

forstarchiv 81, 165-169
(2010)

DOI 10.2376/0300-
4112-81-165

© M. & H. Schaper
GmbH

ISSN 0300-4112

Korrespondenzadresse:
lleinem@gwdg.de

Eingegangen:
07.08.2009

Angenommen:
07.06.2010

Klonale Reproduktion in naturnahen Vorkommen der Schlehe (*Prunus spinosa* L.)

Clonal reproduction in near nature populations of black thorn (*Prunus spinosa* L.)

LUDGER LEINEMANN¹, WILFRIED STEINER³, BERNHARD HOSIUS² und JÖRG KLEINSCHMIT³

¹Abteilung Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Büsgen-Institut, Georg-August-Universität Göttingen, Büsgenweg 2, D-37077 Göttingen,

²ISOGEN an der Abteilung Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Büsgenweg 2, D-37077 Göttingen

³Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Prof. Oelkers-Str. 6, D-34346 Hann. Münden

Kurzfassung

Untersuchungen auf der Basis von Isoenzym- und SSR-Genmarkern deuten auf einen erheblichen Anteil vegetativer Vermehrung in naturnahen Vorkommen der Schlehe. In drei näher untersuchten Vorkommen konnte gezeigt werden, dass Sträucher mit identischem Genotyp überwiegend in direkter Nachbarschaft auftreten. Die Werte für den Parameter $MGN_{\geq 2}$, definiert als der Anteil von Sträuchern mit identischem Multilocus-Genotyp innerhalb eines Vorkommens, die direkt benachbart auftreten, lagen zwischen 69 % und 94 %. Schätzungen der durchschnittlichen Ausbreitungslänge klonaler Strukturen entlang von Schlehenvorkommen liegen zwischen 12 m und 30 m. Der Vergleich der Analysemethoden hinsichtlich der Auflösung räumlich genetischer (klonaler) Strukturen von Sträuchern aus vegetativer Reproduktion zeigt, dass durch die Kombination von Isoenzymen und Mikrosatelliten ein erheblicher Informationsgewinn erfolgt. So steigt der Anteil von Sträuchern mit „einmaligem“ Genotyp in einem Vorkommen von 10 % auf 29 %. Ausgedehntere räumliche genetische Strukturen vegetativen Ursprungs erwiesen sich hinsichtlich der Verwendung hochvariabler DNA-Marker als stabil. Der Parameter R, definiert als „Genotypic Richness“ eines Vorkommens, zeigt ausgeprägte Unterschiede zwischen den Stichproben aus naturnahen Schlehenvorkommen und dem vollständig generativ reproduziertem Material zweier Saatgutpartien und einer Samenplantagen-Nachkommenschaft. Möglicherweise kann der R-Wert als Indiz für die Naturnähe von Vorkommen genutzt werden.

Schlüsselwörter: *Prunus spinosa*, klonale Reproduktion, genetische Marker, räumliche Struktur

Abstract

Investigations by means of isozyme- and SSR-gene-markers indicate considerable amounts of vegetative propagation in near nature populations of black thorn. Results of three populations analyzed in more detail showed that identical genotypes predominantly occur in adjacent plants. Values of the parameter $MGN_{\geq 2}$ defined as the amount of adjacent shrubs of identical multi-locus-genotypes in a population vary between 69% and 94%. Estimates of the average length of clonal structures along natural populations vary between 12 m and 30 m. Comparing the lab methods with respect to the resolution of spatial genetic (clonal) structures it was shown that the combination of isozymes with highly variable microsatellite markers lead to a considerable gain of information in that the amount of individuals with unique genotypes within a population increases from 10% to 29%. But larger spatial genetic structures (SGS) of vegetative propagation show less or no influence. The parameter R defined as "genotypic richness" of a single population shows pronounced differences between 13 samples of near nature populations and entirely sexual propagated material from two seed lots and plant material from a seedling seed orchard. Potentially the parameter R can be used as indicator for the identification of near nature populations of black thorn.

Key words: *Prunus spinosa*, clonal reproduction, genetic markers, spatial structure

Einleitung

Die flachwurzelnende Schlehe ist ein charakteristischer Vertreter von Hecken und Gebüschgesellschaften an Wald- und Weggrändern sowie in Ruderalgebieten (Scholz und Scholz 1995). Die Bedeutung der Schlehe ist daran zu erkennen, dass sie nach Ellenberg (1986) die namensgebende Art der Ordnung der Laubholzgebüsche (*Prunetalia spinosae*) darstellt.

Die Schlehe ist als wesentlicher Bestandteil von Hecken ein wichtiges landschaftsgestalterisches und landschaftsschützendes Element mit günstigem Einfluss auf das Mikroklima und zur Vermeidung von Erosion und Auswaschungen sowie zur Schaffung von Lebensräumen mit artenreichen Lebensgemeinschaften (Piper und Geburek 1998, Schubert et al. 1991). Die Art ist sehr variabel; so werden von Botanikern im Wesentlichen aufgrund von Frucht- und Steinmerkmalen verschiedene Unterarten abgegrenzt. Da die Schlehe etwa seit

dem Mittelalter auch gepflanzt wurde, wird die systematische Erfassung des *Prunus spinosa*-Komplexes durch Kulturformen erschwert (Hanelt 1997, Scholz und Scholz 1995). Darüber hinaus wird angenommen, dass es sich bei der Schlehe um eine der Stammformen von *Prunus domestica* handelt, die durch Hybridisierung mit *Prunus cerasifera* entstanden ist (Rankovic und Dulic-Markovic 1992, Reyners-Aloisi und Grellet 1994, Hanelt 1997).

In Zusammenhang mit der ausgeprägten Fähigkeit der Schlehe zu vegetativer Reproduktion (Scholz und Scholz 1995, Yeboah und Woodel 1987, Nocentini and Mori 1991, Guitán et al. 1993) stellt sich die Frage, welchen Anteil vegetativer Reproduktion natürliche beziehungsweise naturnahe Schlehenvorkommen aufweisen. Dabei wird angenommen, dass Etablierungsstrategien von Pflanzen, die zu vegetativer Vermehrung befähigt sind, einen starken Einfluss auch auf die genetische Diversität der betreffenden Vorkommen haben. Allgemein werden hier die ISR (initial seedling recruitment)- und die RSR

Tab. 1. Informationen zur Herkunft der untersuchten Schlehenvorkommen. Die in der rechten Spalte verwendeten Abkürzungen werden zur Darstellung der Ergebnisse verwendet.

Information concerning the origin of the black thorn populations investigated. Abbreviations in the right hand column are used for the presentations of the results.

Forstamt	Revier	Abteilung	Kürzel
Deiderode	-	-	DE
Weende	-	-	WE
Nikolausberg	-	-	NI
Danndorf	Allerkanal	91, 98	DAN-AK
Danndorf	Stellfelde	2159, 2160, 2161, 2163, 2164	DAN-ST
Göhrde	Bleckede	1352, 1353	GDE-BL
Harsefeld	Heidhof	1215	HSF-HE
Neuenburg	Varel	109	NEU-109
Neuenburg	Varel	137	NEU-137
Neuenburg	Upjever	202	NEU-UP
Nienburg	Memsen	3067	NIE-67
Nienburg	Memsen	3096	NIE-96
Rotenburg	Ahlden	1073, 1074	ROT-AL
Rotenburg	Diensthop	1045	ROT-DI
Wolfenbüttel	Querum	124a2	WOL-HO
Wolfenbüttel	Kampen	2039	WOL-KA
Samenplantagen			
Grohnde	Samenplantage		SPL-GR
Saatgut			
Harsefeld	Absaat aus SPL-HSF		S-HSF
Ungarn	Import Standard		S-UNGA

(repeated seedling recruitment)-Strategie unterschieden. Im ersten Fall wird davon ausgegangen, dass jegliche genetische Variation in einem Vorkommen zurückzuführen ist auf eine „Gründungspopulation“ eher weniger Individuen, aus der heraus sich das Vorkommen ausschließlich vegetativ ausgebreitet hat. Bei dieser Strategie dürften Zufallsprozesse in der Gründungsphase der Population einen erheblichen Einfluss auf die spätere genetische Variation in den Vorkommen haben. Ein Indiz hierfür könnte eine starke Differenzierung zwischen Vorkommen sein.

Im Fall der RSR-Strategie kommt es im Laufe der Zeit immer wieder auch zur Ansamung von Pflanzen aus generativer Vermehrung. Es wird erwartet, dass dies in der Regel zu einer höheren genetischen Diversität in solchen Vorkommen führt (Eriksson 1993, 1997).

Die genetischen Strukturen, die aus diesen Etablierungsphasen hervorgehen, sind weiterhin abhängig von der jeweiligen Ausdehnungsstrategie. Zwei grundsätzliche Modelle zur Beschreibung solcher Vorgänge wurden von Lovett Doust (1981) beschrieben. Dort wird zwischen Phalanx- und Guerilla-Strategie unterschieden. Bei der Ersten wird eine sehr kompakte Ausbreitung über vegetative Vermehrung erwartet, während bei der Zweiten durchaus größere Zwischenräume zwischen Vertretern eines Klons erwartet werden dürfen.

Populationsgenetische Untersuchungen im Zusammenhang mit der genetischen Differenzierung innerhalb non und zwischen Populationen von *Prunus spinosa* auf der Basis von Genmarkeranalysen sind bisher von Leinemann et al. (2002) sowie Schmitt (2003) durchgeführt worden.

Möglicherweise wird hier der Weitergabe lokal angepasster Multilocus-Genotypen über vegetative Fortpflanzung der Vorzug gegenüber vielfältigen, aber aufgrund von Rekombination vergleichsweise unspezifischen, genotypischen Strukturen durch generative Reproduktion gegeben.

Ziel der vorliegenden Arbeit ist es, die genetischen Strukturen und Muster ihrer räumlichen Verteilung innerhalb natürlicher Vorkommen der Schlehe zu erfassen. Dabei sollen im Wesentlichen zwei Hypothesen untersucht werden:

- Identische und räumlich benachbarte Genotypen treten in natürlichen Vorkommen der Schlehe nicht auf. Die Etablierung von Schlehenvorkommen verläuft ausschließlich generativ.
- Im Vergleich zu generativ erzeugtem Vermehrungsgut zeigen natürliche Vorkommen keine Anzeichen einer eingeschränkten genotypischen Diversität.

Material

Im Detail wurden die Analysen zum Anteil vegetativer Reproduktion in drei Vorkommen mit einer Länge von jeweils mehreren hundert Metern aus dem Raum Göttingen (Deiderode, Weende, Nikolausberg) durchgeführt (Tabelle 1).

Die Analysen zur Untersuchung der genotypischen Diversität von natürlichen Schlehenvorkommen wurden in 13 weiteren Vorkommen aus Norddeutschland durchgeführt. Als Referenz für generatives Material wurden zwei Saatgutproben und eine Sämlingssamenplantage untersucht (s. Tabelle 1).

Die Beprobung der Vorkommen erfolgte repräsentativ, indem in Abständen von zwei bis drei Metern Proben genommen wurden. Das Saatgut wurde von der Firma Rahte (Rahte Garten Baumschulen Forst GmbH, Wietze) und der Forstsaatgutberatungsstelle Oerrel bereitgestellt. Bis zur Untersuchung wurde das Material in einer Kühlzelle bei 4 °C gelagert. Von einzelnen natürlichen Strauchvorkommen wurden in der Regel 80 Proben genommen. Die Samenplantage wurde mit einer Stichprobe von 100 Pflanzen untersucht.

Methoden

Alle Proben wurden mit Isoenzymgenmarkern untersucht. Dabei wurden bereits etablierte Methoden genutzt (Leinemann 2000, Leinemann and Bergmann 2000 und Leinemann et al. 2002) und entsprechend auf das vorliegende Material angewendet. Die untersuchten Enzymsysteme, die Anzahl der Genorte und die Anzahl der beobachteten Varianten an jedem Genort sind in Tabelle 2 dargestellt.

Im Vorkommen Deiderode wurden neben Isoenzymgenmarkern zwei Paare heterologer Mikrosatellitenprimer (Cipriani et al. 1999) verwendet, um den Einfluss eines variableren Markersets auf die Klonzuordnung zu analysieren. Dabei handelt es sich um die Primer UDP96-001 und UDP96-013. UDP96-001 zeigte relativ geringe Variation, hier wurden fünf Varianten beobachtet (Fragmentlänge in Basenpaaren: 97, 99, 105, 113, 116). UDP96-013 war mit 26 Varianten hochvariabel (Fragmentlänge in Basenpaaren: 103, 105, 107, 109, 111, 113, 115, 117, 121, 123, 125, 127, 129, 133, 137, 139, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 161, 164, 165, 167). Die beobachteten Amplifikationsprodukte differieren in ihren Fragmentlängen meist erheblich von den in *Prunus persica* gefundenen. Wiederholungen zeigten eine Übereinstimmung von 100 % zwischen den verschiedenen Analysen.

Tab. 2. Untersuchte Enzymsysteme, Enzymzonen und Anzahl beobachteter Allele bei *Prunus spinosa* L.

Enzymsystem	Genorte	Anzahl Allele
Alkohol-Dehydrogenase E.C. 1.1.1.1	Adh-A	4
Malat-Dehydrogenase E.C. 1.1.1.37	Mdh-A	4
	Mdh-B	3
Isocitrat-Dehydrogenase E.C. 1.1.1.42	Idh-A	3
6-Phosphogluconat-Dehydrogenase E.C. 1.1.1.44	6-Pgdh-A	5
	6-Pgdh-B	3
Phosphoglucose-Isomerase E.C. 5.3.1.9	Pgi-B	5

Datenanalyse

Der Schluss auf vegetative Reproduktion bzw. auf die Zugehörigkeit eines Strauchs zu einem Klon wurde als wahrscheinlich angenommen, wenn zwei Forderungen erfüllt waren:

- Ein bestimmter Multilocus-Genotyp kommt mindestens zweimal vor.
- Identische Multilocus-Genotypen treten bei direkt benachbarten Untersuchungsproben auf.

Berechnet wurden:

- MG als die absolute Anzahl unterschiedlicher Multilocus-Genotypen.
- $MG_{\geq 2}$ als der Anteil von Multilocus-Genotypen eines Vorkommens, die mindestens in zwei Proben identisch sind. Auf der Grundlage des verwendeten Markersets entspricht dies dem maximal möglichen Anteil von Individuen aus vegetativer Reproduktion.
- $MG_{N \geq 2}$ als der Anteil von Sträuchern mit identischem Multilocus-Genotyp innerhalb eines Vorkommens, die direkt benachbart auftreten. Reduziert den maximalen Anteil von Individuen aus vegetativer Reproduktion auf solche, die direkt benachbart auftreten. Mit diesem Parameter wird die räumliche Nachbarschaft als zusätzliches Indiz für das Vorliegen vegetativer Reproduktion berücksichtigt.

Diese Untersuchungen wurden im Detail in den Vorkommen Deiderode, Weende und Nikolausberg durchgeführt. Für alle untersuchten Vorkommen wurde darüber hinaus der Parameter $R = (G-1)/(N-1)$ („Genotypic Richness“) nach Dorken and Eckert (2001) berechnet. Der Parameter R kann alle Werte von Null bis Eins annehmen ($0 \leq R \leq 1$). R ist Null für Stichproben, die ausschließlich aus einem einzigen Genotyp bestehen, und Eins, wenn innerhalb einer Stichprobe keine identischen Genotypen vorkommen. Der R-Wert wurde für alle natürlichen Vorkommen und im Vergleich dazu für Stichproben aus generativ erzeugtem Vermehrungsgut berechnet.

Ergebnisse und Diskussion

Die Untersuchung stützt sich im Wesentlichen auf die drei großen Vorkommen Nikolausberg, Weende und Deiderode. Die genetische Inventur der Vorkommen Nikolausberg und Weende erfolgte ausschließlich mit Isoenzymgenmarkern, während für das Vorkommen Deiderode zusätzlich Mikrosatelliten genutzt wurden.

In Tabelle 3 werden die drei Vorkommen bezüglich ihres Anteils

Tab. 3. Häufigkeit von Sträuchern potentiell vegetativen Ursprungs. MG: Anzahl unterschiedlicher Multilocus-Genotypen, $MG_{\geq 2}$: Anteil der Multilocus-Genotypen, die mindestens zweimal auftreten, $MG_{N \geq 2}$: Häufigkeit von benachbarten Sträuchern mit gleichem Multilocus-Genotyp, MG_1 : Anteil der Individuen mit einmaligem Genotyp. Die relativen Werte beziehen sich jeweils auf den Stichprobenumfang (in Klammern).

Frequency of shrubs of potentially vegetative origin. MG = number of different multilocus genotypes, $MG_{\geq 2}$ = frequency of shrubs with identical genotypes observed two times at least, $MG_{N \geq 2}$ = frequency of neighboring shrubs with identical genotypes, MG_1 = number of shrubs with unique genotypes. Relative values refer to the sample size (in brackets).

	NI (97)*	WE (142)*	DE (147)*	DE**
MG	13	22	38	64
$MG_{\geq 2}$	0,96	0,94	0,90	0,71
$MG_{N \geq 2}$	0,94	0,93	0,87	0,69
MG_1	0,04	0,06	0,10	0,29

*auf der Basis von Isoenzymen (based on isozymes only), **Kombination von Isoenzymen und Mikrosatelliten (combination of isozymes and microsatellites)

vegetativer Reproduktion charakterisiert. Für das Vorkommen Deiderode geschieht dies einmal allein auf der Grundlage von Isoenzymgenmarkern und ein zweites Mal auf der Grundlage der kombinierten Information aus Isoenzymgenmarkern und Mikrosatelliten. Zunächst wird in Tabelle 3 die absolute Anzahl verschiedener Multilocus-Genotypen angegeben. Betrachtet man allein die Werte auf der Grundlage der Isoenzymgenmarker, realisiert das Vorkommen Deiderode 38, Weende 22 und Nikolausberg 13 unterschiedliche Genotypen.

In der zweiten Zeile der Tabelle ist der relative Anteil von Sträuchern angegeben, deren Multilocus-Genotyp mindestens zweimal im Vorkommen auftritt ($MG_{\geq 2}$). Diese dominieren in allen Vorkommen. Überraschend sind die hohen Werte für $MG_{N \geq 2}$; hierunter sind all jene Sträucher zusammengefasst, die auch Bedingung 2 (s. o.) erfüllen. Daraus ist zu schließen, dass für den überwiegenden Anteil von Sträuchern mit identischem Genotyp gilt, dass sie in direkter Nachbarschaft zu einem Strauch mit identischem Multilocus-Genotyp auftreten, während räumlich getrennte Sträucher mit identischem Genotyp eher die Ausnahme sind. Dieses Resultat entspricht der Erwartung für eine Art, die in hohem Maße zu vegetativer Reproduktion neigt, ist in dieser Größenordnung aber dennoch überraschend.

Der Vergleich der Analysemethoden hinsichtlich der Identifizierung von Sträuchern aus vegetativer Reproduktion zeigt einen erheblichen Informationsgewinn durch die Kombination von Isoenzymen und Mikrosatelliten. Wie zu erwarten, steigt der Anteil von Sträuchern mit „einmaligem“ Genotyp, im vorliegenden Fall von 10 % auf 29 %. Nach wie vor überwiegt aber der Anteil von Sträuchern aus vegetativer Reproduktion.

In Tabelle 4 wird die räumliche Verteilung der Genotypen anhand von minimalen, maximalen und durchschnittlichen Anzahlen benachbarter Sträucher mit gleichem Multilocus-Genotyp charakterisiert. Dies wurde in der Weise durchgeführt, dass alle Struktura-

Tab. 4. Charakterisierung der räumlichen Verteilung. Die Werte beziehen sich auf minimale, maximale und durchschnittliche Anzahlen benachbarter Sträucher mit gleichem Multilocus-Genotyp.

Characterization of the spatial distribution. Values refer to the minimum, maximum and average number of neighboring shrubs with identical genotypes.

	NI (97)	WE (142)	DE (147)*	DE**
Min	2	2	2	2
Max	18	43	13	13
Ø	10,1	8,8	3,7	4,3

ren aufgenommen wurden, in denen mindestens zwei benachbarte Sträucher einen identischen Multilocus-Genotyp besitzen. Für die Herleitung der Durchschnittswerte wurde die Anzahl aller Sträucher, die in solchen Strukturen auftraten, dividiert durch die Anzahl dieser Strukturen. Aus Tabelle 4 geht hervor, dass hier erhebliche Differenzen zwischen den Vorkommen bestehen. Das Vorkommen Deiderode zeigt, mit einem Durchschnittswert von 3,7, große Unterschiede zu den Vorkommen Nikolausberg und Weende mit Werten von 10,1 und 8,8. Diese Werte sind so zu interpretieren, dass bei einem gegebenen Abstand von 3 m zwischen den Probepunkten die durchschnittliche Ausbreitung eines Klons im Vorkommen Nikolausberg 30 m beträgt, im Vorkommen Weende ca. 27 m und im Vorkommen Deiderode lediglich ca. 12 m.

Überraschend ist auch hier der Vergleich zwischen den Ergebnissen auf der Basis von Isoenzymgenmarkern und der Kombination von Isoenzymgenmarkern und Mikrosatelliten. Aus der Kombination der beiden Markertypen resultiert hier in eine höhere Schätzung der durchschnittlichen Ausbreitung von Strukturen aus vegetativer Reproduktion. Im Zusammenhang mit den Ergebnissen aus Tabelle 3 muss daraus der Schluss gezogen werden, dass eine größere Zahl von Genmarkern den geschätzten Gesamtanteil vegetativer Reproduktion in Vorkommen verringert, nicht aber die geschätzte durchschnittliche Ausbreitung klonaler Strukturen. Durch die Hinzunahme der Mikrosatelliten werden demzufolge vorrangig kleinere Strukturen aufgelöst, während größere Strukturen erhalten bleiben oder nur relativ geringe Änderungen erfahren. Charakteristische räumliche Verteilungen von genetischen Strukturen in Vorkommen, die aus vegetativer Reproduktion resultieren, können daher sehr wohl allein auf der Grundlage von Isoenzymen beschrieben werden.

Geht man bei Pflanzen, die auch zu vegetativer Reproduktion befähigt sind, von einfachen Modellvorstellungen zur Etablierungsstrategie aus, wird deutlich, dass hieraus Vorkommen resultieren können, die eine vergleichsweise geringe genotypische Vielfalt (Genotypic Richness) aufweisen. Dies wird insbesondere dann der Fall sein, wenn Vorkommen in einer Initialphase aus nur wenigen Individuen bestehen, die sich dann dynamisch vegetativ ausbreiten. In der Tabelle 5 wurden die Werte der Genotypic Richness für alle untersuchten Vorkommen berechnet. Diese wurde sowohl für Stichproben berechnet, für die das Verhältnis zwischen generativer und vegetativer Vermehrung nicht von vornherein bekannt ist, als auch für rein generativ erzeugtes Material aus zwei Saatgutchargen und Pflanzenproben aus einer Sämlingssamenplantage. Offensichtlich zeigen die Proben hinsichtlich dieses Parameters große Unterschiede. Der geringste Wert wird dabei im Vorkommen Nikolausberg realisiert mit 0,12, im Durchschnitt liegt der R-Wert in dieser Gruppe bei 0,31. Wie zu erwarten, treten die höchsten Werte bei Stichproben aus generativ erzeugtem Material auf, hier liegt der R-Wert im Mittel bei 0,78. Dass diese Proben nicht ausschließlich Werte von 1 aufweisen, mag neben anderen möglichen Ursachen wie Verwandtschaft auch an der begrenzten Variabilität des Markersets liegen. Der Vergleich zwischen Stichproben aus natürlichen Vorkommen, die unter Beteiligung vegetativer Reproduktion entstanden sind, und solchen, die vollständig generativ erzeugt wurden, macht aber deutlich, dass die meisten natürlichen Vorkommen einen R-Wert aufweisen, der im Mittel um 60 % geringer ist als dies bei generativem Vermehrungsgut der Fall ist. Die Nutzung dieses Parameters als Indiz für die Naturnähe eines Vorkommens scheint damit möglich. In natürlichen Populationen der Schlehe ist eine Kombination von vegetativer und generativer Reproduktion zu erwarten. Wie groß dabei die jeweiligen Anteile sind, dürfte stark von der jeweiligen Situation abhängen. In der Etablierungsphase an einem neuen Standort mag die schnelle vegetative Ausbreitung sogar vorteilhafter und häufiger sein als die generative Strategie. Bei einem älteren, schon lange etablierten und reichlich fruktifizierenden Vorkommen wird möglicherweise die generative Vermehrung wieder mehr an Bedeutung erlangen. Ein

Tab. 5. Anzahlen von Multilocus-Genotypen (MG), Stichprobenumfang (N) und Genotypic Richness (R) in verschiedenen Populationen der Schlehe. Number of Multi-Locus-Genotypes (MG), sample size (N) and Genotypic Richness in different populations of black thorn.

Vorkommen	MG	N	R
NI	12	96	0,12
HSF-HE	11	75	0,14
WE	22	142	0,15
DE	38	147	0,25
NEU-UP	19	70	0,26
DAN-AK	20	70	0,28
ROT-ALL	20	70	0,28
NIE-96	8	26	0,28
NEU-109	21	70	0,29
DAN-ST	12	36	0,31
ROT-DI	24	70	0,33
WOL-HO	22	63	0,34
NEU-137	32	73	0,43
NIE-67	31	70	0,43
GDE-BL	33	69	0,47
WOL-KA	44	78	0,56
Samen Ungarn	56	85	0,65
Samen Oerrel	70	90	0,78
SPL Grohnde	90	100	0,90

deutlicher Einfluss der vegetativen Vermehrung wird aber auch in diesen Populationen noch erkennbar sein, sodass in natürlichen Vorkommen R-Werte deutlich unter 1 zu erwarten sind. R-Werte nahe 1 deuten auf ein ausschließlich generativ erzeugtes Vorkommen hin, also auf eine künstliche Anpflanzung und damit auf geringe Naturnähe. Für Zwecke der Generhaltung kommen künstliche Vorkommen nur nachrangig in Betracht, da der Ursprung des Vermehrungsgutes i. d. R. unbekannt ist.

Ein sehr niedriger R-Wert dagegen steht für einen sehr hohen Anteil vegetativ vermehrter Individuen und impliziert damit auch eine geringe genotypische und genetische Diversität. Dies wäre bei einer Verwendung als Genressource oder für die Saatgutgewinnung als nachteilig anzusehen, da Anpassungsfähigkeit ein gewisses Maß an genetischer Variabilität voraussetzt.

R-Werte zwischen 0,2 und 0,5 könnten bei dem hier verwendeten Markersets als Indiz für ein natürliches Vorkommen mit angemessener genetischer Variabilität verwendet werden. Die Ausweisung als Genressource bzw. die Nutzung als Saatgutertebestand könnten sich an diesem Rahmen orientieren.

Danksagung

Wesentliche Teile der Untersuchung wurden gefördert durch die Deutsche Forschungsgemeinschaft, Förderkennzeichen Ha 501/31-1.

Literatur

- Cipriani G., Lot G., Huang W.-G., Marrazzo M.T., Peterlunger E., Testolin R. 1999. AC/GT and AG/CT microsatellite repeats in peach (*Prunus persica* (L) Batsch): isolation, characterisation and cross-species amplification in Prunus. Theor. Appl. Genet. 99, 65-72
- Dorke M.E., Eckert C.G. 2001. Severely reduced sexual reproduction in northern populations of a clonal plant, *Decodon verticillatus* (Lythraceae). Journal of Ecology 89, 339-350
- Ellenberg H. 1986. Vegetation Mitteleuropas mit den Alpen. 4. Aufl. Eugen Ulmer Verlag, Stuttgart

- Eriksson O. 1993. Dynamics of genets in clonal plants. *Trends in Ecology & Evolution* 8, 313-316
- Eriksson O. 1997. Clonal life histories and the evolution of seed recruitment. In: deKroon H., van Groenendael J. (eds.) *The ecology and evolution of clonal plants*. Backhuys Publishers, Leiden, 211-226
- Guitán J., Guitán P., Sánchez J.M. 1993. Reproductive biology of two *Prunus* species (Rosaceae) in the northwest Iberian peninsula. *Pl. Syst. Evol.* 185, 153-165
- Hanelt P. 1997. European wild relatives of *Prunus* fruit crops. In: Valdes B., Heywood V.H., Raimondo F.M., Zohary D. (eds.) *Bocconea-7, Proceedings of the Workshop on „Conservation of the wild relatives of european cultivated plants“*. Palermo, Italy. *Bocconea* 7, 401-408
- Leinemann L. 2000. Inheritance analysis of isozyme phenotypes in tetraploid species using single plant progenies. An example in black thorn (*Prunus spinosa* L.). *Forest Genetics* 7, 205-209
- Leinemann L., Bergmann F. 2000. Differential expression of MDH Isozymes in sporophytic and gametophytic tissues of *Prunus spinosa*. *Journal of Applied Botany* 74, 175-177
- Leinemann L., Bendixen K., Kownatzki D., Hattemer H.H., Liepe K., Stenger G. 2002. Genetische Untersuchungen an Landschaftsgehölzen im Hinblick auf die Erzeugung und Zertifizierung von Vermehrungsgut. *Allg. Forst- u. Jagdztg.* 173, 145-152
- Lovett Doust J. 1981. Interclonal variation and competition in *Ranunculus repens*. *Journal of Ecology* 89, 495-502
- Nocentini G., Mori P. 1991. First contribution to the study of clonal dispersal of *Prunus spinosa*. *Monti e Boschi.* 42, 49-54
- Piper K., Geburek T. 1998. Zur Generhaltung bei Obstgehölzen. In: Geburek T., Heinze B. (Hrsg.) *Erhaltung genetischer Ressourcen im Wald*. Landsberg. Ecomed, Landsberg, 189-197
- Ranković M., Dulić-Marković I. 1992. Evaluation of *Prunus spinosa* L. as host of sharka and other viruses. *Acta-Horticulturae* 309, 151-155
- Reynders-Aloisi S., Grellet F. 1994. Characterization of the ribosomal DNA units in two related *Prunus* species (*P. cerasifera* and *P. spinosa*). *Plant Cell Reports* 13, 641-646
- Schmitt S. 2003. Genetische Vielfalt und Vernetzung verschiedener Teilpopulationen von *Coryllus avellana* L. und *Prunus spinosa* L. an Wald- und Wegrändern des Sollings. Dissertation Univ. Göttingen
- Scholz H., Scholz I. 1995. Unterfamilie Prunoideae. In: Hegi G. (ed.) *Illustrierte Flora von Mitteleuropa*, 2. Aufl. Bd. IV, Teil 2B, Lfg. 6 & 7. Blackwell, Berlin, 446-510
- Schubert R., Tietze F., Prasse J. 1991. Wichtige Biogeocoenoseklassen des Festlands Mitteleuropas. In: Schubert R. (Hrsg.) *Lehrbuch der Ökologie*. Gustav Fischer Verlag, Jena
- Yeboah G.K., Woodel S.R., 1987. Flowering phenology, flower colour, and mode of reproduction of *Prunus spinosa* L. (blackthorn); *Crataegus monogyna* Jacq. (hawthorn); *Rosa canina* L. (dog rose); and *Rubus fruticosus* (bramble) in Oxfordshire, England. *Funct. Ecol.* 1, 261-268