterosis. - *Conservation Biology* 18: 812-821.
- Vollrath, B. 2004: Autochthonie im Praxistest. Für Gehölzpflanzungen der bessere Weg? - *Neue Landschaft* 8/04: 31-35.
- Wagenitz, G. 1996: Wörterbuch der Botanik - Morphologie, Anatomie, Taxonomie, Evolution - Die Termini in ihrem historischen Zusammenhang. - Jena, Stuttgart, Lübeck, Ulm, 532.
- Waser, N. M. & M. V. Price 1994: Crossing-distance effects in *Delphinium nelsonii* - Outbreeding and inbreeding depression in progeny fitness. - *Evolution* 48: 842-852.
- Weber, H. E. 1967: Über die Vegetation der Knicks in Schleswig-Holstein. - *Mitt. Arbeitsgem. Floristik Schleswig-Holstein u. Hamburg* 15: 1-196.
- Wesserling, J. & T. Tschardt 1993: Insektengesellschaften an Knautgras (*Dactylis glomerata*): Der Einfluss von Saatgut-Herkunft und Habitattyp. – *Verhandlungen der Gesellschaft für Ökologie* 22: 351-354.
- Wheeler, N. C. & R. P. Guries 1982: Population structure, genetic diversity and morphological variation in *Pinus contorta* Dougl. - *Canadian Journal of Forest Research-Revue Canadienne de Recherche Forestiere* 12: 595-606.
- Whitham, T. G. 1989: Plant hybrid zones as sinks for pests. - *Science* 244: 1490-1493.
- Willerding, U. 1986: Zur Geschichte der Unkräuter Mitteleuropas. - Neumünster, 382 S.
- Wingender, R. & F. Klingenstein 2000: Ergebnisse des Expertengesprächs: „Erfassung und Schutz der genetischen Vielfalt von Wildpflanzenpopulationen in Deutschland“. – *Schriftenreihe für Vegetationskunde* 32: 183-188.
- Worrell, R. 1992: A Comparison between European continental and British provenances of some British native trees - Growth, survival and stem form. - *Forestry* 65: 253-280.
- Zanetto, A., G. Roussel & A. Kremer 1994: Geographic variation of inter-specific differentiation between *Quercus robur* L. and *Quercus petraea* (Matt.) Liebl. I. Monolocus patterns of variation. - *Forest Genetics* 1: 111-123.
- Zanetto, A. & A. Kremer 1995: Geographical structure of gene diversity in *Quercus petraea* (Matt) Liebl. I. Monolocus Patterns of Variation. - *Heredity* 75: 506-517.

4 Anhang

Erläuterungen zu den Tabellen:

Die genetische Variation innerhalb von Populationen kann unter anderem als genetische Vielfalt und genetische **Diversität** beschrieben werden. Während die genetische Vielfalt die Anzahl verschiedener Allele oder Genotypen in einer Population wiedergibt, berücksichtigt die genetische Diversität zusätzlich deren Häufigkeiten. D.h. die Diversität ist ein Maß, welches auf der Anzahl und dem Verteilungsmuster der Genvarianten basiert. Je größer die Anzahl der Genvarianten und je gleichmäßiger diese in ihre Häufigkeiten verteilt sind, umso höher ist die Diversität.

Der in dieser Aufstellung häufig verwendete Fixierungs-Index (**G_{ST}** , **F_{ST}** oder **Φ_{iST}**) ist eine klassische Berechnung der **genetischen Differenzierung zwischen Populationen**. Die Einordnung des statistischen Maßes der genetischen Differenzierung variiert zwischen dem Wert 0 für keine Differenzierung, d.h. die genetische Struktur der Populationen ist identisch, während bei einem Wert von 1 die Populationen keine Allele gemeinsam haben (vollständige Differenzierung).

Nach Nybom (2004) zeigen dominant vererbte Marker (RAPDs sowie AFLPs) vergleichbare Untersuchungsergebnisse, während codominante Marker wie Isoenzyme, aber insbesondere auch Mikrosatelliten-Marker (SSRs) deutlich höhere intraspezifische Diversitätswerte aufweisen. Auch kann die Quantifizierung der genetischen Variabilität Differenzierung auf unterschiedliche Weise berechnet werden und wird je nach Rechenart in G_{ST} , F_{ST} oder bei Mikrosatelliten auch in R_{ST} angegeben. Die Werte sind teilweise vergleichbar, variieren aber auch in ihrer Höhe. Neuerdings wird eher die molekulare Varianzanalyse (AMOVA) durchgeführt, die auf einer euklidischen Distanzberechnung beruht. Der Fixierungs-Index wird in Φ_{iST} (dominante Marker) oder F_{ST} (codominante Marker) angegeben (analog zu G_{ST} , wobei die Φ_{iST} -Werte eher höhere Wert aufwiesen). Weiterhin hat auch die Anzahl der untersuchten Pflanzen einer Population eine signifikante Auswirkung auf den Fixierungs-Index (Nybom 2004).

Die Höhe der bei den Autoren angegebenen Fixierungs-Indices sind daher nicht immer standardisiert und direkt miteinander vergleichbar. Hierbei ist insbesondere auch die Vererbung der Marker zu berücksichtigen: dominante oder codominante Vererbung bei den nuklearen (biparentalen) Markern sowie die überwiegend maternale Vererbung der Chloroplasten- und Mitochondrien-DNA-Marker. Letztere besitzen einen deutlich höheren Level an genetischer Variation. Nach Aguinagalde et al. (2005) betrug der durchschnittliche Fixierungs-Index für die Chloroplasten-DNA von 29 untersuchten einheimischen Gehölzarten $G_{ST} = 0,52$. Raspé et al. 2000 verglichen die Durchschnittswerte der Fixierungs-Indices von 10 Baumarten in Abhängigkeit von der Untersuchungsmethode. Der Durchschnittswert für Isoenzymmarker betrug $G_{ST} = 0,12$, der Durchschnittswert für cpDNA-Marker war deutlich höher ($G_{ST} = 0,72$, siehe Tab. 1). Ebenfalls mit Isoenzymmarkern konnten Durchschnittswerte von $G_{ST} = 0,22$ (Hamrick & Godt 1989) und $G_{ST} = 0,29$ (der Φ_{ST} -Wert lag bei 0,35) (Nyblom & Bartish 2000) belegt werden.

Die geographische Strukturierung von Populationen kann mit einer Clusteranalyse (graphische Darstellung in einem Dendrogramm) sowie mit einer Principal Coordinates Analysis (PCA) (graphische Darstellung in einem Plot) dargelegt werden. Signifikante Differenzierungen zwischen Regionen können mit der molekularen Varianzanalyse berechnet werden. Prüfung auf Signifikanz einer Korrelation zwischen genetischer und geographischer Distanz erfolgt durch einen Manteltest.

Tab. 2: Untersuchungen zur regional differenzierten genetischen Variabilität und Differenzierung ausgewählter einheimischer Landschaftsgehölze

Botanischer Name (Deutscher Name)	Referenz	Methode	Stichprobe	Gebiet	Ergebnisse
<i>Acer campestre</i> (Feld-Ahorn)	zitiert nach Petit et al. 2003	PCR-RFLP (cpDNA)	16 Pop.	Europa	Hohe genetische Differenzierung zwischen den Populationen ($G_{ST} = 0,71$)
	Leinemann et al. 2002	Isoenzyme	25 Individuen, 1 Saatgutmischprobe (Ungarn)	Raum Göttingen, Miltenberg, Ungarn	Die Saatgutmischprobe aus Ungarn ist mit einem Abstand von 35% deutlich von den deutschen Herkünften abgegrenzt.
<i>Acer platanoides</i> (Spitz-Ahorn)	Rusanen et al. 2003 (zitiert aus Eriksson et al. 2003)	Isoenzyme	12 Populationen	Skandinavien	In der vergleichenden Studie mit der weit verbreiteten Art <i>Betula pendula</i> konnte für die in Skandinavien zerstreut verbreitete Art <i>Acer platanoides</i> eine größere genetische Differenzierung zwischen den Populationen belegt werden ($F_{ST} = 0,1$). Als Ursache wird ein geringerer Genfluss zwischen den Populationen bei <i>Acer platanoides</i> angenommen.
<i>Alnus glutinosa</i>	King & Ferris	PCR-RFLP	101 Pop.	Europa	Hoher G_{ST} -Wert (0,87) und geringe genetische Diversität innerhalb der Populationen ($h_s =$

Botanischer Name (Deutscher Name)	Referenz	Methode	Stichprobe	Gebiet	Ergebnisse
(Rot-Erle)	1998	(cpDNA)			0,1). Untersuchungen mit nuklearen Markern (Isoenzyme) ergaben einen sehr viel niedrigeren G_{ST} -Wert von 0,20 (Prat et al. 1992). Der große Unterschied zwischen bi-parentalen, nuklearen und maternalen Chloroplasten-Markern wird mit einem hohen Grad an Genfluss durch Pollen (Windbestäuber) begründet (siehe auch <i>Fagus sylvatica</i>). Prat et al. (1992) zeigten auch eine geographische Einteilung in 2 Regionen auf: Südosteuropa vs. Nordwesteuropa.
	Prat et al. 1992	Isoenzyme	37 Pop.	Europa	
<i>Betula pendula</i> (Sand-Birke)	Rusanen et al. 2003	Isoenzyme	3 Pop.	Skandinavien	Die weit verbreitete Birke weist eine geringe genetische Differenzierung ($F_{ST} = 0,03$) auf.
	Palmé et al. 2003	PCR-RFLP (cpDNA)	23 Pop.	Europa	Moderate genetische Differenzierung zwischen den Populationen ($G_{ST} = 0,42$)
<i>Carpinus betulus</i> (Hainbuche)	Coart et al. 2005	AFLP	20 Pop.	Europa	Geringe genetische Differenzierung zwischen den europäischen Populationen ($F_{ST} = 0,074$), charakteristisch für wind- und fremdbestäubte Arten. Eine geographische Struktur (Korrelation zwischen genetischer und geographischer Distanz) der europäischen Populationen konnte bestätigt werden ($r = 0,40$, $P < 0,001$). Allgemeiner Trend bzgl. der Abnahme der intraspezifischen Diversität (Variation innerhalb der Populationen) von Ost nach West.
			18 Pop./Regionen	Flandern (Belgien)	
	Grivet & Petit 2003	PCR/RFLP (cpDNA)	36 Pop.	Europa	Hohe genetische Differenzierung bzw. Ausmaß der Fixierung ($G_{ST} = 0,97$). Geographische Einteilung der Populationen in Nord- und Südeuropa vs. osteuropäische Länder und Süditalien.
<i>Castanea sativa</i> (Esskastanie)	Fineschi et al. 2002	PCR/RFLP-Marker (cp und mtDNA)	38 Pop.	Europa	Extrem niedriger $G_{ST} = 0,43$ Wert im Vergleich mit anderen Fagaceae. Zurückzuführen auf den starken menschlichen Einfluss, insbesondere während der Römerzeit.
	Frascaria et al. 1993	Isoenzyme	5 Pop.	Frankreich	Sehr geringe genetische Differenzierung zwischen den Populationen ($F_{ST} = 0,027$). Wird wie auch bei Fineschi et al. 2002 auf den hohen menschlichen Einfluss zurückgeführt.
<i>Cornus sanguinea</i> (Roter Hartriegel)	Jesch & Fronia 2006	Isoenzyme	7 Herkünfte (Baumschulware)	Deutschland, Ungarn	Geringe genetische Differenzierung ($\delta = 0,036$). Clusteranalyse zeigt geringe regionale Unterschiede (Sachsen vs. weitere untersuchte Herkünfte)
	Leinemann et al. 2002	Isoenzyme	1 Pop. (90 Individuen)	Göttingen	Innerhalb der Populationen gab es eine geringe genetische Variation, was vermutlich auf die überwiegend vegetative Reproduktion zurückzuführen ist.
<i>Corylus avellana</i> (Haselnuss)	Rumpf 2002	Isoenzyme	10 Pop.	Niedersachsen, Südeuropa	Klare phänologische Unterschiede zwischen den Populationen aus Niedersachsen und Italien. Genetische Differenzierung zwischen den Populationen lag bei nur 7%.
	Persson et al. 2004	Isoenzyme	40 Pop.	Europa	Die Clusteranalyse ergab keine klare geographische Struktur. ³ Populationen in Randlage Europas (Schweden) zeigen geringere Diversität innerhalb der Populationen als Populationen in zentralen europäischen Regionen. Ebenso war die genetische Differenzierung zwischen den Populationen in den Randlagen ausgeprägter im Vergleich zu den mitteleuropäischen Populationen ($G_{ST} = 0,2$ vs. $G_{ST} = 0,03$ bis $0,05$).

Botanischer Name (Deutscher Name)	Referenz	Methode	Stichprobe	Gebiet	Ergebnisse
	Palmé & Vendramin 2002	SSR PCR-RFLP (cpDNA)	26 Pop.	Europa	Die Mikrosatelliten-Marker (bzw. SSRs) zeigen eine signifikante Differenzierung der Populationen in zwei Gruppen: Südosteuropa (Italien und Balkan) vs. Nordwesteuropa . Diese geographische Struktur wurde auch bei <i>Carpinus betulus</i> (Grivet & Petit 2003) und <i>Fagus sylvatica</i> (Demesure et al. 1996) beobachtet. Sehr geringe Chloroplasten-DNA-Diversität innerhalb der Populationen ($h_s = 0,09$) sowie genetische Differenzierung zwischen den Populationen ($G_{ST} = 0,03$). Höhere Werte für die Mikrosatelliten-Marker ($h_s = 0,14$ und $G_{ST} = 0,68$). Die extrem niedrigen Variationen des Chloroplasten-Genoms werden auf eine geringe Mutationsrate und menschliche Einflüsse zurückgeführt
<i>Crataegus levigata</i> (Zweigriffliher Weißdorn)	Fineschi et al. 2005	SSR PCR-RFLP (cpDNA)	9 Pop.	Europa	Gegenüber <i>C. monogyna</i> etwas höhere genetische Differenzierung zwischen den Populationen ($G_{ST} = 0,34$). Geringe genetische Diversität innerhalb der Populationen.
<i>Crataegus monogyna</i> (Eingriffliher Weißdorn)	Fineschi et al. 2005	SSR PCR-RFLP (cpDNA)	21 Pop.	Europa	Geringe genetische Differenzierung zwischen den Populationen ($G_{ST} = 0,24$) sowie eine geringe genetische Diversität innerhalb der Populationen ($h_s = 0,2$)
<i>Cytisus scoparius</i> (Besen-Ginster)	Aguinagalde et al. 2002	PCR-RFLP(cp und mtDNA)	4 Pop.	Europa	Die molekulare Varianzanalyse ergab eine höhere genetische Variabilität innerhalb der Populationen (62%) bzw. eine Variabilität zwischen den Populationen von 38%. Der Korrelationswert der genetischen Differenzierung zwischen den Populationen war niedrig ($G_{ST} = 0,25$).
<i>Fagus sylvatica</i> (Rot-Buche)	Comps et al. 1990	Isoenzyme	140 Pop.	Europa	Signifikante Differenzierung zwischen den kontinentaleuropäischen und mediterranen Herkünften. Hohe intraspezifische Differenzierung (am höchsten in den mediterranen Herkünften).
	Demesure et al. 1996	PCR-RFLP (cpDNA)	85 Pop.	Europa	Hoher Grad an cpDNA Differenzierung ($G_{ST} = 0,83$). Der dazu im Gegensatz stehende niedrige Grad an nuklearer genetischer Differenzierung z.B. bei Untersuchungen mit Isoenzymen ($G_{ST} = 0,05$, Comps et al. 1990) deutet auf einen geringen Grad an Genfluss durch Samen bzw. einen hohen Grad an Pollenflug hin (Petit et al. 1993)
	Konnert et al. 2000	Isoenzyme	263 Pop.	Deutschland (Baden-Württemberg, Bayern, Hessen, Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen, Rheinland-Pfalz, Thüringen, Sachsen, Sachsen-Anhalt)	Geringe regionale Unterschiede der genetischen Struktur zwischen den östlichen Regionen (Ostbayerisches Mittelgebirge, Erzgebirge, Thüringer Wald sowie Harz) und den restlichen untersuchten Regionen. Die geringste genetische Differenzierung konnte bei den Altbestandspopulationen am Alpenrand beobachtet werden

Botanischer Name (Deutscher Name)	Referenz	Methode	Stichprobe	Gebiet	Ergebnisse
	Konnert 1995, Hussendörfer & Konnert 1999	Isoenzyme	20 Pop.	Bayern	Große genetische Variation innerhalb der Populationen ("Bestände") bzw. geringe interspezifische Variation (Diversität) zwischen den Populationen (2%). Insbesondere Populationen aus den Hochlagen des Bayrischen Waldes und der Alpen unterscheiden sich von den übrigen bayrischen Vorkommen.
<i>Frangula alnus</i> (Faulbaum)	Hampe et al. 2003	PCR-RFLP (cpDNA)	78 Pop. (21 Länder)	Iberien, Anato- lien und gemä- ßigtes Europa	Deutliche Differenzierung zwischen den Populationen (G_{ST} 0,81), wobei der größte Teil der Differenzierung zwischen Populationen des gemäßigten Europas und den Populationen in Iberien sowie Anatolien zu finden sind. Der G_{ST} -Wert (0,42) der gemäßigten europäischen Populationen ist in Übereinstimmung mit anderen Werten von Straucharten mit fleischigen Früchten (<i>Prunus spinosa</i> 0,33, Mohanty et al. 2002). Die geringe genetische Variation (Diversität) innerhalb der anatolischen und iberischen Populationen wird dem geringen Genfluss in den jeweiligen Gebirgen zurückgeführt.
<i>Fraxinus excelsior</i> (Gemeine Esche)	Hebel et al. 2006	SSR	14 Pop. in 3 Regi- onen	Baden- Württemberg und Bayern	Geringer Grad der genetischen Differenzierung ($F_{ST} = 0,012$) zwischen den Regionen. Hoher Grad an Genfluss zwischen den Regionen bzw. Einbringung von Pflanzenmaterial aus anderen Provenienzen.
	Heuertz et al. 2004	SSR	36 Pop.	Europa (Schweden, Mitteleuropa und Großbritan- nien)	Nukleare Mikrosatelliten-Marker zeigten deutliche genetische Differenzierung zwischen den Populationen in Schweden und Südosteuropa bzw. geringe Diversität in den südeuropäischen Populationen. Geringe Diversität im Areal von Großbritannien über Zentraleuropa bis nach Litauen.
<i>Hippophae rhamnoides</i> (Sanddorn)	Bartish et al. 1999	RAPD	10 Pop.	Niederlande, Skandinavien, Russland	Molekulare Varianzanalyse ergab eine hohe genetische Variabilität innerhalb der Populationen (85%) sowie geringe interspezifische Variabilität (15%). Ergebnisse (hohe intraspezifische Variabilität) sind charakteristisch für Fremd- und Windbestäuber sowie langlebige Gehölzarten (Hamrick & Godt 1989)
<i>Malus sylvestris</i> (Wild-Apfel)	Coart et al. 2003	AFLP SSR	39 Kultursorten 76 Wildäpfel	Belgien und Deutschland	Signifikante genetische Differenzierung zwischen Wild- und Kulturäpfeln in Belgien und Deutschland ($F_{ST(AFLP)} = 0,19$, $P < 0,001$ und $F_{STSSR} = 0,12$, $P < 0,001$).
<i>Picea abies</i> (Rot- Fichte)	Vendramin et al. 2000	cpSSR	97 Pop.	Europa	Geographische Einordnung in drei Genpools: Mitteleuropa, Alpen und Osteuropa. Niedrige genetische Differenzierung zwischen den Populationen ($R_{ST} = 0,1$), typisch für Baumarten mit weiter Verbreitung und starken menschlichen Kultureinflüssen.
	Jeandroz et al. 2004	RAPD	8 Pop.	Frankreich (Vogesen, Jura, Alpen, Zentral- massiv)	Identifizierung von drei geographischen Gruppen (Vogesen, Alpen und Jura, Südalpen). Genetische MtDNA-Analysen lassen Anplantungen osteuropäischer Herkünfte in französischen Hochgebirgen vermuten.
<i>Pinus sylvestris</i> (Wald-Kiefer)	Müller-Starck 1987	Isoenzyme	9 Pop.	Bayern	Die genetische Variation ist innerhalb der Populationen groß und zwischen den Populationen klein (2 %).
	Maurer & Tabel 1999	Isoenzyme	11 Pop.	Pfalz	Vergleich von zwei Beständen (Regionen) mit unterschiedlicher Wuchsform (krüppelhaftes Aussehen und schwacher Wuchs vs. normalwüchsig) ergab eine geringere genetische Diversität für die Bestände mit „schlechter“ Wuchsform.

Botanischer Name (Deutscher Name)	Referenz	Methode	Stichprobe	Gebiet	Ergebnisse
	Prus-Glowacki & Stephan 1994	Isoenzyme	7/16 Pop.	Spanien/Nord-, Osteuropa	Deutliche genetische Unterscheidung zwischen den spanischen Populationen und den Populationen aus Nord- und Osteuropa.
<i>Populus tremula</i> (Zitter-Pappel)	Salvini et al. 2001	PCR/RFLP (cpDNA)	23 Pop.	Italien	Extrem geringe genetische Differenzierung zwischen den Populationen ($G_{ST} = 0,11$). Baumarten mit leichten, windverbreiteten Samen sind durch niedrige genetische Differenzierung zwischen den Populationen aufgrund hoher Genflüsse durch die Samenausbreitung über große Distanzen gekennzeichnet.
	zitiert in Aguinagalde et al. 2005	PCR/RFLP (cpDNA)	30 Pop.	Europa	Extrem niedrige genetische Differenzierung zwischen den Populationen ($G_{ST} = 0,11$), d.h. keine geographische Struktur
<i>Prunus avium</i> (Vogel-Kirsche)	Frascaria et al. 1993	Isoenzyme	4 Pop.	Frankreich	Geringe genetische Differenzierung zwischen den Populationen ($F_{ST} = 0,049$). Nach Loveless & Hamrick (1984) haben Baumarten mit Samenverbreitung durch Tiere durchschnittliche nukleare G_{ST} -Werte von 0,33. Die geringe Differenzierung bei der Vogelkirsche wird auf den starken menschlichen Einfluss zurückgeführt.
	Mohanty et al. 2001	PCR-RFLP (cpDNA)	23 Wildpopulationen	Europa	Der überwiegende Teil der cpDNA Diversität ($h_t = 0,46$) liegt innerhalb der Populationen ($h_s = 0,33$). Der Grad der genetischen Differenzierung ($G_{ST} = 0,29$) ist im Vergleich zu anderen Baumarten sehr gering. Der durchschnittliche G_{ST} -Wert liegt bei 0,75 (Petit et al. 2002). Die geringen G_{ST} -Werte der Wildkirsche deuten auf einen effizienten Genfluss zwischen den Populationen hin, welches auf die Verbreitung der Früchte (Samen) auch über große Distanzen durch Vögel und den Menschen zurückgeführt wird. Arten mit Samenausbreitung durch Tiere können auch einen eingeschränkten Genfluss des Cytoplasmas (Samenausbreitung) und somit hohe Chloroplasten G_{ST} -Werte aufweisen (z. B. <i>Fagus sylvatica</i> , <i>Quercus petraea</i>).
<i>Prunus spinosa</i> (Schlehe)	Mohanty et al. 2000 Mohanty et al. 2002	PCR/RFLP (cpDNA)	25 Pop.	Europa	Die Clusteranalyse ergab eine geographische Differenzierung zwischen den nordeuropäischen (Schottland, Schweden) und den italienischen sowie deutschen Populationen. Der größte Teil der genetischen cpDNA Diversität ($h_T = 0,73$) war innerhalb der Populationen zu finden ($h_s = 0,49$). Die genetische Differenzierung zwischen den Populationen war gering ($G_{ST} = 0,33$) im Vergleich zu anderen Waldbaumarten (Petit et al 1999), aber vergleichbar mit <i>Prunus avium</i> ($G_{ST} = 0,29$) (Mohanty et al. 2001). Die Samenausbreitung der Schlehe erfolgt über große Distanzen. Dies führt zu einer geringen genetischen Differenzierung zwischen den Populationen.
	Jesch & Fronia 2006	Isoenzyme	8 Herkünfte (Baumschulware)	Deutschland, Ungarn	Die Clusteranalyse zeigt eine geringe geographische Differenzierung zwischen den Herkünften aus Sachsen und den übrigen Herkünften. Höhere Diversität in den süddeutschen Herkünften
	Leinemann et al. 2002	Isoenzyme	4 Pop., 1 Saatgutmischprobe (Ungarn)	Göttingen, Miltenberg, Ungarn	Die Herkünfte aus Ungarn besitzen eine große Ähnlichkeit mit dem Vorkommen im Raum Miltenberg (vermutlich gepflanzte Hecke), den größten genetischen Abstand (11%) weist eine natürliche Hecke aus dem Raum Göttingen auf. Innerhalb der Populationen gab es eine geringe genetische Variation, was vermutlich auf die überwiegend vegetative Reproduktion zurückzuführen ist.

Botanischer Name (Deutscher Name)	Referenz	Methode	Stichprobe	Gebiet	Ergebnisse
<i>Quercus petraea</i> (Trauben-Eiche)	Zanetto & Kremer 1995 Kremer & Zanetto 1997	Isoenzyme	81 Pop.	Europa	Geringe genetische Differenzierung der Populationen in Europa ($F_{ST} = 0,025$), aber signifikante geographische Unterscheidung der Allelhäufigkeiten in West-Ost Richtung (siehe auch Petit et al. 2002)
	König et al. 2002	PCR-RFLP (cpDNA)	172 Pop.	Zentraleuropa (Belgien, Niederlande, Luxemburg, Deutschland, Tschechien sowie Österreich)	Geringe genetische Diversität innerhalb der Populationen ($h_s = 0,16$), moderat hoher G_{ST} -Wert von 0,79 (d.h. moderat hohe genetische Differenzierung zwischen allen untersuchten Populationen). Der höchste G_{ST} -Wert einer Region wurde für die Donau-Region (Süddeutschland) berechnet, wo auch die deutlichste geographische Struktur vorhanden ist. Bäume mit Samenausbreitung durch Schwerkraft sind durch hohe Werte bzgl. der genetischen Differenzierung zwischen den Populationen charakterisiert (Fineschi et al. 2005).
<i>Quercus robur</i> (Stiel-Eiche)	König et al. 2002	PCR-RFLP (cpDNA)	231 Pop.	Zentraleuropa (Belgien, Niederlande, Luxemburg, Deutschland, Tschechien sowie Österreich)	Geringe Diversität innerhalb der Populationen ($h_s = 0,24$). Die genetische Differenzierung zwischen den untersuchten europäischen Populationen lag bei $G_{ST} = 0,68$. Abnahme des Fixations-Index (G_{ST}) mit Zunahme des menschlichen Einflusses auf die Populationen (G_{ST} -Wert von 0,23 für Straßenbaumpopulationen in den Niederlanden).
<i>Quercus spec.</i> <i>Q. robur</i> <i>Q. frainetto</i> <i>Q. petraea</i> <i>Q. pubescens</i> <i>Q. faginea</i> <i>Q. pyrenaica</i>	Petit et al. 2002	PCR-RFLP (cpDNA)	2353 Pop. 984 23 650 331 58 44	Europa	Geringe intraspezifische Diversität der Populationen aller 6 untersuchten <i>Quercus</i> -Arten ($h_s = 0,15$), hoher Wert der genetischen Differenzierung zwischen den Populationen ($G_{ST} = 0,82$) $G_{ST} = 0,78$ $G_{ST} = 0,83$ $G_{ST} = 0,86$ $G_{ST} = 0,90$ $G_{ST} = 0,95$ $G_{ST} = 0,96$
<i>Quercus spec.</i>	Dumolin-Lapègue et al. 1997	PCR-RFLP (cpDNA)	283 Pop.	Europa	Hohe genetische Differenzierung zwischen den Populationen ($G_{ST} = 0,83$) und geringe intraspezifische Diversität ($h_s = 0,15$). Korrelation zwischen geographischer Distanz und genetischer Differenzierung ist vorhanden ($r = 0,11$, $P < 0,001$).
<i>Rosa canina</i>	Jürgens et al. in	RAPD	10 Pop.	Deutschland	Signifikante Differenzierung zwischen den Regionen ($F_{ST} = 0,23$, $P < 0,001$) Brandenburg vs.

Botanischer Name (Deutscher Name)	Referenz	Methode	Stichprobe	Gebiet	Ergebnisse
(Hunds-Rose)	press		3 Pop.	(Brandenburg), Bayern, Ungarn	Bayern und Ungarn infolge des geringeren Genflusses mit Zunahme der geographischen Distanz. Die intraspezifische Variation lag bei 87% für die brandenburgischen Populationen und 76% für Bayern und Ungarn. Geringe genetische Differenzierung zwischen den brandenburgischen Populationen ($F_{ST} = 0,13$) sowie Bayern und Ungarn ($F_{ST} = 0,24$)
<i>Rosa inodora</i> , <i>R. sherardii</i> , <i>R. subcollina</i> (Duftarme Rose, Samt-Rose, Falsche Hecken-Rose)	Seitz et al. 2005, Jürgens et al. in prep.	RAPD	Jeweils 8 Pop.	Brandenburg	Der größere Teil der genetischen Variation war innerhalb der Populationen zu finden (84% <i>R. inodora</i> , 71% <i>R. sherardii</i> und 69% <i>R. subcollina</i>). <i>R. subcollina</i> ($F_{ST} = 0,31$) und <i>R. sherardii</i> ($F_{ST} = 0,29$) weisen höhere Level an genetischer Differenzierung zwischen den Populationen als <i>R. inodora</i> ($F_{ST} = 0,16$) und <i>R. canina</i> auf. Ursache für die höheren G_{ST} -Werte könnte die zerstreute Verbreitung (Isolation bzw. geringerer Genfluss zwischen den Populationen) sein. Eine Korrelation zwischen genetischer und geographischer Distanz (geographische Struktur) konnte bestätigt werden: $r = 0,32$ (<i>Rosa sherardii</i>), $r = 0,26$ (<i>Rosa inodora</i>) und $r = 0,30$ (<i>Rosa subcollina</i>), $P < 0,0001$.
<i>Rubus fruticosus</i> agg. (Brombeere)	Salvini et al. 2006	SSR	20 Pop.	Europa	Geringe genetische Differenzierung zwischen den Populationen ($G_{ST} = 0,29$). Hohe intraspezifische Diversität ($h_s = 0,52$) speziell in den nord- und mitteleuropäischen Populationen. Verantwortlich für den hohen Genfluss ist die effiziente Samenausbreitung (Endozoochorie) über große Distanzen. Dieser effiziente Ausbreitungsmechanismus gleicht die Auswirkungen der vegetativen Vermehrung (geringe genetische Diversität) über kurze Distanzen aus.
<i>Salix caprea</i> (Sal-Weide)	Palmé et al. 2003	SSR PCR-RFLP (cpDNA)	25 Pop.	Europa	$G_{ST} = 0,09$ (PCR-RFLP) und $G_{ST} = 0,02$ (SSR). Hohe genetische Variation innerhalb der Populationen, insbesondere in den nördlichen Regionen Europas. Die niedrigen G_{ST} -Werte sind durch einen hohen Genfluss indiziert. Folge der für <i>Salix</i> charakteristischen leichten und windverbreiteten Samen (siehe auch <i>Populus</i>). Keine geographische Struktur. Ursachen für die fehlende geographische Struktur: a) Populationen konnten während der letzten Eiszeit (auch außerhalb von südlichen Refugien) überstehen b) schnelle erneute Besiedelung nach der Eiszeit (große Ausbreitungsgeschwindigkeit) c) hohe Mutationsraten und d) Hybridisierungen mit anderen Weidenarten
<i>Sorbus aucuparia</i> (Eberesche)	Raspé et al. 2000	PCR-RFLP (cpDNA)	6 Pop.	Frankreich und Belgien	Relativ geringe genetische Differenzierung zwischen vier Regionen in Frankreich und Belgien ($G_{ST} = 0,27$) sowie zwischen 3 belgischen Populationen ($G_{ST} = 0,26$). Niedrigere Werte als in anderen Studien mit Bäumen der gemäßigten Zone. Ursache könnte die effiziente Ausbreitung der Früchte (Samen) durch Vögel bei der Eberesche und somit ein erhöhter Grad an Genfluss sein.
	Raspé & Jacquemart 1998	Isoenzyme	17 Pop.	Europa (Belgien, Frankreich, Pyrenäen, Finnland)	Hohe genetische Differenzierung innerhalb der Populationen ($H_e=0,21$), geringe Differenzierung zwischen den Populationen ($G_{ST}=0,06$). Die Clusteranalysen ergaben eine größere Ähnlichkeit innerhalb der Regionen als zwischen den Regionen, wobei sich die Populationen aus Finnland und die südlichen Populationen am stärksten unterschieden.
<i>Sorbus torminalis</i> (Elsbeere)	Demesure et al. 2000	Isoenzyme	67 Pop. 7 Pop.	Frankreich Mitteleuropa	Clusteranalyse ergab keine geographische Struktur, wobei eine leichte signifikante Korrelation zwischen genetischer und geographischer Distanz ab 120 km Entfernung auftrat.

Botanischer Name (Deutscher Name)	Referenz	Methode	Stichprobe	Gebiet	Ergebnisse
				(Slowakei/ Slowenien/Bulgarien/ Schweiz)	Relativ hohe genetischen Differenzierung zwischen den Populationen ($F_{ST} = 0,15$) wurden auch bei anderen zerstreut verbreiteten Arten gefunden (z.B. $F_{ST} = 0,18$ bei <i>Ulmus minor</i> , Machon et al. 1997). Die F_{ST} -Werte (0,08) in Mitteleuropa waren geringer und mit Isoenzymuntersuchungen an <i>Sobus aucuparia</i> ($F_{ST} = 0,06$) vergleichbar (Raspé & Jaquemart 1998).
	Oddou-Muratorio et al. 2001	PCR-RFLP (cpDNA)	55 Pop.	Frankreich	Die genetische Differenzierung zwischen den Populationen war gering ($G_{ST}=0,34$). Ein signifikantes leichtes geografisches Muster konnte bei Entfernungen bis zu 100 km nachgewiesen werden.
<i>Tilia cordata</i> (Winter-Linde)	Maurer & Tabel 1995	Isoenzyme	80 Klone	Pfalz	Unterscheidung der Klone mittels Isoenzymmarkern möglich. Nachweis über die Abstammung einer Baumallee aus einem Klon wurde dargelegt.
	Fineschi et al. 2003	PCR-RFLP (cpDNA)	17 Pop.	Europa	Niedrige genetische Diversität innerhalb der Populationen ($h_s = 0,4$). Niedrige genetische Differenzierung zwischen den Populationen ($G_{ST} = 0,55$) in Relation zu beobachteten durchschnittlichen G_{ST} -Werten (0,73) bei maternal vererbten Markern bei Angiospermen (Bäumen) (Petit 1999). Dies wird auf den menschlichen Einfluss zurückgeführt.
<i>Ulmus minor</i> (Feld-Ulme)	zitiert in Petit et al. 2003, Aguinagalde et al. 2005	PCR-RFLP (cpDNA)	29	Europa	Moderat niedrige genetische Differenzierung zwischen den Populationen ($G_{ST} = 0,47$)
<i>Viburnum opulus</i> (Gemeiner Schneeball)	Rumpf 2002	Isoenzyme	9 Pop.	Niedersachsen, Südeuropa	Phänologische Unterschiede zu den Populationen aus der Lombadei (Italien). Die genetische Differenzierung zwischen den Populationen lag bei ca. 10%

Tab. 3: Untersuchungen zur regional differenzierten genetischen Variabilität und Differenzierung ausgewählter einheimischer Grünlandarten

Botanischer Name (Deutscher Name)	Referenz	Methode	Stichprobe	Gebiet	Ergebnisse
<i>Calluna vulgaris</i> (Besen-Heide)	Rendell & Ennos 2002	PCR-RFLP (cpDNA)		Europa	Relativ hohe Diversität innerhalb der Populationen ($h_s = 0,44$) sowie ein mittlerer G_{ST} -Wert (0,47) (genetische Differenzierung zwischen den Populationen) im Vergleich mit den Ergebnissen anderer cpDNA-Marker Untersuchungen. Grad der Diversität und Differenzierung höher in den südeuropäischen Populationen als in den nordeuropäischen.
<i>Dactylis glomerata</i> (Knaul-Gras)	Kölliker et al. 1999	RAPD	3 Kultursorten	Schweiz	Die genetische Variabilität innerhalb der Kultursorten betrug 85,1%
<i>Fetuca pratensis</i> (Wiesen-Schwingel)	Kölliker et al. 1999	RAPD	3 Kultursorten	Schweiz	Die genetische Variabilität innerhalb der Kultursorten betrug 64,6%
<i>Lolium perenne</i> (Ausdauerndes Weidelgras)	Bolaric et al. 2005	RAPD	22 Pop. 22 Kultursorten	Deutschland (3 Regionen: Nord-, Mittel- und Süddeutschland) Europa	Signifikante Unterschiede zwischen den Nord- und Südregionen. Der größere Teil der genetischen Variation war innerhalb der Populationen (71%) zu finden. Die Diversität zwischen den „natürlichen“ Populationen und Kultursorten betrug nur 2%.
	van Treuren et al. 2005	AFLP	16 Wildpopulationen, 8 Kultursorten	Niederlande	PCA-Analysen zeigen morphologische und genetische Differenzierungen zwischen Kultursorten und Wildpopulationen.
	Posselt 2000	RAPD	13 Pop.	10 Pop. Kultursorten, 5 Wildpop. (Hessen, Bayern, Poel)	Die genetische Variation war innerhalb der Wildpopulationen größer als innerhalb der Kultursorten (65 % vs. 55 %). Die Variation zwischen den Sorten betrug 45 %, zwischen den Wildpopulationen 35 %, zwischen Sorten und Wildpop. 15 %.
<i>Trifolium pratense</i> (Rot-Klee)	Milligan 1991	PCR-RFLP (cpDNA)			Große genetische Diversität innerhalb der Populationen (bzw. geringe genetische Differenzierung zwischen den Populationen).
<i>Trifolium repens</i> (Weiß-Klee)	van Treuren et al. 2005	AFLP	16 Wildpopulationen, 7 Kultursorten	Niederlande	PCA-Analysen zeigen morphologische und genetische Differenzierungen zwischen Kultursorten und Wildpopulationen.