

Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn
Landwirtschaftliche Fakultät

The logo consists of the letters 'U', 'S', and 'L' in a stylized, hand-drawn font. The 'U' is green, the 'S' is black, and the 'L' is red. Below the letters are two parallel green diagonal lines.

Lehr- und Forschungsschwerpunkt
„Umweltverträgliche und Standortgerechte Landwirtschaft“

Forschungsbericht

Nr. 114

Morphometrische und molekularbiologische Erfassung und Untersuchung von Wildpflanzenpopulationen in Nordrhein-Westfalen als pflanzengenetische Ressourcen

Verfasser:

Forwick J., Wunder J., Wingender R., Mösele B. M., Schnabl H.

Institut für Landwirtschaftliche Botanik

Herausgeber: Lehr- und Forschungsschwerpunkt „Umweltverträgliche und Standortgerechte Landwirtschaft“, Landwirtschaftliche Fakultät der Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn

Endenicher Allee 15, 53115 Bonn
Tel.: 0228 – 73 2297; Fax.: 0228 – 73 1776
www.usl.uni-bonn.de

Forschungsvorhaben im Auftrag des Ministeriums für Umwelt und Naturschutz, Landwirtschaft und Verbraucherschutz des Landes Nordrhein-Westfalen
Bonn, November 2003

ISSN 1610-2460

Projektleitung: Prof. Dr. H. Schnabl
PD Dr. B. M. Möselers
PD Dr. R. Wingender

Projektbearbeiter: Dipl.-Biol. J. Forwick, Dipl.-Biol. J. Wunder

Institut für Landwirtschaftliche Botanik
Karlrobert-Kreiten Straße 13
53115 Bonn
Tel.: 02 28 / 73 28 30

Zitiervorschlag:

FORWICK J., WUNDER J., WINGENDER R., MÖSELER B. M., SCHNABL H. (2003): Morphometrische und molekularbiologische Erfassung und Untersuchung von Wildpflanzenpopulationen in Nordrhein-Westfalen als pflanzen genetische Ressourcen. Landwirtschaftliche Fakultät der Universität Bonn, Schriftenreihe des Lehr- und Forschungsschwerpunktes USL, 114, 139 Seiten.

Inhaltsverzeichnis

1. Einleitung	1
1.1 Problemstellung/Wissensstand, Zielsetzung	2
1.2 Auswahl der untersuchten Pflanzenarten und Populationen	5
1.2.1 Echter Feldsalat (<i>Valerianella locusta</i> (L.) Laterr.)	7
1.2.2 Kleinfrüchtiger Leindotter (<i>Camelina microcarpa</i> ANDRZ.).....	8
1.2.3 Wiesen-Kümmel (<i>Carum carvi</i> L.).....	10
1.2.4 Hopfen (<i>Humulus lupulus</i> L.)	12
2. Material und Methoden	15
2.1 Material	15
2.1.1 Pflanzenmaterial	15
2.2 Methoden	16
2.2.1 Geländearbeit	16
2.2.2 Morphologisch-biometrische Untersuchungen.....	17
2.2.2.1 Echter Feldsalat (<i>Valerianella locusta</i> (L.) LATERR.)	17
2.2.2.2 Kleinfrüchtiger Leindotter (<i>Camelina microcarpa</i> ANDRZ.)	20
2.2.2.3 Wiesen-Kümmel (<i>Carum carvi</i> L.)	20
2.2.2.4 Hopfen (<i>Humulus lupulus</i> L.).....	23
2.2.3 Molekulargenetische Untersuchungen.....	24
2.2.3.1 Beschaffung, Lagerung und Auswahl des Pflanzenmaterials	24
2.2.3.2 DNA-Präparation.....	25
2.2.3.3 PCR, RAPD-PCR	26
2.2.3.4 Gel-Elektrophorese.....	29
2.2.3.5 Datendokumentation und Verarbeitung	30
2.2.4 Inhaltsstoffanalysen und Infektionstests mit Pathogenen.....	30
2.2.5 Statistische Methoden	31
2.2.5.1 Morphometrische Daten	31
2.2.5.2 Molekulargenetische Daten	32
3. Ergebnisse und Diskussion	36
3.1 Echter Feldsalat (<i>Valerianella locusta</i> (L.) LATERR.)	36
3.1.1 Morphologisch-biometrische Untersuchungen.....	37
3.1.1.1 Differenzierung von Populationen.....	37
3.1.1.2 Geographische Differenzierungen.....	40
3.1.1.3 Standörtliche Differenzierungen.....	41
3.1.1.4 Vergleich von <i>In-situ</i> - und <i>Ex-situ</i> -Material	42
3.1.1.5 Vergleich von Sorten und Wildherkünften.....	43

3.1.2	Molekulargenetische Untersuchungen.....	44
3.1.2.1	Genetische Distanzen, Variabilität	44
3.1.2.2	Ähnlichkeitsanalysen.....	47
3.1.2.3	Differenzierung von Populationen.....	49
3.1.2.4	Geographische / standörtliche Differenzierungen	50
3.1.2.5	Vergleich von Sorten und Wildherkünften.....	52
3.1.3	Infektionstest mit Pathogenen.....	54
3.1.4	Zusammenfassung und Diskussion der Ergebnisse	56
3.2	Kleinfrüchtiger Leindotter (<i>Camelina microcarpa</i> ANDRZ.).....	59
3.3	Wiesen-Kümmel (<i>Carum carvi</i> L.)	60
3.3.1	Morphologisch-biometrische Untersuchungen.....	61
3.3.1.1	Differenzierung von Populationen.....	61
3.3.1.2	Geographische Differenzierungen.....	64
3.3.1.3	Standörtliche Differenzierungen.....	65
3.3.1.4	Vergleich von <i>In-situ</i> - und <i>Ex-situ</i> -Pflanzenmaterial.....	65
3.3.1.5	Vergleich von Sorten und Wildherkünften.....	66
3.3.2	Molekulargenetische Untersuchungen.....	67
3.3.2.1	Genetische Distanzen, Variabilität	67
3.3.2.2	Ähnlichkeitsanalysen.....	68
3.3.2.3	Differenzierung von Populationen.....	71
3.3.2.4	Geographische / standörtliche Differenzierung.....	72
3.3.2.5	Vergleich von Sorten und Wildherkünften.....	73
3.3.3	Inhaltsstoffanalysen und Infektionstests mit Pathogenen.....	76
3.3.4	Zusammenfassung und Diskussion der Ergebnisse	77
3.4	Hopfen (<i>Humulus lupulus</i> L.)	81
3.4.1	Morphologisch-biometrische Untersuchungen.....	82
3.4.1.1	Differenzierung von Populationen.....	83
3.4.1.2	Geographische Differenzierungen.....	86
3.4.1.3	Standörtliche Differenzierungen.....	87
3.4.1.4	Vergleich von <i>In-situ</i> - und <i>Ex-situ</i> -Pflanzenmaterial.....	87
3.4.1.5	Vergleich von Sorten und Wildherkünften.....	88
3.4.2	Molekulargenetische Untersuchungen.....	89
3.4.2.1	Genetische Distanzen, Variabilität	89
3.4.2.2	Ähnlichkeitsanalysen.....	92
3.4.2.3	Differenzierung von Populationen.....	93
3.4.2.4	Geographische / standörtliche Differenzierung.....	96
3.4.2.5	Vergleich von Sorten und Wildherkünften.....	97
3.4.3	Inhaltsstoffanalysen und Infektionstests mit Pathogenen.....	100
3.4.4	Zusammenfassung und Diskussion der Ergebnisse	102
3.5	Konsequenzen für den Naturschutz.....	105
3.6	Konsequenzen für die Züchtung.....	107

4. Zusammenfassung.....	109
5. Schlußfolgerungen für die Umsetzung der Ergebnisse in die Praxis	113
6. Literaturverzeichnis.....	113
7. Anhang	118
8. Konsequenzen für eventuelle weitere Forschungsaktivitäten.....	136
9. Vorträge	136
10. Posterpräsentationen	137
11. Kurzfassung	138

1. Einleitung

Die Begriffe „biologische Vielfalt“ und „pflanzengenetische Ressourcen“ sind in den letzten Jahren verstärkt in den Vordergrund arten- und naturschutzorientierter Diskussionen getreten. Ursache hierfür stellt die anhaltende Abnahme an Arten dar und die dringende Notwendigkeit, ihr entgegenzuwirken. Dabei ist nicht nur ein Verlust an Wildpflanzen festzustellen, deren Biotop in zunehmendem Maße zerstört werden, sondern auch von Kulturpflanzen, deren ursprüngliche Vielfalt in Form alter Sorten und Landrassen einer abnehmenden Zahl hochspezialisierterer und ertragreicherer Hochleistungssorten weichen muß.

Weltweit versucht man dem Verlust an pflanzengenetischen Ressourcen in internationalen Programmen der Organisation für Ernährung und Landwirtschaft der Vereinten Nationen (FAO) sowie der Europäischen Union, aber auch auf nationaler Ebene (Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Erhaltung forstlicher Genressourcen“) entgegenzuwirken. So hat die Vierte Technische Konferenz der FAO 1996 in Leipzig einen Weltaktionsplan (Global Plan of Action) zur Konservierung pflanzengenetischer Ressourcen für kommende Generationen beschlossen (BML mit ZADI 1997).

Eine Möglichkeit für den Erhalt pflanzengenetischer Ressourcen in Form vorhandener Kultursorten, alter Sorten und Landrassen stellt die Einlagerung in Genbanken (*ex situ*) dar. Eine Einbeziehung von Wildpflanzen von aktuellem oder potentiellm Nutzen in dieses Schutzkonzept (vgl. SCHLOSSER et al. 1991) ist jedoch in größerem Umfang schon aufgrund der damit verbundenen Kosten unmöglich. Auf diese Weise können allenfalls einige ausgewählte Individuen einiger weniger Pflanzenarten, deren zukünftige Bedeutung bereits heute absehbar ist, konserviert werden.

Eine dauerhafte Erhaltung auch potentiell nutzbarer Sippen sowie ihrer innerartlichen Vielfalt ermöglicht allein die *In-situ*-Erhaltung. Nur sie gewährleistet zudem eine Teilnahme der Pflanzen an der evolutionären Entwicklung und damit die Möglichkeit, auf sich ändernde Umweltbedingungen entsprechend zu reagieren. Eine Sicherstellung der Variabilität der Arten ist daher die Voraussetzung für funktionierende und stabile Ökosysteme. Im Gegensatz zur *Ex-situ*-Erhaltung erhält die *In-situ*-Erhaltung somit einen dynamischen, d. h. sich fortentwickelnden Genpool.

1.1 Problemstellung / Wissensstand, Zielsetzung

Problemstellung / Wissensstand

Die biologische Vielfalt umfaßt einen Komplex mehrerer Betrachtungsebenen: Die größte räumliche Ebene stellt die Vielfalt von Ökosystemen und Lebensräumen dar, ihr folgt die Vielfalt verschiedener Arten und schließlich – die Ebene der kleinsten Strukturen und Grundlage für die übrigen – die genetische Vielfalt innerhalb einer Art, die der Populationen (BfN 1997).

Die innerartliche (intraspezifische) Diversität ist von entscheidender Bedeutung für den Fortbestand einer Art, da es den Individuen nur durch vielfältige Ausprägungen von Eigenschaften möglich ist, auf Umweltveränderungen zu reagieren. Für den Menschen von Bedeutung ist zudem die Vielfalt innerhalb solcher Arten, die natürliche Vorkommen aktuell genutzter oder potentiell nutzbarer Pflanzen darstellen. Die Wildpflanzen stellen hier ein wichtiges Reservoir an Eigenschaften dar (genetische Ressourcen), die den Kulturlinien oftmals durch die züchterische Bearbeitung verlorengegangen sind. Häufig trifft dies für Resistenzen gegenüber Krankheitserregern zu, die z. B. gegen Pflanzenschutzmittel resistent geworden sind. Auch für die Optimierung von Inhaltsstoffen sind oftmals die bereits vorhandenen Zuchtstämme nicht mehr geeignet.

Um Aussagen darüber treffen zu können, in welchem Maße Variabilität vorhanden ist und wie sie sich gliedert, sind einerseits morphologische Untersuchungen zur unterschiedlichen Ausprägung arttypischer Merkmale notwendig, andererseits muß auch die Vielfalt der Arten auf der genetischen Ebene ermittelt werden. Eine weitere Dimension stellt die Prüfung der natürlichen Vorkommen von Nutzpflanzen und deren nahe Verwandte auf Inhaltsstoffe sowie ihre Reaktion gegenüber Pathogenen dar. Die Ergebnisse derartiger Untersuchungen, zusammen mit einer ausführlichen Standortdokumentation, ergeben letztlich ein umfassendes Bild der intraspezifischen Variabilität der betreffenden Arten und lassen Schlüsse über ihre räumliche wie standörtliche Differenzierung sowie ihre Bedeutung als genetische Ressourcen zu.

Ein methodisches Konzept zur Durchführung derartiger Untersuchungen existiert bislang jedoch nicht. Molekulargenetische Untersuchungen wurden bisher fast ausschließlich an in Nutzung befindlichen Kulturpflanzen sowie an lokalen Sorten und alten Landrassen durchgeführt. Untersuchungen von natürlichen Populationen beziehen sich i. d. R. auf seltene Arten und geographisch isolierte Vorkommen. Beispiele für Studien zur Diversität von Wildpflanzen sind z. B. KLEIN (1986), BEGEMANN (1988), LEONARDS & MÜLLER (1990), ZEIDLER et al. (1994), OETMANN (1994), FISCHER & MATTHIES (1998) und AYRES, D.R. & F.J. RYAN (1999). Untersuchungen von natürlichen Populationen häufiger Arten, die neben

der genetischen auch die morphologische Ebene erfassen und hierbei auch für die Züchtung relevante Merkmale berücksichtigen, fehlen bislang weitgehend.

Zielsetzung

Die Forschungsprojekte GS 33042 und GS 33080 sollten als Pilotstudie verschiedene Wildherkünfte ausgewählter Pflanzenarten in Nordrhein-Westfalen mit Hilfe morphologischer und molekulargenetischer Methoden charakterisieren. Der Schwerpunkt des ersten Projektes bestand darin festzustellen, inwieweit unterhalb des Art-niveaus Diversität feststellbar ist. Schwerpunkt des zweiten Projektes war ein direkter Vergleich zwischen den Wildpflanzen und ihren derzeit genutzten Kulturformen. Zudem wurden Analysen von Inhaltsstoffen durchgeführt und die Reaktion der Pflanzen gegenüber Pathogenen geprüft. Hierzu bestand eine enge Zusammenarbeit mit spezialisierten Züchtern. Die Beurteilung der ermittelten Diversität verfolgte zum einen das Ziel, eine Grundlage für die Erarbeitung von Naturschutzprogrammen bereitzustellen, die den Schutz der biologischen Vielfalt vorsehen, d. h. über den Schutz einzelner gefährdeter Arten oder Biotoptypen hinausgehen. Zum anderen sollte Züchtern ein gezielter Zugriff auf umfassend charakterisiertes Wildmaterial mit interessanten Eigenschaften ermöglicht werden.

Das Konzept der Forschungsprojekte orientierte sich an den folgenden Aufgaben bzw. Fragen – die mit * gekennzeichneten Absätze wurden im Projekt GS 33080 bearbeitet:

Dokumentation des Standortes (incl. populationsbiologische Erhebungen):

- Genaue Lokalisation und Beschreibung der Wuchsorte
- Floristisch-vegetationskundliche Untersuchungen
- Erfassung populationsbiologischer Merkmale
- Erfassung verschiedener standörtlicher Parameter

Wie breit ist die morphologische Variabilität der ausgewählten Pflanzen?

- Biometrische Untersuchungen der Pflanzen verschiedener Herkünfte
- Phänologische Beobachtungen
- Statistische Auswertung der Ergebnisse

Wie breit ist die genetische Variabilität der ausgewählten Pflanzen?

- RAPD-PCR-Analyse
- Bestimmung genetischer Distanzen
- Statistische Analyse der RAPD-Bandenmuster

Lassen sich Korrelationen zwischen morphologischen, molekulargenetischen, standörtlichen und geographischen Daten erkennen?

- morphologisch – molekulargenetisch
- morphologisch – geographisch bzw. standörtlich
- molekulargenetisch – geographisch bzw. standörtlich

Besteht ein Zusammenhang zwischen der Variabilität von Populationen und ihrer Herkunft von bestimmten Standorten?*

- Vergleich von morphologischer Variabilität
- Vergleich von molekulargenetischer Variabilität

Wie unterscheiden sich die untersuchten Wildvorkommen von den jeweiligen Kultursorten?*

- Morphologische Gegenüberstellung
- Molekularbiologische Vergleiche
- Vergleiche von Inhaltsstoffen
- Reaktionen gegenüber Infektion mit Pathogenen

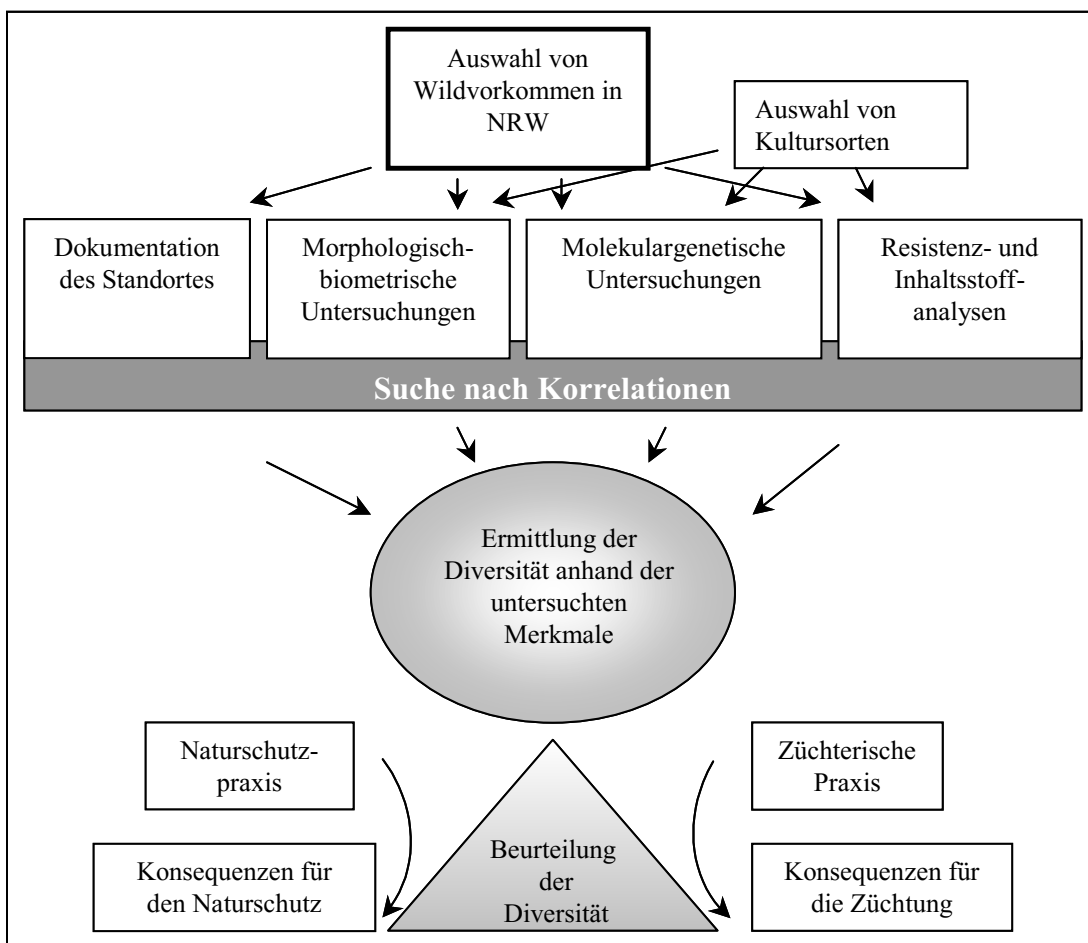


Abb. 1.2-1 Konzept zur Untersuchung der Diversität von Wildpopulationen

Welche Anwendungsmöglichkeiten für die Praxis eröffnen sich aus den Ergebnissen der Untersuchungen?

- Konsequenzen für den Naturschutz
- Konsequenzen für die Züchtung.

1.2 Auswahl der untersuchten Pflanzenarten und Populationen

Für das vorliegende Forschungsprojekt wurden die vier in Tab. 1.2-1 aufgelisteten und im folgenden charakterisierten Pflanzenarten ausgewählt.

Art	Nutzung	Lebensform	Vermehrungs- biologie	Wuchsorte
Wiesen-Kümmel <i>Carum carvi</i>	Gewürz Gemüse Arzneimittel	Hemikryptophyt zweijährig krautig	Fremdbefruchtung (Insekten)	Wiesen Wegränder Weiden Grasplätze
Kleinfrüchtiger Leindotter <i>Camelina microcarpa</i>	Öl	Therophyt winterannuell krautig	Selbstbefruchtung Fremdbefruchtung (Insekten)	Ackerränder Böschungen ruderales Flächen
Echter Feldsalat <i>Valerianella locusta</i>	Salat	Therophyt winterannuell krautig	Selbstbefruchtung	Ackerränder Weideränder Böschungen Grasplätze
Hopfen <i>Humulus lupulus</i>	Aromastoffe Arzneimittel Gemüse Fasern	Hemikryptophyt ausdauernd verholzend	Fremdbefruchtung (Wind)	Auwälder Auwaldränder Gebüsche ruderales Flächen

Tab. 1.2-1 Übersicht über die Eigenschaften der ausgewählten Pflanzenarten

Alle vier Arten weisen natürliche Vorkommen in unterschiedlichen Lebensräumen im Untersuchungsgebiet auf und sind von aktuellem oder prospektiven Nutzwert. Während Hopfen eine im Gebiet relativ häufig vorkommende Pflanze ist, beschränkt sich der Kleinfrüchtige Leindotter auf wenige isolierte Vorkommen. Wiesen-Kümmel und Echter Feldsalat sind in den verschiedenen Regionen Nordrhein-Westfalens mit unterschiedlicher Häufigkeit zu finden. Die vier Arten unterscheiden sich desweiteren hinsichtlich ihrer Biologie voneinander, und zwar zum einen in ihrer Lebensform, zum anderen bezüglich ihrer Fortpflanzung (Selbstbefruchtung oder Fremdbefruchtung). Keine der Arten wächst klonal.

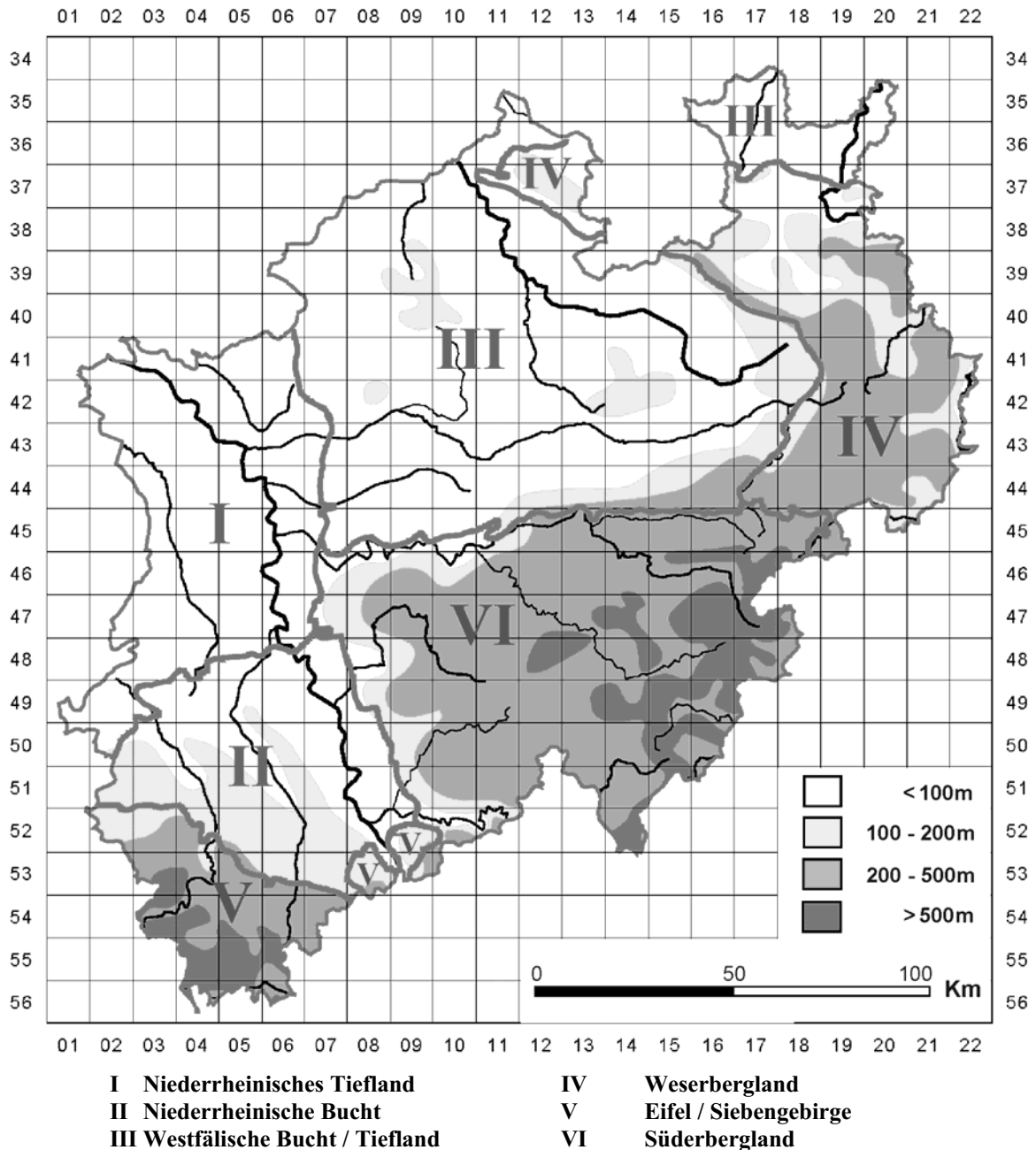


Abb. 1.2-2 Die Großlandschaften Nordrhein-Westfalens (nach DINTER 1986)

Um eine große Variabilität der von jeder der vier Pflanzenarten untersuchten Populationen zu erfassen, wurden diese nach den folgenden Kriterien ausgewählt.

- Lage in verschiedenen Großlandschaften Nordrhein-Westfalens (Niederrheinisches Tiefland, Niederrheinische Bucht, Westfälische Bucht mit Westfälischem Tiefland, Weserbergland, Eifel/Siebengebirge und Süderbergland; vgl. Abb. 1.2-2)
- Vorkommen auf unterschiedlichem geologischen Untergrund (Kalk, Silikat, etc.)
- Vorkommen in verschiedenen Höhenlagen.

Zur Erfassung eines artspezifisch variierendes, möglichst breiten standörtlichen Spektrums, wurde außerdem unterschieden zwischen

- Natürlichen Vorkommen
- Vorkommen auf Sekundärstandorten
- Ruderalen Vorkommen

1.2.1 Echter Feldsalat (*Valerianella locusta* (L.) LATERR.)

Die Gattung *Valerianella* aus der Familie Valerianaceae (Baldriangewächse) umfaßt etwa 50 Arten, deren Hauptverbreitungsgebiet der Mittelmeerraum ist. Einige Arten sind in nördlicheren Breiten zu finden, darunter in Mitteleuropa die, die sich v. a. als Kulturbegleiter (Agriophyten) etablieren konnten. Ob auch natürliche Vorkommen des Feldsalats in der ursprünglichen Vegetation Nordeuropas vorkommen, ist unsicher. (HEGI 1970).

Für Deutschland werden von OBERDORFER (1994) sieben *Valerianella*-Arten angegeben, HEGI (1970) erwähnt noch drei weitere, deren Vorkommen allerdings unbeständig oder heute im Gebiet nicht mehr nachweisbar sind. Ferner sind verwilderte Vorkommen von Kultursorten zu nennen.

In Nordrhein-Westfalen kommen aus der Gattung *Valerianella* vier Sippen beständig vor:

<i>Valerianella locusta</i> (L.) LATERR. (Echter Feldsalat)	–	derzeit im Gebiet nicht gefährdet
<i>Valerianella carinata</i> LOISEL. (Gekielter Feldsalat)	–	Gefährdungsgrad 2
<i>Valerianella dentata</i> (L.) POLL. (Gezählter Feldsalat)	–	derzeit im Gebiet nicht gefährdet
<i>Valerianella rimosa</i> BAST. (Gefurchter Feldsalat)	–	Gefährdungsgrad 2.

Alle Arten der Gattung *Valerianella* sind Kräuter mit einjährigem Lebenszyklus. Bei *Valerianella locusta* keimen die Samen im Herbst aus. Die Jungpflanzen überdauern den Winter in einem rosettenähnlichen Stadium, das durch Stauchung der Internodien und somit durch mehr oder weniger dicht gedrängte Blattwirtel zustande kommt. Im Frühjahr kommt es zur Ausbildung eines mehrfach gabelig verzweigten Sprosses, der im April/Mai mit einer Vielzahl kleiner, meist hellblauer Blüten abschließt. In der Regel erfolgt eine Selbstbestäubung der Blüten, doch kann auch Fremdbestäubung nicht ausgeschlossen werden, da gelegentlich Insekten, v. a. kleine Fliegen, die Blüten besuchen und den spärlich vorhandenen Nektar aufnehmen (HEGI 1970). Die Früchte reifen im Mai/Juni. Sie werden in erster Linie durch den Wind (Anemochorie), seltener durch Regenwasser verbreitet. Auch die Verbreitung durch den Menschen (Anthropochorie) spielt eine nicht unbedeutende Rolle, die sich in der Vielfalt der Wuchsorte des Feldsalats (s. u.) widerspiegelt. Die Chromosomenzahl beträgt nach OBERDORFER (1994) $2n = 14, 16$ oder 34 .

Die Vorkommen von *Valerianella locusta* umfassen eine Reihe verschiedener Biotoptypen. Neben Äckern und Ackerrändern (vorwiegend Getreidefelder) ist der Echte Feldsalat – je nach Region – recht häufig an Straßenböschungen und Wegrändern zu finden, kommt gelegentlich an Bahndämmen und Schuttstellen vor, besiedelt aber auch Brachäcker, Weinberge und Grasplätze. Diesen vielfältigen Standorten ist ein meist frischer bis mäßig frischer, nährstoff- und basenreicher, sandiger bis reiner Lehmboden gemein (HEGI 1970). Sollte *Valerianella locusta* auch ursprünglich und nicht ausschließlich als Kulturbegleiter im Gebiet vorkommen, so stellen möglicherweise Sand- und Steingrusbereiche ihre ursprünglichen Standorte dar. Demzufolge unterscheidet OBERDORFER (1994) bei der pflanzensoziologischen Einordnung des Echten Feldsalates zwischen primären und sekundären Vorkommen und weist die Art primär als Sedo-Scleranthetea-Klassencharakterart aus. Diese Klasse faßt Mauerpfeffer-Triften, Sandrasen und Felsbandgesellschaften zusammen. Sekundär nennt er lediglich Vorkommen in Polygono-Chenopodietalia- (Knöterich-Gänsefuß-, d. h. Hackfrucht-Unkraut-) sowie Secalietea- (Getreide-Unkraut-) Gesellschaften, ohne einen soziologischen Rang zu bezeichnen.

Die Nutzung des Feldsalates beschränkt sich auf die Rosetten. Je nach Aussaatzeitpunkt findet die Ernte des Feldsalats von Oktober bis März statt. Durch den Anbau unter Glas ist er inzwischen jedoch fast das gesamte Jahr über im Handel erhältlich. Alle Kultursorten – vorwiegend französische, holländische oder deutsche Züchtungen – lassen sich auf *Valerianella locusta* und möglicherweise auf *V. eriocarpa* zurückführen (INTERNATIONALER VERBAND ZUM SCHUTZ VON PFLANZENZÜCHTUNGEN, 1980, unveröff.).

1.2.2 Kleinfrüchtiger Leindotter (*Camelina microcarpa*)

Die taxonomische Untergliederung der Gattung *Camelina* (Familie Brassicaceae, Kreuzblütler) ist in der Literatur uneinheitlich. Strittig ist, ob einzelne Sippen eigene Arten oder lediglich Unterarten einer übergeordneten Sippe darstellen. Nach MIREK (1980) beispielsweise setzt sich die Gattung aus 8 Arten zusammen, unter anderen aus:

Camelina microcarpa ANDRZ. (Kleinfrüchtiger Leindotter) mit den Subspezies *microcarpa* und *sylvestris* (WALLR.) HIIT., *Camelina sativa* (L.) CRANTZ (Saat- Leindotter) und *Camelina alyssum* (MILL.) THELL. (Gezählter Leindotter).

In anderen Florenwerken (z. B. CONERT et al. 1986) werden lediglich zwei eigenständige Arten unterschieden, *Camelina rumelica* und *C. sativa* agg., von denen für letztere vier Unterarten angegeben werden, und zwar die Subspezies *microcarpa*, *pilosa*, *alyssum* und *sativa*.

Der hier untersuchte Kleinfrüchtige Leindotter (*C. microcarpa*) wird somit entweder – wie auch in vorliegender Arbeit – als eigene Art, häufig aber auch als Unterart von *C. sativa* aufgefaßt.

Die Vorkommen der angegebenen Arten gehören in Deutschland nicht zur ursprünglichen Vegetation, sondern sind sekundär, d. h. als Agriophyten hierher gelangt und heute über die ursprünglichen Verbreitungsgebiete hinaus verbreitet. Alle Arten sind im Gebiet selten oder bereits wieder ausgestorben. In Nordrhein-Westfalen wird *Camelina microcarpa* mit 2 (stark gefährdet) eingestuft und kommt in zwei Großlandschaften Nordrhein-Westfalens nicht vor (WOLFF-STRAUB et al. 1988). Im Süderbergland ist sie ausgestorben, im Niederrheinischen Tiefland sowie im Weserbergland vom Aussterben bedroht (Kategorie 1) und in der Großlandschaft Eifel / Siebengebirge stark gefährdet (Kategorie 2).

Somit sind nach der Florenkarte für Nordrhein-Westfalen zwei isolierte Vorkommen zu erkennen, das eine in der Eifel, das andere im Warburger Raum (vgl. Abb. 3.2-1).

Alle Arten der Gattung *Camelina* sind einjährig, *Camelina microcarpa* i. d. R. winterannuell. Nach der Ausbildung zahlreicher, meist ganzrandiger Grundblätter wächst der aufrechte Stengel bis etwa 30 bis 60 cm empor. Die Stengelblätter sind leicht geöhrt und meist wie der Sproß dicht mit verzweigten und unverzweigten Haaren besetzt. Etwa im Mai kommt es zur Ausbildung eines traubig verzweigten Blütenstandes, dessen kleine, hellgelbe Blüten sich apikalwärts öffnen. Bereits am ersten Tag des Aufblühens, spätestens aber innerhalb von zwei bis drei Tagen werden die Blüten durch den Pollen der eigenen Staubgefäße bestäubt, bevor sie verwelken (CONERT et al. 1986). Fremdbestäubung ist jedoch nicht auszuschließen (HACKBARTH 1944). Nach der Befruchtung reifen kleine, birnenförmige Schötchen heran. Zur Samenreife (Juni / Juli) öffnen sich die zwei Schötchenklappen und entlassen bis zu 30 sehr kleine, rötliche Samen (MIREK 1981). Die Chromosomenzahl beträgt $2n = 40$ (DARLINGTON & WYLIE 1955).

Als ursprünglich in den osteuropäischen bis südwestasiatischen Steppen verbreitete und schließlich als Kulturbegleiter in Mitteleuropa etablierte Art besiedelt *Camelina microcarpa* vorzugsweise sommerwarme und somit trockene Standorte, so vor allem nährstoff- und basenreiche, lockere Lehm- und Lößböden. Sie kommt – insgesamt eher selten – in Ackerunkrautfluren, früher meist auf Lein-, heute vorwiegend auf Wintergetreidefeldern vor. Gelegentlich besiedelt der Leindotter auch ruderale Flächen oder Straßenböschungen.

Pflanzensoziologisch wird *Camelina microcarpa* nach CONERT et al. (1986) als *Centauretalia cyani*- (Kornblumenäcker) Ordnungskennart geführt, OBERDORFER (1994) dagegen stuft sie als Charakterart der *Secalietea* ein, d. h. in die übergeordnete Klasse der Getreideunkraut-Gesellschaften, die neben der oben genannten Ordnung *Centauretalia cyani* auch die Leinäcker (*Lolio remotae*-*Linetalia*) umfaßt.

Der Leindotter (*Camelina sativa*) ist eine alte Kulturpflanze, deren Entwicklung, Ausbreitung und Kultivierung sich von der ursprünglich als Getreideunkraut in Leinfeldern vorkommenden Stammform *Camelina microcarpa* ableiten läßt. Aus dieser seit der Jungsteinzeit als Kulturbegleiter im nördlichen Mitteleuropa nachgewiesenen Art entwickelte sich durch unge-

wollte Selektion infolge von Saatgutreinigung die großsamige Art *Camelina sativa*. Diese wurde schließlich aufgrund des Ölgehaltes in den Samen als eigenständige Kulturpflanze angebaut. Bis zum Mittelalter wurde sie großflächig kultiviert, wurde dann jedoch durch den Anbau anderer Ölpflanzen abgelöst (KNÖRZER 1978).

Derzeit ist der Leindotter als Nutzpflanze von geringer Bedeutung. *Camelina sativa* wird nach FRANKE (1997) in Belgien, Holland, Russland und den USA angebaut. Seine kommerzielle Bedeutung liegt in den ölhaltigen Samen (Ölgehalt 27-31 %), deren Öl zwar als Speiseöl verwendet werden kann, in erster Linie jedoch zu Schmierseifen oder Firnis verarbeitet wird (KÖRBER-GROHNE 1988). Nach CONERT et al. (1986) wurde Leindotter bei Augenentzündungen als Heilkraut verwendet. Desweiteren finden Preßkuchen der Leindottersamen als Viehfutter Verwendung.

Die aktuelle Bedeutung des Leindotters liegt in der potentiellen Kultivierbarkeit als zukünftige Ölpflanze für den industriellen Einsatz. (vgl. RADATZ & HONDELMANN 1981).

1.2.3 Wiesen-Kümmel (*Carum carvi* L.)

Die Familie der Doldenblütler (Apiaceae) umfaßt insgesamt über 300 Gattungen mit etwa 2500 bis 3000 Arten bei nahezu weltweiter Verbreitung (HEYWOOD 1982).

Die Gattung *Carum* umfaßt nach DRUDE in HEGI (1926) etwa 25 europäische Arten, bei TUTIN et al. (1968) werden hingegen nur fünf Arten aufgeführt, von denen drei im östlichen Mittelmeerraum verbreitet sind. Im westlichen und nördlichen Europa kommen schließlich nur noch zwei Arten vor:

Carum carvi (Wiesen-Kümmel) und *Carum verticillatum* (L.) KOCH (Stern-Kümmel).

Das Areal des Wiesen-Kümmels (*Carum carvi*) reicht nach Süden bis ins nördliche Spanien und Italien, nach Osten über den Balkan bis Sibirien und zum Himalaya. Weitere Vorkommen, z. B. aus Nordamerika und Neuseeland, sind nach HEGI (1926) nicht mit Sicherheit zum ursprünglichen Verbreitungsgebiet zu rechnen. Dort sind verwilderte Vorkommen der Kulturpflanzen nicht auszuschließen.

In Nordrhein-Westfalen ist die Art nicht gleichmäßig über das Gebiet verbreitet. Typischerweise ist Kümmel in den Höhenlagen häufiger zu finden als in den Niederungen, so daß das Verbreitungsmuster von der Eifel über das Sauerland zum Weserbergland etwas dichter ausgeprägt ist als über den westfälischen und niederrheinischen Raum (vgl. Abb. 3.3-1). Dieses Muster spiegelt sich auch in seinem Gefährdungsgrad wider: In den drei erwähnten Großlandschaften Eifel/Siebengebirge, Süderbergland und Weserbergland liegt für *Carum carvi* derzeit keine Gefährdung vor. Für das Niederrheinische Tiefland sowie für die Westfälische Bucht (mit Westfälischem Tiefland) ist er dagegen mit der Gefährdungskategorie 3 in der Roten Liste Nordrhein-Westfalens ausgewiesen, in der Niederrheinischen Bucht ist er verschollen oder ausgestorben (Kategorie 0).

Im gesamten Land Nordrhein-Westfalen zählt der Wiesen-Kümmel somit trotz stellenweise recht häufiger Vorkommen zu den gefährdeten Arten (alle Angaben aus WOLFF-STRAUB et al. 1988).

Der Wiesen-Kümmel (*Carum carvi*) ist eine zweijährige, krautige Pflanze. Nachdem im ersten Jahr Blattrosetten ausgebildet werden, kommt es im zweiten Jahr zur Ausbildung eines Sprosses, der nach der Blüte- und Fruchtzeit abstirbt.

Die Laubblätter des Kümmels sind zwei- bis dreifach fiederteilig. Charakteristisch ist die Stellung der untersten Fiederpaare der Abschnitte zweiter Ordnung, welche bis an die Hauptspindel herabgerückt sind und sich dort nahezu kreuzweise gegenüberstehen.

Der Sproß ist meist mehrfach verzweigt und erreicht eine Höhe bis zu etwa 1 m. Etwa im Mai beginnen die Pflanzen zu blühen. Die kleinen, weißen bis rötlichen, teils zwittrigen, teils männlichen Einzelblüten sind dabei zu sog. Döldchen vereinigt, die ihrerseits wiederum zu jeweils 8 bis 16 über Strahlen zu einer Dolde zusammengefaßt sind. Die den Hauptsproß abschließende Dolde wird als Dolde 1. Ordnung (auch Primärdolde), die nach der nächsten Verzweigung folgende als Dolde zweiter Ordnung u. s. w. bezeichnet. Durch den somit aus verschiedenen „Etagen“ aufgebauten Sproß ergibt sich eine innerhalb eines einzigen Individuums kontinuierlich von unten nach oben verlaufende Blühabfolge. Sind die Dolden niederer Ordnung bereits verblüht, so befinden sich die Dolden höherer Ordnung sowie die der Seitensprosse z. T. noch im Knospenstadium. Dieses Phänomen trägt zu einer insgesamt relativ langen Blühdauer bei.

Die Einzelblüten des Kümmels sind sich etwa 1,5 mm groß, wobei Blüten am Rande der Döldchen etwas größer sind als solche im Inneren. Die Bestäubung der Blüten erfolgt in der Regel durch Insekten (Zoogamie). Selbstbefruchtung kann aufgrund ausgeprägter Proterandrie ausgeschlossen werden (HEEGER 1956). Nach der Befruchtung wachsen etwa 4-5 mm lange, leicht gekrümmte Früchte heran, von denen jeweils zwei über einen Karpophor zu einer Doppelachäne verbunden sind. Sie enthalten je einen Samen und zerfallen bei der Reife (Juli/August) in zwei Teilfrüchte. Äußerlich erkennbar sind fünf längs verlaufende, hellbraune Rippen. Zwischen diesen Längsrippen befinden sich Ölstriemen, welche die für den charakteristischen Kümmelgeruch verantwortlichen ätherischen Öle bergen. Die Verbreitung der Früchte erfolgt zufällig, gelegentlich auch durch Huftiere (DÜLL & KUTZELNIGG 1994).

Der Wiesen-Kümmel ist eine – unter Berücksichtigung regionaler Unterschiede, vgl. Abb. 3.3-1, relativ häufig in Wiesen vorkommende Pflanze und ist überwiegend in frischen, nährstoff- und basenreichen, aber auch in mageren Beständen enthalten. Er besiedelt ferner Weiden sowie Wegränder und Grasplätze und ist in den Alpen häufig in der Umgebung von Sennhütten zu finden. Ursprüngliche Wuchsorte dürften nach HEGI (1926) allerdings die Fluß- und Seemarschen sein.

Pflanzensoziologisch wird der Wiesen-Kümmel als Charakterart der Arrhenatheretalia ausgewiesen (OBERDORFER 1993). Diese Ordnung umfaßt sowohl die Verbände der Tal- bzw. Gebirgs-Fettwiesen als auch die der Fettweiden und alpinen Milchkrautweiden.

Kümmel findet als Nutzpflanze äußerst vielfältige Verwendung. In erster Linie ist er jedoch als Gewürzpflanze von kommerziellem Nutzen (FRANKE 1997).

Weitere Verwendung finden die rübenartigen Wurzeln der Kümmelpflanzen, die als Gemüse zubereitet werden können, sowie die jungen, als Salat genießbaren Blätter. Desweiteren dient Kümmel als Futterpflanze mittleren Futterwertes und als Bienenfutter. Das destillierte Kümmelöl wird in der Branntwein- und Likörfabrikation zur Herstellung von Kümmelschnaps oder –likör eingesetzt. Schließlich dienen die ätherischen Öle der Parfümierung beispielsweise von Seifen. Zudem wird ihnen auch eine beträchtliche fungizide Wirkung zugeschrieben. Von weiterer kommerzieller Bedeutung sind die Früchte als Bestandteile von Arzneimitteln (HEGI 1926, SIEWEK 1990).

Die wichtigsten Anbaugelände liegen derzeit in Mittel- und Osteuropa (Niederlande, Polen, Dänemark, Ungarn, Tschechien) sowie in Ägypten und der Türkei. Ideal geeignet scheinen die küstennahen Böden in Nähe der Nordsee zu sein (SIEWEK 1990, HEEGER 1956).

1.2.4 Hopfen (*Humulus lupulus* L.)

In der Familie der Hanfgewächse (Cannabaceae) werden die beiden Gattungen *Humulus* und *Cannabis* zusammengefaßt (HEGI 1981). Die Gattung *Humulus* besteht aus den beiden rezent vorkommenden Arten *Humulus lupulus* (Hopfen) und dem in Südostasien heimischen und überwiegend als Zierpflanze genutzten Japanischen Hopfen (*Humulus japonicus*). Bei einer dritten, von NEVE (1991) erwähnten Art – *Humulus yunnanensis* – handelt es sich um eine ausschließlich als Herbarmaterial vorliegende Pflanze ohne aktuelle Vorkommen.

Hopfen (*Humulus lupulus*) ist eine nordhemisphärisch verbreitete Art, deren Vorkommen zirkumpolar zwischen dem 35. und 70. Breitengrad liegen. Als ursprüngliches Areal ist jedoch lediglich der südeuropäische bis westasiatische Raum mit Sicherheit nachweisbar (HEGI 1981), während in den übrigen Gebieten infolge der inzwischen weltweiten Nutzung des Hopfens (s. u.) und der daraus resultierenden Ausbreitung Angaben zu natürlichen Vorkommen unsicher erscheinen.

In Deutschland ist Hopfen von der Ebene bis in die mittlere montane Lage zu finden. In den Verbreitungskarten nach SCHUMACHER et al. (1996) und JAGEL & HÄUPLER (1995) ist die weite Verbreitung im Gebiet zu erkennen (vgl. Abb. 3.4-1).

Hopfen ist im Bundesgebiet wie in den einzelnen Bundesländern derzeit nicht gefährdet (WOLFF-STRAUB et al. 1988).

Humulus lupulus ist eine Windestaude, deren oberirdische Sprosse jährlich im Herbst absterben, während das unterirdische Rhizom den Winter überdauert und im Frühjahr bis zu 30

neue Triebe hervorbringt. Die mit Widerhaken besetzten Stengel wachsen zunächst gerade aufwärts und winden sich bei Berührung einer geeigneten Stütze im Uhrzeigersinn um diese herum. Die kräftigen Haupttriebe des Wildhopfens erreichen auf diese Weise eine Höhe von 3 bis 6 m (HEGI 1981). Der an Gerüsten gezogene Kulturhopfen wächst dagegen auf eine Höhe von etwa 12 m empor. Durch die Ausbildung von Seitentrieben, die ähnliche Durchmesser wie die Haupttriebe erreichen und sich ihrerseits wiederum verzweigen können, sind Wildhopfenpflanzen in der Regel durch sehr unübersichtlichen Wuchs gekennzeichnet: Haupt- und Seitentriebe sind oft umeinander gewunden und daher oft nicht mehr voneinander zu unterscheiden.

Die gegenständigen Blätter weisen je nach Lichtverhältnissen und Entwicklungsstadium unterschiedliche Formen auf. Ausgewachsene Blätter sind durch eine vorwiegend 3-, oder 5-, seltener 7-lappige Blattspreite gekennzeichnet. Häufig findet man auch 2-, 4- oder 6-teilige Blätter, und in Einzelfällen kann auch der mittlere Blattabschnitt nochmals dreigeteilt sein. Blätter an blühenden Trieben sind meist herzförmig und ungeteilt, und auch die sogenannten Schattenblätter sind in der Regel noch im ausgewachsenen Stadium ungeteilt und zeichnen sich durch überdurchschnittliche Größen aus. Allen Blättern gemein ist zum einen ein grob gezählter Blattrand, der ebenfalls je nach Blattalter und Lichteinfluß variiert, sowie eine rauhe, borstig behaarte Oberfläche.

Hopfenpflanzen sind in aller Regel zweihäusig, doch gelegentlich kommen auch einhäusige Pflanzen vor. Die männlichen Blüten sind klein und unscheinbar. Sie wachsen in lockeren Rispen und setzen zur Blütezeit im Juli bis August reichlich Pollen frei, der durch den Wind verbreitet wird (Anemogamie).

Die weiblichen Blüten blühen ebenfalls im August. Sie sind zu kompliziert aufgebauten Blütenständen zusammengefaßt und wachsen im Verlauf der Blütezeit zu den Hopfenzapfen, von Züchtern und Pflanzern meist Dolden genannt, heran. In den Deck- und Vorblättern befinden sich Lupulindrüsen, deren Inhaltsstoffe v. a. als Aromalieferanten für die Bierproduktion von Bedeutung sind. Nach erfolgter Befruchtung vergrößern sich die Spindel sowie die mit ihr verwachsenen Trag- und Vorblätter. Die Früchte, einsamige Nüßchen, lösen sich im reifen Zustand mitsamt den Vorblättern von der Spindel ab und werden auf diese Weise durch den Wind verbreitet (Anomochorie).

Die Chromosomenzahl beträgt nach DARLINGTON & WYLIE (1955) $2n = 16 + X_1X_2Y_1Y_2$ für männliche und $2n = 16 + X_1X_2X_1X_2$ für weibliche Hopfenpflanzen.

Wilder Hopfen bevorzugt feuchte bis nasse, auch zeitweise überschwemmte Standorte mit guter Nährstoffversorgung. Er ist somit häufig in Auwäldern oder an Auwaldrändern vertreten sowie an Gebüschsäumen in Auenlandschaften. Ebenso besiedelt er ruderale Gebüschbestände oder ist zuweilen in Heckensäumen an Bahndämmen enthalten.

Pflanzensoziologisch wird Hopfen nach OBERDORFER (1992) als *Prunetalia spinosae*-Ordnungscharakterart (Hecken und Gebüsch, Schlehengesellschaften) eingestuft und ist nach HEGI (1981) zugleich bezeichnend für alle europäischen Auenwälder. MÜLLER (1974) und ZAHLHEIMER (1979) weisen aufgrund des Vorkommens dominierender Hopfenbestände an Oberrhein und Neckar eine eigene Gesellschaft, die *Humulus lupulus-Sambucus nigra*-Gesellschaft aus.

Die wichtigste kommerzielle Nutzung des Hopfens besteht in der Verwendung der weiblichen Blütenstände als Aromalieferanten des Bieres. Die in Drüsen an Deck- und Vorblättern befindlichen Harze setzen sich vorwiegend aus den Bittersäuren Humulon und Lupulon zusammen, welche für den bitteren Geschmack des Bieres verantwortlich sind. Sie besitzen zugleich antiseptische und konservierende Eigenschaften.

Für den Anbau werden folglich nur weibliche Hopfenpflanzen verwendet, die von August bis September geerntet werden und deren Zapfen nach Trocknung in den Brauprozess einfließen. Eine Befruchtung der weiblichen Blüten ist unter den kommerziellen Hopfensorten nicht erwünscht, da sich nach Befruchtung der Gehalt an Inhaltsstoffen verringert und außerdem der Fruchtansatz bei der Weiterverarbeitung der Blütenstände hinderlich ist. Zur Vermeidung derartiger Qualitätssenkungen wird deshalb in der Umgebung der Hopfenanbaugebiete wachsender männlicher Hopfen im Umkreis von etwa 1 km konsequent entfernt.

Neben der wichtigsten Nutzung des Hopfens bei der Bierproduktion findet Hopfen noch durch weitere Eigenschaften Verwendung: Eßbar sind die jungen Sproßspitzen, die als sog. Hopfenspargel genießbar sind. Desweiteren wird ihm beruhigende und gar mild hypnotische Wirkung zugesprochen (Schlafkissen, Beruhigungstee; BIANCHINI 1978). Die faserreichen Sprosse des Hopfens sind für die Herstellung von Stricken, Matten u. ä. einsetzbar (FRANKE 1997).

2. Material und Methoden

2.1 Material

2.1.1 Pflanzenmaterial

Das gesamte für die Untersuchungen verwendete Pflanzenmaterial sowie die Samen für den Anbau stammten aus den zuvor ausgewählten Wildpopulationen (vgl. Tabelle im Anhang) und wurde für die jeweilige Untersuchungsmethode entsprechend weiterverarbeitet (vgl. 2.2). Von Seiten der verschiedenen Zuchtbetriebe bzw. Forschungsinstitute, in denen sowohl der Anbau als auch die Resistenztests und Inhaltsstoffanalysen durchgeführt wurden, wurden Kultursorten sowohl für die morphologischen als auch für die molekulargenetischen Untersuchungen zur Verfügung gestellt.

Valerianella locusta

Die 24 ausgewählten Feldsalatpopulationen wurden zu verschiedenen Zeitpunkten im Jahr zur Probennahme aufgesucht: Die Rosetten¹ wurden Ende März bis Anfang April, die blühenden Pflanzen² Ende April bis Anfang Mai und die Früchte³ Ende Mai bis Mitte Juni gesammelt.

1997/98 befanden sich Individuen aus 17 der 24 Populationen im Anbau. Jeweils 8 Rosetten bzw. blühende Pflanzen pro Population wurden morphologisch untersucht. Im Wiederholungsanbau 1998/99 wurden je 7-18 Rosetten und 7-12 blühende Individuen aus 10 Populationen untersucht.

Die Sorten *Dunkelgrüner Vollherziger*, *Vit* und *Etampes* wurden in die morphologischen Untersuchungen einbezogen, und insgesamt 10 Sorten wurden molekulargenetisch analysiert: *Dunkelgrüner Vollherziger*, *Gala*, *Vit*, *Jade*, *Trophy*, *JuWaBel*, *Etampes*, *JuWaHit*, *JuWa spec.* und *Medaillon*.

Camelina microcarpa

Die 4 ausgewählten Wildpopulationen des Kleinfrüchtigen Leindotters wurden jeweils Mitte Mai (Blüte) bzw. Mitte Juni bis Anfang Juli (Früchte) aufgesucht. Aufgrund der Gefährdung der Pflanzen wurde vom Sammeln ganzer Individuen abgesehen. Für die morphologischen Untersuchungen wurde somit ausschließlich Samenmaterial von 5-10 Pflanzen für den Anbau gesammelt; für die genetischen Untersuchungen wurden Blattproben von 4-6 Pflanzen entfernt.

¹ Für morphologische Untersuchungen *in situ* 8-10, für molekulargenetische Untersuchungen 3-10 Individuen.

² Für morphologische Untersuchungen *in situ* 7-10 Individuen.

³ Mischproben über die gesamte Population.

Carum carvi

Das Pflanzenmaterial des Wildkümmels stammte aus 19 Populationen, die jeweils zum Blühzeitpunkt⁴ Ende Mai bis Anfang Juni sowie zur Fruchtreife⁵ Ende Juni bis Mitte Juli besucht wurden.

Aus den Anbaujahren 1997/98 wurden alle Individuen (jeweils 4-16) aus 10 Populationen morphologisch untersucht. Im Wiederholungsanbau 1998/99 befanden sich 13 Populationen im Versuchsfeld, aus denen ebenfalls alle Individuen (jeweils 8-10) vermessen wurden.

Für den Vergleich von Wildmaterial und Sorten wurden die 12 Kultursorten *Bleja*, *Kami*, *Konczewicki*, *Mansholts*, *Maud*, *Niederdeutscher*, *Plewiski*, *Prochan*, *Rekord*, *Sylvia*, *Trojica* und *Volhouden* hinzugezogen. Auf genetischer Ebene wurden 10 von ihnen (alle außer *Maud* und *Record*) eingesetzt.

Humulus lupulus

Für die Untersuchungen wurden zunächst insgesamt 31 Wildhopfenpopulationen ausgewählt. Sie wurden jährlich dreimal aufgesucht, und zwar zur Probennahme der Blätter⁶ Mitte August bis Anfang September, der Blütenstände⁷ im September sowie der Früchte⁸ im Oktober.

Im Anbau (1997-2000) befanden sich Individuen aus 18 Populationen, aus denen je 8 Blütenstände pro Population morphologisch untersucht wurden.

Die Kultursorten *Hallertauer Tradition*, *Hallertauer Magnum* und *Nugget* wurden mit den Wildhopfenpflanzen morphologisch verglichen. Molekulargenetisch wurden folgende 10 Sorten untersucht: *Hallertauer Tradition*, *Hallertauer Magnum*, *Perle*, *Hersbrucker*, *Northern Brewer*, *Brewer's Gold*, *Target*, *Taurus*, *Tettnanger* und *Hüller Bitterer*.

2.2 Methoden

2.2.1 Geländearbeit

Nach der Auswahl der Populationen jeder der vier Arten wurde jede Fundstelle unter Angabe von Rechts- und Hochwerten, Ortsbeschreibungen und Markierungen im Kartenausschnitt (TK 25) punktgenau lokalisiert.

⁴ Für morphologische Untersuchungen *in situ* 10, für genetische Untersuchungen 3-10 Individuen.

⁵ Mischproben über die gesamte Population.

⁶ Für morphologische Untersuchungen *in situ* 15-40 Blätter von 10-15 Individuen, für genetische Untersuchungen 3-5 (-20) Individuen.

⁷ Für morphologische Untersuchungen *in situ* 8-10 Blütenstände.

⁸ Mischproben über die gesamte Population

Die Erhebungen standörtlicher Parameter umfassten Daten zur Höhenlage, Neigung, Exposition und zum Niederschlag des jeweils untersuchten Fundortes sowie Angaben zum geologischen Untergrund und zur Bodenart.

In Anlehnung an die von URBANSKA (1992) gegebene Definition wurden die Populationen räumlich eingegrenzt. Da der räumlichen Ausdehnung von Beständen der vier untersuchten Pflanzenarten in der Regel natürliche oder künstliche Grenzen gesetzt waren, umfaßte eine Population jeweils alle in diesem Bereich vorkommenden Individuen (z. B. Wiesenfläche beim Kümmel, Ackerrand beim Feldsalat). Bei großen Flächen (z. B. Hopfen entlang von Bachläufen) wurde ein möglichst repräsentativer Ausschnitt gewählt.

Die Bestimmung der Populationsgröße erfolgte je nach Pflanzenart durch Abschätzung der Gesamtfläche der untersuchten Population sowie der Individuenzahl pro m² (Kümmel, Lein-dotter, Feldsalat) oder durch Angabe der Anzahl an differenzierbaren Individuen (Hopfen). Beim Hopfen wurde außerdem der Anteil männlicher und weiblicher Individuen an der Gesamtpopulation abgeschätzt.

Die Bestimmung der Pflanzensippen erfolgte nach OBERDORFER (1994) und ROTHMALER (1990). Die Nomenklatur richtete sich nach OBERDORFER (1994).

Zur Charakterisierung der Begleitvegetation wurden an allen Fundstellen der untersuchten Populationen Florenlisten erstellt sowie – mit Ausnahme des Hopfens – Vegetationsaufnahmen nach BRAUN-BLANQUET (1962) erstellt, wobei jeweils ein typischer Ausschnitt des Bestandes der betreffenden Art gewählt wurde.

2.2.2 Morphologisch-biometrische Untersuchungen

Die untersuchten Merkmale wurden zum einen aus der jeweiligen Fachliteratur (Monographien, Bestimmungsbücher: ERNET (1977 und 1978), HEGI (1970 und 1981), NEVE (1991), OBERDORFER (1994), ROTHMALER (1990) u. a. zusammengestellt, zum anderen den vom Bundessortenamt Hannover zur Verfügung gestellten „Richtlinien für die Durchführung der Prüfung auf Unterscheidbarkeit, Homogenität und Beständigkeit“ (BSA 1980, unveröff.) entnommen, oder sie beruhten auf eigenen Beobachtungen.

2.2.2.1 Echter Feldsalat (*Valerianella locusta* (L.) LATERR.)

Aus jeder Population wurde im Gelände eine repräsentative Stichprobe entnommen (vgl. 2.1.1). Sowohl bei dem *In-situ*-Pflanzenmaterial als auch bei den Pflanzen aus dem Anbau wurden Farbe, Glanz und Blattstellung der Rosetten am Frischmaterial abgeschätzt. Anschließend wurden alle Rosettenblätter abgetrennt und individuenweise herbarisiert. Die Messungen erfolgten am Herbarmaterial. Für Untersuchungen zur Sproßmorphologie wurden die blühenden Individuen bis auf die zuvor herbarisierten Tragblätter frisch vermessen. Nach

Einschätzung der Blütenfarbe wurden einige Blüten jedes Individuums in 70 %igem Ethanol konserviert.

Die Früchte wurden jeweils als Mischprobe der gesamten Population gesammelt. Für den Anbau unter gleichen Bedingungen wurde ein zufällig dieser Probe entnommener Teil verwendet. Die Aussaat erfolgte im September 1997 bzw. 1998. Die Messungen an den Rosettenblättern *ex situ* wurden im Dezember an je 8 zufällig aus jeder Population ausgewählten Individuen durchgeführt. Weitere 8 zufällig ausgewählte Individuen jeder Herkunft überwinterten im Freiland und standen im darauffolgenden Frühjahr für die Untersuchung der Sproßmerkmale zur Verfügung. Die Früchte aus dem Anbau wurden Ende Mai desselben Jahres geerntet; aus der Mischprobe wurde eine Stichprobe von 10 Früchten der jeweiligen Population vermessen.

Insgesamt wurden 83 morphologische Merkmale an den untersuchten Feldsalatpopulationen erhoben und 54 Indices daraus berechnet. Die Merkmale teilten sich wie folgt auf die Bereiche der Pflanze auf:

Keim- und Rosettenblätter:	17	Merkmale – 8	Indices
Sproß und Tragblätter:	55	Merkmale – 39	Indices
Blüten:	7	Merkmale – 4	Indices
Früchte:	4	Merkmale – 3	Indices

Der Einfachheit halber wurden alle Merkmale bei den Berechnungen mit einem Kürzel versehen. Die Liste der Abkürzungen befindet sich im Anhang.

Keimblätter und Rosetten

Abschätzung der Rosettenmerkmale: Blattfarbe, Glanz, Blattstellung, Aderung.

Messung der Merkmale: Länge und Breite Keimblatt (cm), Länge Keimblattstiel (cm), Längen und Breiten der ersten drei Rosettenblattpaare (cm), Breite bei 25 % bzw. 50 % der Gesamtlänge des 2. und 3. Rosettenblattpaares (cm).

Berechnung der Indices: Keimblattlänge zu –breite, Blattlänge zu –breite der ersten drei Rosettenblattpaare, Anteil der Breite bei 25 % bzw. 50 % der Gesamtlänge an der Gesamtbreite des Blattes (2. und 3. Rosettenblattpaar).

Sproß und Tragblätter (vgl. Abb. 2.2-1)

Angabe des Blühbeginns (Datum)

Messung der Merkmale: Längen und Durchmesser des 1. Internodiums, Hälften „a“ und „b“ (cm), Längen und Durchmesser des 2. bis 5. längeren und des kürzeren Internodiums, Hälften „a“ und „b“ (cm), Winkel über der 1., 2. und 3. Verzweigung (°), Höhe der Pflanze zum Blü-

zeitpunkt (cm), Längen und Breiten des jeweils am längeren Internodium der Hälfte „a“ befindlichen Tragblattes an der 1. bis 5. Verzweigung (cm).

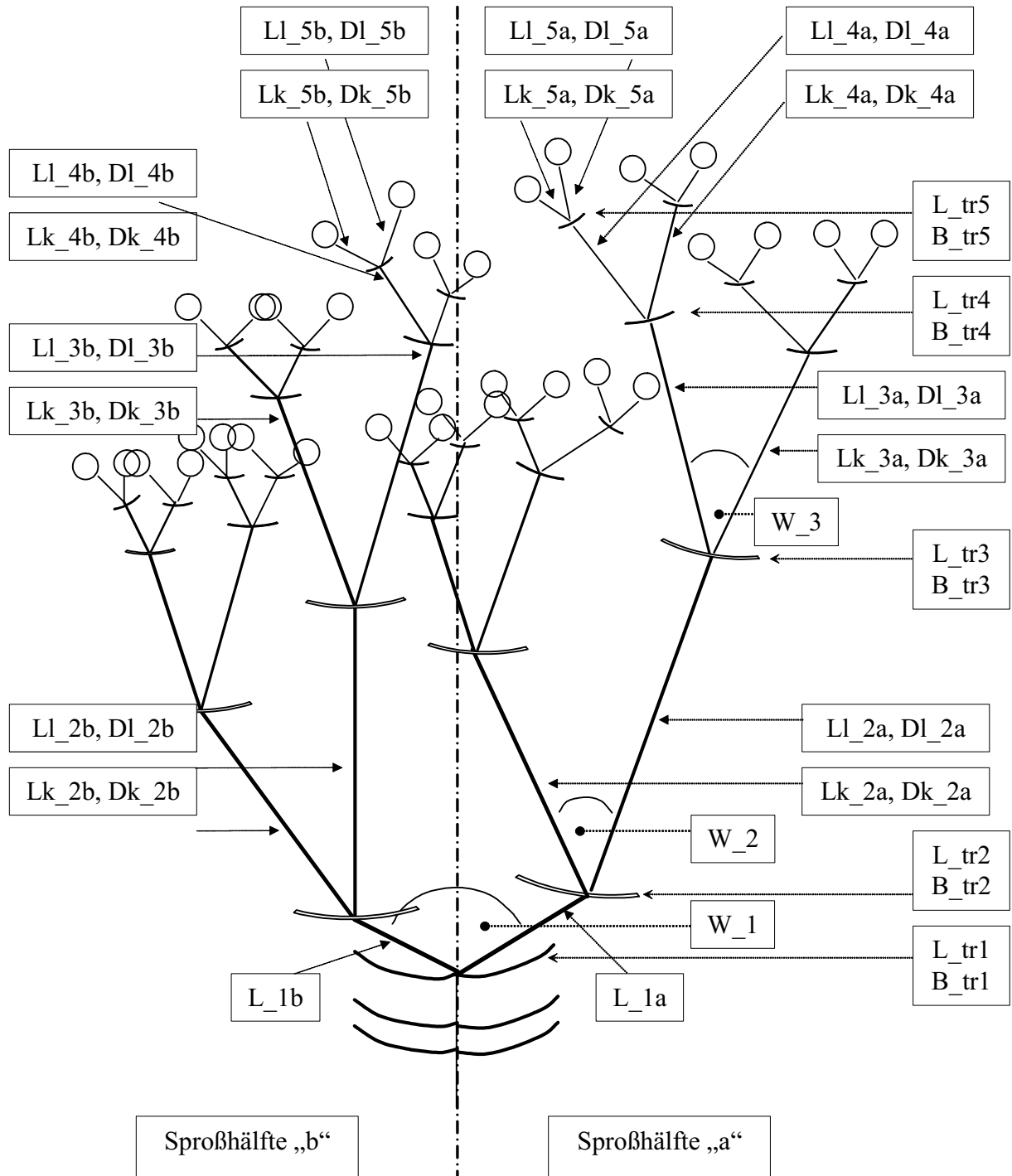


Abb. 2.2-1 Schematischer Aufbau einer blühenden Feldsalatpflanze (*Valeriana locusta*). Der Übersichtlichkeit halber wurde die Pflanze oberhalb der ersten Verzweigung in die beiden „Sproßhälften a und b“ eingeteilt.

Berechnung der Indices: Länge zu Durchmesser aller vermessenen Internodien, Länge des längeren zu Länge des kürzeren Internodiums für jeden Abschnitt, Länge des 3. längeren zur Länge des 2. längeren Internodiums, Hälfte „a“, Länge des 4. längeren zur Länge des 3. längeren Internodiums, Hälfte „a“, Länge zu Breite jedes der 5 Tragblätter.

Blüten

Abschätzung der Merkmale: Blütenfarbe, Grad der Behaarung der Kronröhre.

Messung der Merkmale: Länge Kronröhre (mm), Breite Blütensaum (mm), Länge und Breite des mittleren Blütenzipfels (mm).

Berechnung der Indices: Länge zu Breite Blütensaum, Länge zu Breite mittlerer Blütenzipfel, Länge Blütensaum zu Länge mittlerer Blütenzipfel, Breite Blütensaum zu Breite mittlerer Blütenzipfel.

Früchte

Abwiegen des Tausendkorngewichts (g).

Messung der Merkmale: Länge, Breite und Dicke der Frucht (mm).

Berechnung der Indices: Länge zu Breite, Länge zu Dicke, Breite zu Dicke.

2.2.2.2 Kleinfrüchtiger Leindotter (*Camelina microcarpa* ANDRZ.)

Aufgrund der starken Gefährdung der Art und der geringen Individuenzahl der ausgewählten Populationen wurden den *In-situ*-Beständen keine Pflanzen entnommen. Aus allen Populationen wurden jedoch Samen gesammelt (vgl. 2.1.1), um diese unter gleichen Bedingungen zur Keimung zu bringen.

Die im Sommer 1996 gesammelten Samen der Wildherkünfte wurden im März 1997 bzw. 1998 im Freilandbeet in mehreren Reihen ausgesät. Die im Frühjahr 1997 ausgesäten Proben gelangten lediglich bis zu einem etwa 10 cm hohen Entwicklungsstadium und starben schließlich nach starkem Mehltreibbefall ab. Dies wiederholte sich auch im darauffolgenden Jahr. Auch die im Frühjahr 1999 im Gewächshaus zur Keimung gebrachten Samen kamen nicht zur Blüte. Morphometrische Untersuchungen, die im wesentlichen Sprosse, Blütenstände und Früchte einbeziehen sollten, konnten somit nicht durchgeführt werden.

2.2.2.3 Wiesen-Kümmel (*Carum carvi* L.)

Bei großen Kümmelbeständen wurde für die Untersuchungen ein repräsentativer Ausschnitt ausgewählt, bei kleineren (weniger als 10 Individuen) wurden alle blühenden oder fruchtenden Pflanzen betrachtet, Rosetten blieben unberücksichtigt.

Morphometrische Daten, die sich auf die gesamte Pflanze bezogen (z. B. Internodienlängen oder Höhe der Pflanzen), wurden an lebenden Pflanzen im Gelände durchgeführt, ebenso die Beurteilung der Blütenfarbe. Einige Döldchen von 5 Pflanzen aus jeder Population wurden in

70 %igem Ethanol konserviert. Die Dolden erster Ordnung wurden zur Blütezeit der Pflanzen entfernt, trocken gelagert und nach einigen Tagen vermessen.

Die Früchte wurden als Mischproben des Bestandes gesammelt und nach der Ernte bei Zimmertemperatur etwa zwei Wochen lang trocken gelagert, um auf diese Weise gegebenenfalls eine Nachreife zu gewährleisten. Aus jeder Population, aus der Samenmaterial zur Verfügung stand, wurde ein Teil für den Anbau unter gleichartigen Bedingungen (*ex situ*) weitergeleitet.

Die Aussaat erfolgte im April 1997 bzw. 1998. Für jede Population wurden im Anbaufeld im Freiland zwei Reihen zu je 8 Plätzen eingerichtet, in denen zunächst jeweils etwa 5 Früchte auskeimten. Anschließend wurden die Jungpflanzen vereinzelt, wobei allerdings im ersten Anbaujahr an einigen Positionen zwei Pflanzen stehenblieben, so daß dieser methodische Fehler bei der Auswertung der Ergebnisse berücksichtigt werden muß.

Auch *ex situ* wurden die Sprosse an den lebenden Pflanzen vermessen, die Dolden erster Ordnung entfernt und Blüten konserviert.

Für die vergleichenden Untersuchungen der Kümmelpopulationen wurden insgesamt 23 Merkmale betrachtet und 9 Indices aus ihnen berechnet. Die Merkmale wurden aus folgenden Bereichen der Pflanzen erhoben:

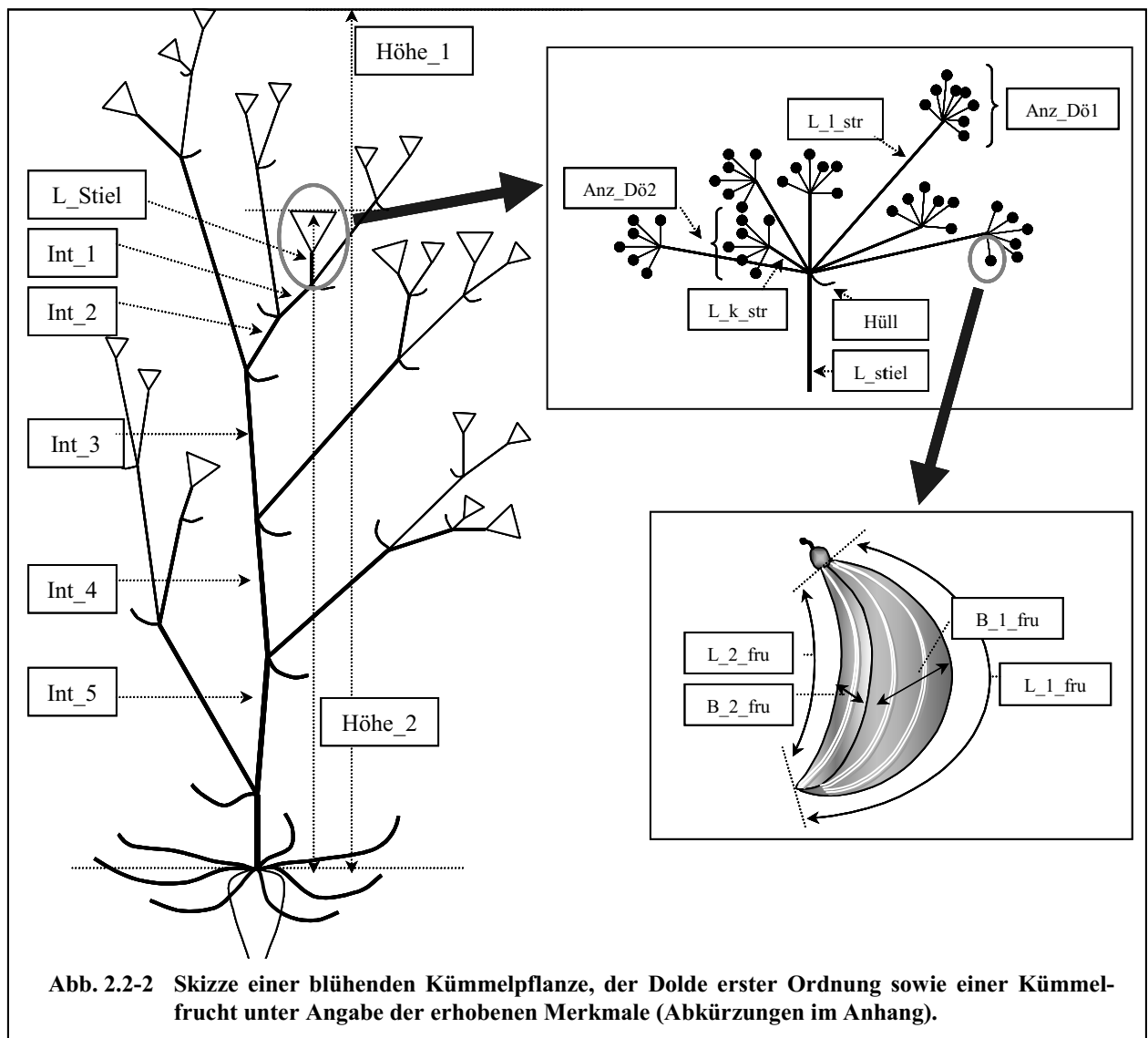
Sproß:	7 Merkmale – 4 Indices
Dolden:	11 Merkmale – 1 Index
Früchte:	5 Merkmale – 4 Indices

Sproß (vgl. Abb. 2.2-2)

Messung der Merkmale: Gesamthöhe der Pflanze zum Blütezeitpunkt⁹ (cm) [Höhe_1], Höhe der Pflanze bis zur Dolde 1. Ordnung (cm) [Höhe_2], Länge der letzten 5 Internodien unter der Dolde 1. Ordnung (cm).

Berechnung der Anteile: Höhe_2 an Höhe_1 (%), Letztes Internodium vor der Dolde 1. Ordnung an Höhe_2 (%), Zwei letzte Internodien vor der Dolde 1. Ordnung an Höhe_2 (%), Internodien (Summe) vor der Dolde 1. Ordnung an Höhe_2 (%).

⁹ Aufgrund des unterschiedlichen Blühbeginns der einzelnen Dolden innerhalb eines Individuums gibt es keinen genau festgelegten Blühzeitpunkt. Bei dem hier angegebenen Zeitpunkt waren die meisten Dolden in Blüte, wenige noch im Knospenstadium und die Primärdolde bereits verblüht.



Dolden (vgl. Abb. 2.2-2)

Abschätzung der Knospen- und Blütenfarbe.

Angabe der Anzahl: Dolden an gesamter Pflanze, Dolden im Knospenstadium, in Blüte und mit Fruchtausatz, Strahlen der Dolde 1. Ordnung, Strahlen des Döldchens über längstem und über kürzestem Strahl der Dolde 1. Ordnung, Hüllblätter an der Dolde 1. Ordnung.

Messung der Merkmale: Länge des Doldenstiels (Dolde 1. Ordnung) (cm), Länge des längsten und des kürzesten Doldenstrahls der Dolde 1. Ordnung (cm).

Berechnung des Index Länge längster zu Länge kürzester Doldenstrahl (Dolde 1. Ordnung).

Früchte (vgl. Abb. 2.2-2)

Abwiegen des Tausendkorngewichts (g)

Messung der Merkmale: Länge der äußeren (längeren) und der inneren (kürzeren) Fruchtseite (mm), Breite quer (mm), Breite längs (mm).

Berechnung der Indices: Länge der äußeren Fruchtseite zu Länge der inneren Fruchtseite, Breite quer zu Breite längs, Durchschnittliche Länge (aus L_1_fru und L_2_fru) zu Breite quer, Durchschnittliche Länge (aus L_1_fru und L_2_fru) zu Breite längs.

2.2.2.4 Hopfen (*Humulus lupulus* L.)

Wegen der Größe und meist unüberschaubaren Struktur der Hopfenpflanzen waren die Proben der vegetativen Pflanzenteile den einzelnen Individuen nicht mit letzter Sicherheit zuzuordnen, so daß die genaue Anzahl der beprobten Individuen in vielen Fällen nicht exakt angegeben werden konnte. Beim Vorhandensein deutlich voneinander getrennter Pflanzen wurden möglichst viele verschiedene Individuen beprobt (vgl. 2.1.1).

Bei den Blattproben handelte es sich um Mischproben aus der jeweiligen Population, die aus einer Höhe von etwa 1 bis 3 m über dem Boden entnommen wurden und, soweit erkennbar, vom Haupttrieb stammten. Die Blätter waren dabei etwa gleich alt und jeweils 3- oder 5-lappig. Der Umfang der Stichproben betrug je nach Größe der Population ca. 20 bis 40 Blätter, die vor der Messung herbarisiert wurden. Das Geschlecht der beprobten Pflanze wurde bei sicherer Herkunft des Blattmaterials angegeben.

Die blütenmorphologischen Untersuchungen wurden als Mischproben der Population an Blütenständen durchgeführt, die kurz vor der Samenreife standen. Die Zahl der beprobten Individuen schwankte dabei je nach Populationsgröße und Anzahl an weiblichen Pflanzen. Die Messungen erfolgten an jeweils 10 Blütenständen, von denen Deck- und Tragblätter von der Spindel gelöst und herbarisiert worden waren. Als erstes Brakteenpaar wurde das definiert, auf welches von der Basis aus betrachtet erstmals vier Blüten folgen.

Die Samen wurden ebenfalls als Mischproben gesammelt und 1997 unter gleichen Bedingungen ausgesät. Die Jungpflanzen wurden im ersten Anbaujahr im Gewächshaus gehalten und anschließend an Gerüste ins Freiland verpflanzt (Herbst 1998). Im zweiten Jahr (bis Herbst 1999) gelangten die weiblichen Individuen erstmals zur Blüte, so daß erste morphometrische Untersuchungen an je 8 weiblichen Blütenständen von 1-4 Individuen durchgeführt werden konnten. Im folgenden Jahr (Herbst 2000) erreichten die Pflanzen vollen Ertrag.

Desweiteren wurde im Frühsommer 1998 ein Teil der aus den Samen der Wildpopulationen gezogenen Jungpflanzen aus Wolnzach zur Beobachtung in den Botanischen Garten der Landwirtschaftlichen Fakultät der Universität Bonn gebracht und an etwa 4 m hohen Stangen angebaut.

Insgesamt wurden an den ausgewählten Hopfenpopulationen 28 Merkmale erhoben und daraus 9 Indices berechnet. Sie verteilen sich wie folgt auf Blätter bzw. Infloreszenzen:

Blätter:	12 Merkmale – 3 Indices
Blütenstände:	16 Merkmale – 6 Indices

Blätter

Abschätzung des Überlappungsgrades am Übergang Blattstiel - Blattspreite

Messung der Merkmale: Blattlänge (cm), Blattbreite (cm), Länge und Breite des mittleren Blattlappens (cm), Länge des zentralen Blattspreitenabschnitts (cm), Länge der Diagonalen vom Blattstiel zu den seitlichen Blattlappen (cm), Länge der Überlappung am Übergang Blattstiel – Blattspreite.

Abzählen der Blattzähne am mittleren Blattlappen

Berechnung der Indices: Länge zu Breite Gesamtblatt, Länge zu Breite mittlerer Blattlappen, Länge des mittleren Blattlappens zu Länge des zentralen Blattspreitenabschnitts

Weibliche Infloreszenz

Messung der Merkmale: Länge und Breite Infloreszenz (cm), Spindellänge (cm), Längen und Breiten des 1. und 2. Brakteenpaares (cm)

Abzählen der Merkmale: Anzahl Nerven des 1. und 2. Brakteenpaares im oberen Blattdrittel, Anzahl Brakteen- und Blütenpaare pro Infloreszenz, Anzahl befruchteter Blüten pro Infloreszenz.

Berechnung der Indices: Länge zu Breite der ersten beiden Brakteenpaare, Anzahl Blüten pro cm Spindel, Anteil befruchteter Blüten an der Gesamtzahl der Blüten.

2.2.3 Molekulargenetische Untersuchungen

2.2.3.1 Beschaffung, Lagerung und Auswahl des Pflanzenmaterials

Für die molekulargenetischen Untersuchungen wurden möglichst große und vollständige Pflanzenteile der ausgewählten Individuen der jeweiligen Populationen gesammelt und sofort, zusammen mit einigen Tropfen Wasser, in Kunststoffbeuteln verpackt. Diese wurden während der Exkursionen (vgl. 2.2.1 Geländearbeit) in einer Kühlbox, und danach bis zur Weiterverarbeitung im Kühlschrank gelagert (ca. 5°C). Am nächsten Tag, spätestens jedoch nach 48 Stunden, wurden einzelne Blätter in Gefrierschläuchen verschweißt und sofort bei -30°C eingefroren.

Welche der Pflanzenproben untersucht wurden, richtete sich neben den unter 1.2 und 2.2.1 beschriebenen Kriterien außerdem auch nach ihrem Zustand:

- Pflanzenmaterial in möglichst jungem und gesundem Zustand
- gleichzeitiges Vorhandensein von Material für morphologische Untersuchungen
- genügend Material für mögliche Wiederholungen

Um den Probenumfang in einem vertretbaren Rahmen zu halten, hing die Anzahl der letztlich untersuchten Populationen und der Individuen pro Population außerdem von der jeweiligen Fragestellung ab.

2.2.3.2 DNA-Präparation

DNA-Isolation

Zur Isolation der Gesamt-DNA (total cellular DNA) wurden bei Carum und Humulus ausschließlich eingefrorene, junge Blätter, bei Valerianella z. T. auch frische Blätter verwendet. Die eingesetzte Blattmenge betrug jeweils ca. 50 mg und stammte von einem Individuum.

Vor der eigentlichen Isolation wurde das Blattmaterial mechanisch aufgeschlossen, indem es in ein mit flüssigem Stickstoff gekühltes Eppendorf-Reaktionsgefäß überführt und mit einem Glasstabes zu Pulver gemörsert wurde. Der physikalisch/chemische Aufschluß des Pflanzenmaterials und die DNA-Isolierung wurde nach einer modifizierten Version des Verfahrens von MURRAY & THOMPSON (1980) durchgeführt:

- Zugabe von 750 µl vorgewärmtem (74°C) Lysispuffer (CTAB¹⁰)
- starkes Schütteln und Vortexen der Proben
- Inkubation der Proben für 30 Min. im Wasserbad bei 74°C, bei regelmäßigem Schütteln/Vortexen
- Proben auf Raumtemperatur abkühlen lassen
- gleiches Volumen Chloroform/Isoamylalkohol 24:1 (vol/vol) zugeben
- starkes Schütteln und Vortexen der Proben
- Zentrifugation bei 15.000g (13000 rpm), 5°C, 10 Min.
- Abnahme des wässrigen Überstandes, Überführung in ein neues Reaktionsgefäß (diesen Säuberungsschritt mit Chloroform/Isoamylalkohol ein bis zwei Mal wiederholen)
- den wässrigen Überstand mit gleichem Volumen Isopropanol versetzen, vorsichtig mischen
- zur Fällung der DNA die Proben 15 - 30 Minuten bei Raumtemperatur stehen lassen
- Zentrifugation bei 2250 g (5000 rpm), 5°C, 5 Min., Isopropanol vorsichtig abschütten
- Zugabe von 500 µl Ethanol (70%), Proben schütteln
- Zentrifugation bei 20.000g (15.000 rpm) 5°C, 15 Min., Ethanol abschütten
- Probe 15 - 30 Minuten in einer Sterilbank bei Raumtemperatur trocknen lassen
- Pellet in 100 - 300 µl TE-Puffer¹¹ (je nach Pflanzenart und -material) aufnehmen
- Pellet über Nacht im Kühlschrank lösen lassen

Bei der verwendeten Zentrifuge handelt es sich um die “Biofuge 22R“ (HERAEUS SEPATECH), Rotordurchmesser 8 cm.

¹⁰ CTAB-Lysispuffer: 100mM Tris HCl, pH 9,5; 20mM EDTA, pH8,0; 1,4M NaCl; 1% PEG-6000; 2% CTAB; 35mM β-Mercaptoethanol

¹¹ TE-Puffer: 10mM Tris HCl, pH 8; 1mM EDTA, pH 8

Zur Bestimmung der DNA-Qualität wurde zwei Methoden angewendet: Zum einen wurde die unverdünnte DNA elektrophoretisch aufgetrennt, um den Grad der Zerstörung durch die Isolationsprozedur zu beurteilen. Zum anderen wurde sie spektralphotometrisch (Uvikon 930 Spectrophotometer von KONTRON Instr.) bei verschiedenen Wellenlängen vermessen. Vor allem der Vergleich der Absorption bei 260 nm (Maximum der DNA-Absorption) mit der Absorption bei 280 nm (Maximum der Protein-Absorption) gibt hierbei Aufschluß über die Qualität der DNA.

Die DNA-Konzentration wurde ebenfalls mit Hilfe des Spektralphotometers bestimmt:

$$1 \text{ OD}_{260} = 50 \text{ } \mu\text{g DNA/ml (OD = optische Dichte)}$$

Die Aufbewahrung der DNA erfolgte gelöst in TE-Puffer¹¹. Ein Teil wurde bei -30°C tiefgefroren, der andere zur weiteren Verarbeitung im Kühlschrank bei 5°C gelagert. Die DNA-Verdünnungen für den Einsatz in der PCR-Reaktion wurden jeweils von der Vorratslösung frisch angesetzt und maximal einen Monat im Kühlschrank aufbewahrt.

2.2.3.3 PCR, RAPD-PCR

Die Polymerase-Kettenreaktion, PCR (Polymerase Chain Reaction) ist eine Technik, mit der man im Reagenzglas (*in vitro*) gezielt DNA-Abschnitte vervielfältigen kann (MULLIS 1990). Die DNA-Abschnitte liegen dabei jeweils zwischen zwei spezifischen DNA-Sequenzen (= Sequenz der Primer). Zur Synthese vieler Kopien bestimmter DNA-Stücke, wird ein im wesentlichen aus drei Phasen bestehender Zyklus mehrfach wiederholt:

- 1) Auftrennen des DNA-Doppelstranges (Denaturierungs-Phase, Denaturation)
- 2) Anlagerung der Primer (Hybridisierungs-Phase, Annealing)
- 3) Synthese der DNA-Abschnitte (Synthese-Phase, Amplification, Extension)

Das Auftrennen der DNA-Doppelstränge erfolgt bei der PCR auf physikalischem Wege durch Erhitzen der Lösung auf 94°C. Die Bindungsstellen für die DNA-Polymerase werden durch die Zugabe sog. Primer bereitgestellt. Es handelt sich hierbei um sehr kurze, einzelsträngige DNA-Stücke (Oligonucleotide), die sich ihrer Basensequenz entsprechend an bestimmte Stellen der DNA anlagern (komplementäre Basenpaarung) und das vom Enzym benötigte freie 3'-Ende zur Verfügung stellen.

Die RAPD-PCR (Random Amplified Polymorphic DNA) ist eine von mehreren Methoden, die sich der PCR-Technik bedienen. Mit ihrer Hilfe kann die Vielgestaltigkeit (Polymorphie) von Organismen aufgezeigt werden, indem man Unterschiede (Polymorphismen) im Bandenmuster (s.u.) zwischen z. B. Individuen, Populationen oder Arten vergleicht. Im Gegensatz zu Untersuchungen am Phänotyp eines Organismus (Morphologie, Phänologie etc.) oder seiner Inhaltsstoffe, wird mit PCR-Methoden die Vielgestaltigkeit des Genoms selbst analysiert. Mit Hilfe der RAPD-PCR werden hierzu die Verteilungsmuster zufällig ausgewählter, kurzer DNA-Sequenzen auf dem Genom untersucht. Man ermittelt, wie oft und in welchen Abstän-

den eine bestimmte Sequenz, i. d. R. sind es nur 10 Basenpaare, auf dem Genom eines bestimmten Organismus vorhanden ist. Bei der Verwendung einer ausreichenden Anzahl unterschiedlicher Primer lassen sich so art-, populations- oder sogar individuenspezifische Muster erzielen (DNA-Fingerprinting) (WILLIAMS et al. 1990, WELSCH & McCLELLAND 1990). Die Untersuchung der Verteilungsmuster der Primer-Sequenzen auf der DNA erfolgt durch eine Analyse der DNA-Fragmentgrößen zwischen zwei solchen Sequenzen, genauer zwischen der Primer-Sequenz und der komplementären Primer-Sequenz. Vervielfältigt man diese DNA-Stücke definierter Größe sehr oft (Amplifikation), so lassen sie sich mit Hilfe der Gelelektrophorese als Bandenmuster sichtbar machen (vgl. 2.2.3.4).

Die genaue Anzahl der Kopien berechnet sich nach folgender Gleichung: $(2^n - (n+1))x$

n = Anzahl der Zyklen

x = Anzahl der Kopien der ursprünglichen DNA-Matrize

$n+1$ = im ersten Zyklus entstehende Kopien unbestimmter Länge

Auswahl der Primer

Da nicht jede Primer-Sequenz ein zur Untersuchung geeignetes Verteilungsmuster auf der DNA aufweist und damit auch ein informatives Bandenmuster ergibt, müssen für jede zu untersuchende Art zunächst geeignete Primer ermittelt werden. Hierzu wurden 77 Primer unterschiedlicher Sequenz jeweils mit einigen Individuen aus verschiedenen Populationen jeder Art getestet (primer-screening). Verwendet wurden Primer-Sets von ROTH (Karlsruhe):

Set B: 1–20, Set D: 1–20, Set I: 1–20, 160-02 – 06, 170-01, -03, -04, -10, 270-01 sowie 7 weitere Primer der Sequenz:

P-1: CGG TCA CTG T, P-2: CGG CCA CTG T, P-3: TGT CGG CCC C,

P-4: CAG TGG CAC C, P-5: GGA CTG GCG G, P-6: CTG AAC CGG T,

P-7: CAG TCC GAG C.

Nach Durchführung der PCR-Reaktionen mit anschließender Gelelektrophorese (s.u.) wurden die Ergebnisse nach folgenden Kriterien beurteilt:

- 1) Sind die Banden auf dem Gel deutlich und eindeutig gegeneinander abgrenzbar abgebildet?
- 2) Ist eine ausreichende Anzahl von Banden vorhanden?
- 3) Lassen sich erste Polymorphismen zwischen den für das Primer-Screening eingesetzten Populationen und Individuen erkennen?

Ein weiteres wichtiges Kriterium - die Reproduzierbarkeit der Banden - wurde erst bei der eigentlichen Untersuchung berücksichtigt (vgl. 2.2.3.5). Das heißt, erzielte ein Primer zwar gut abgrenzbare Banden, die sich jedoch im Laufe der Untersuchungen als schlecht reproduzierbar herausstellten, so wurde er ebenfalls verworfen.

Zur Durchführung der RAPD-PCR mit allen Individuen wurden für jede Art jeweils 17 – 19 Primer ausgewählt. Jeweils 15 Primer wurden letztlich ausgewertet¹²:

Valerianella locusta

B-07, B-10, D-02, D-03, D-07, D-11, D-13, D-15, I-02, I-12, I-13, I-16, I-17, P-4, 170-03

Carum carvi

B-01, B-03, B-07, B-08, B-10, B-11, B-18, D-02, D-07, D-10, D-11, I-07, I-18, I-20, 170-03

Humulus lupulus

B-02, B-04, B-05, B-07, B-10, D-02, D-11, I-01, I-04, I-06, I-07, I-10, I-17, P-2, P-5

Probenansatz

Der Ansatz der PCR-Proben erfolgte zunächst in 0,5 ml "safelock" (EPPENDORF) Reaktionsgefäßen, später in Kunststoffplatten im Mikrotiterformat (96-well-PCR-plates, GREINER 651570, verschlossen mit "Acetat-Folie für Microtiter-Platten", DYNATECH MICROTITER SYSTEMS).

Beim Ansatz des PCR-Reaktionsgemisches wurde zunächst ein Master-Mix aus für den jeweiligen Ansatz gleichbleibenden Bestandteilen hergestellt und in die Reaktionsgefäße verteilt. Anschließend wurde die zuvor kurz aufgeschüttelte DNA der jeweiligen Individuen zugegeben und die Proben mit einem Tropfen Mineralöl (DNase/RNase frei, SIGMA) überschichtet. Außer dem jeweils frisch autoklavierten Wasser (LiChrosolv, MERCK) und der DNA wurden alle Reagenzien bei -25°C gelagert und erst kurz vorher aufgetaut. Alle Pipettierschritte erfolgten ohne Unterbrechung und auf Eis.

PCR-Protokoll

Bei allen untersuchten Arten wurde die gleiche Zusammensetzung des RAPD-PCR-Reaktionsgemisches und dasselbe Thermocycler-Programm verwendet. Das Volumen der PCR-Proben betrug jeweils 15 µl und bestand im einzelnen aus folgenden Bestandteilen, die wie folgt pipettiert wurden:

RAPD-PCR-Reaktionsgemisch:

	Gebrauchslösung	Pipettiervolumen	Endkonzentration
Wasser		8 µl	
dNTPs	10 mM	0,3 µl	200 µM
10x Puffer:		1,5 µl	
MgCl ₂	15 mM		1,5 mM
KCL	500 mM		50 mM
Tris (Hcl), pH 9,5	100 mM		10 mM
Primer	2,5 µM	3,0 µl	0,3 µM
TAQ	5000 U/ml	0,2 µl	1 U (0,067 U/µl)
DNA (in TE-Puffer)	15 ng/µl	2,0 µl	2 ng/µl

¹² Tests mit allen drei untersuchten Arten ergaben, daß sich die Ähnlichkeitsmuster der Populationen (bestimmt durch UPGMA bzw. neighbor-joining Phänogramme ,vgl. 2.2.5.2) i.d.R. ab 8-12 Primern nicht mehr wesentlich ändern. Die Verwendung von 15 Primern sollte somit sicherstellen, das tatsächlich vorhandene Ähnlichkeitsmuster zu erfassen.

Temperaturprofil des Thermocyclers:

Phase	Temperatur	Dauer
Anfangsphase (Pretreatment)	94°C	120 sec
Hybridisierung (Annealing)	36°C	48 sec
Synthese (Extension)	72°C	90 sec
Denaturierung (Denaturation)	94°C	12 sec
Endsynthese (Final Extension)	72°C	600 sec

Beim verwendeten Thermocycler handelt es sich um den “Autogenen II“ von GRANT INSTR., ein Gerät auf Wasserbadbasis. Es wurden jeweils **35 Zyklen** durchlaufen.

Die vorbereiteten Proben (PCR-Platten) wurden in das Gerät gestellt, sobald in der Anfangsphase das Wasserbad eine Temperatur von 94°C erreicht hatte. Nach Beendigung der Endsynthese wurden die Proben auf 5°C heruntergekühlt. Die Weiterverarbeitung der Proben erfolgte i. d. R. nach ca. 10, maximal nach 48 Stunden.

Wiederholungen

Um eine hohe Reproduzierbarkeit der PCR-Ergebnisse zu gewährleisten, wurden alle PCR-Reaktionen mindestens einmal wiederholt. Die Wiederholungen erfolgten in unabhängigen PCR-Durchgängen (nicht auf derselben PCR-Platte). Die verwendete DNA wurde von der Stammlösung dafür jeweils neu verdünnt. Stichprobenartig wurde zudem DNA aus einer unabhängigen DNA-Isolation desselben Individuums verwendet. Einzelne Durchläufe wurden auch auf einem anderen Thermocycler (Heizblockgerät) - unter Simulation der Aufheiz- und Abkühlraten des Wasserbadgerätes - wiederholt. Bei Unklarheiten im Bandenmuster oder falls einer der beiden PCR-Läufe unbefriedigend verlaufen war, wurde eine zweite Wiederholung durchgeführt.

2.2.3.4 Gel-Elektrophorese

Gele und Elektrophorese-Kammern

Die Auftrennung der, in den PCR-Reaktionen entstandenen DNA-Fragmente, erfolgte durch eine horizontale Agarose-Gel-Elektrophorese, unter Verwendung einer “low-melting“ Agarose (BIOMOL, low EEO (-mr) 0,1-0,15), in einer Konzentration von 1,5% in TBE-Puffer. Die ca. 3 - 4 mm dicken, mit Ethidiumbromid (Endkonzentration 1 µg/ml) versetzten Gele wurden in TBE-Puffer¹³ gefüllte Elektrophoresekammern gestellt und die Gele ca. 1 mm mit Puffer überschichtet. Um wechselnde Konzentrationsunterschiede zwischen dem TBE-Puffer im Gel und in der Kammer zu vermeiden, wurde die Agarose jeweils mit derselben Charge TBE-Puffer angesetzt, die auch in der Elektrophoresekammer als Laufpuffer verwendet wurde.

¹³ TBE-Puffer: Tris 89mM, EDTA 2mM, boricacid 89mM

Elektrophorese

Die Elektrophorese erfolgte bei einer Spannung von 8,2 V pro cm Gellänge und einer Dauer von ca. zwei Stunden. Beide Kammern befanden sich dabei in einem mit Kühlelementen auf ca. 10°C gekühlten Wasserbad.

2.2.3.5 Datendokumentation und Verarbeitung

Dokumentation der Gele

Die Dokumentation der Gele erfolgte auf einem UV-Transluminator mit Hilfe einer digitalen Videokamera (KP-M2U HITACHI-DENSHI) unter Verwendung des Geldokumentationssystems "Gel Print 2000i" (BIO PHOTONICS CORP.). Die Aufnahmen der Gele wurden zum einen ausgedruckt, zum anderen als Grafikdatei zur weiteren Auswertung gespeichert.

Auswertung der Bandenmuster, Umsetzung in binäre Codes

Die Auswertung erfolgte unter Verwendung des Programmpaketes "RFLPscan Plus" (Version 3.0, SCANALYTICS CSPI Inc., Billerica). Es wurden nur „bins“ (Banden gleicher Fragmentgröße) gewertet, für die bei allen Individuen eine klare Aussage über An- oder Abwesenheit der jeweiligen Bande getroffen werden konnte. War dies nicht der Fall, z.B. aufgrund von undeutlichen Banden oder Widersprüchen zwischen den Ergebnissen der beiden PCR-Läufe, so wurde die gesamte Fragmentgrößenklasse (*bin*) verworfen. In der resultierenden Datenmatrize wurde letztlich für jedes Individuum in jedem *bin* eine vorhandene Bande mit "1" und die Abwesenheit einer bestimmten Bande mit "0" kodiert. Die binominale (0/1) Matrix ist die Grundlage für alle weiteren statistischen Auswertungen (vgl.2.2.5.2).

2.2.4 Inhaltsstoffanalysen und Infektionstests mit Pathogenen

Valerianella locusta

Die Infektionstests mit *Peronospora valerianellae* Fuckel wurden an der TU Weihenstephan durchgeführt. Dazu wurden die Pflanzen im Gewächshaus herangezogen und ca. 3 Wochen nach Aussaat in einer Klimakammer infiziert. Die Erregerisolate stammten von oosporenverseuchtem Saatgut oder von infizierten Blättern verschiedener Kultursorten. Von verseuchtem Saatgut konnten insgesamt 7 Isolate gewonnen werden.

Der Grad des Befalls nach Infektion wurde mit Hilfe einer vierstufigen Skala angegeben. Aus der Anzahl der Pflanzen pro Befallsstärke berechnete sich der Disease-Index, der von 1 = kein Befall bis 9 = sehr starker Befall reichte. Der Anteil befallener Pflanzen wurde über die Sporulationshäufigkeit ausgedrückt (alle Angaben aus PIETREK 2000).

Carum carvi

Die Evaluierung der Wildpopulationen wurde durch die Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen, Quedlinburg, durchgeführt.

Der Doldenbräunefall wurde durch Abzählen erkrankter Dolden pro Pflanze an 4 Terminen im Gelände ermittelt. Die Fläche unter der Befallskurve diente als Kriterium für den Resistenzgrad der Populationen. Die Isolierung der Krankheitserreger erfolgte durch Verwendung befallener Dolden, die oberflächensterilisiert, auf Agar ausgelegt und inkubiert wurden. Mit den so gewonnenen pilzlichen Krankheitserregern wurden Pathogenitätstests durchgeführt.

Die Ermittlung des Tausenkorngewichts erfolgte durch Auszählen und Abwiegen zweier Proben zu je 100 reifen Früchten. Der Gehalt an ätherischem Öl wurde durch Hydrodestillation der zerkleinerten Früchte gemäß DAB 10 ermittelt. Die Bestimmung des Carvongehalts des ätherischen Öls erfolgte gaschromatographisch und die der Farbkomponenten L*, a* und b* gemäß CIELAB-System mit dem Spektrophotometer CM-508d, Fa. Minolta (vgl. PANK et al. 2001, i. p.).

Humulus lupulus

Die Prüfung der Wildpflanzen auf Inhaltsstoffe und die Pathogenität wurde am Hans-Pfälf-Institut für Hopfenforschung, Hüll, durchgeführt.

Die Analyse der Bitterstoffe erfolgte durch Hochleistungs-Flüssigkeitschromatographie (HPLC, EBC 7.7). Die ätherischen Öle wurden durch Headspace-Gaschromatographie ermittelt (BAYERISCHE LANDESANSTALT FÜR BODENKULTUR UND PFLANZENBAU 2000).

2.2.5 Statistische Methoden

2.2.5.1 Morphometrische Daten

Für die statistische Datenanalyse der morphometrischen Ergebnisse wurde das Programmsystem SPSS für Windows Version 7.5 verwendet.

Für die Auswertung der Daten wurden verschiedene Verfahren angewendet, um die vorgegebenen Fragen nach Diversität zu beantworten. Als **Test zur Verteilung der Meßwerte** wurde der KOLMOGOROV-SMIRNOV-Test, bei kleinen Stichproben der SHAPIRO-WILKS-Test durchgeführt. Lineare Zusammenhänge zwischen verschiedenen Variablen wurden mit Hilfe der **Korrelationsanalyse** ermittelt. Dabei wurde das Verfahren nach SPEARMAN eingesetzt, das für ordinalskalierte oder nicht-normalverteilte intervallskalierte Daten geeignet ist (vgl. BÜHL & ZÖFEL 1998). Eine **Hauptkomponentenanalyse** (Principal Component Analysis, PCA) als gebräuchlichstes Verfahren innerhalb der Faktorenanalyse wurde jeweils durchgeführt, um eine größere Anzahl von Variablen zu einer kleineren Anzahl unabhängiger Einflußgrößen, den sog. Faktoren, zusammenzufassen. Dabei bedeutet im Ergebnis eine geringe Zahl von

Hauptkomponenten, daß zahlreiche Merkmale linear miteinander korreliert sind und in Bezug auf die Variabilität der Daten sehr ähnliche Informationen liefern. Werden dagegen viele Komponenten ermittelt, so liegt eine größere Varianz der Daten, die entsprechend geringer miteinander korreliert sind, vor.

Das wichtigste Verfahren zur Ermittlung von Diversität stellt die **Diskriminanzanalyse** dar. Ziel der Analyse ist es, vorgegebene Gruppen durch eine bestimmte Anzahl von Diskriminanzfunktionen möglichst gut wiederzugeben. Die Funktionen werden aus dem Ausgangsdatensatz berechnet und erklären jeweils einen Anteil der vorhandenen Varianz. Wichtig für die Interpretation ist der sog. Korrelationskoeffizient zwischen der Variablen und der Diskriminanzfunktion: Hoch ladende Variablen können dann als solche verstanden werden, die eine geringe Varianz innerhalb einer Gruppe, aber eine hohe Varianz zwischen den vorgegebenen Gruppen aufweisen. Sie vermögen die Gruppen somit gut zu trennen. Bei der Analyse wurde die in SPSS vorgegebene Option der schrittweisen Methode gewählt. Danach ist es möglich, die schrittweise Einbeziehung der verschiedenen Variablen zu verfolgen und diejenigen Variablen zu erkennen, die von besonderer Bedeutung für die Unterscheidung der vorgegebenen Gruppen sind (vgl. FLURY 1997, HENRION & HENRION 1994, OPITZ 1980, TITZ 1982 und ZÖFEL 1992).

2.2.5.2 Molekulargenetische Daten

Grundlage für alle statistischen Auswertungen sind die aus den mit 15 Primern erhaltenen RAPD-PCR Bandenmustern erstellten 0/1-Matrizen (vgl. 2.2.3.5), wobei auch die monomorphen Banden (Bande bei allen Individuen vorhanden) in die Auswertung einbezogen wurden. Neben einer Analyse der Banden-Polymorphismen, wurden - überwiegend unter Verwendung der Programme TREECON, Version 1.3b (VAN DE PEER & De WACHTER 1997), NTSYSpc, Version 2.02i (ROHLF 1998) sowie WINAMOVA, Version 1.55 (EXCOFFIER et al. 1992, STEWART & EXCOFFIER 1996) - auch die folgenden Auswertungen durchgeführt:

Genetische Distanzen

Aus der Vielzahl von möglichen Distanzmaßen (vgl. KÖHLER et al. 1997) wird für binäre Daten i. d. R. die Verwendung der Ähnlichkeitsmaße nach 'Dice' (Dice 1945), nach 'Jaccard' (JACCARD 1908) oder das 'simple matching' (SNEATH & SOKAL 1973) empfohlen (SCHÖN 1997). Für codominante Marker¹⁴, wie z. B. RFLP-Marker oder Isoenzyme wird meist 'Dice' und für dominante Marker¹⁴ wie die RAPDs, 'Jaccard' bevorzugt (KÖHLER et al. 1997, vgl. aber auch BRUNELL & WHITKUS 1997).

¹⁴ Während codominante Marker zwischen den drei Allel-Zuständen AA, Aa, aa eines Locus unterscheiden können, sind dominante Marker nur in der Lage, A von a zu unterscheiden, d.h. sie können nicht zwischen AA und Aa differenzieren. Diese Einschränkung muß für alle folgenden Analysen berücksichtigt werden!

In der vorliegenden Arbeit wurden die genetischen Distanzen nach dem Ähnlichkeitsmaß von 'Jaccard' berechnet, wobei gilt: **Distanzmaß = 1 - Ähnlichkeitsmaß**.

Die Berechnung erfolgte unter Verwendung des Programms TREECON. Das verwendete Distanzmaß wird hier als nach "LINK et al. (1995)" bezeichnet, geht aber auf das Ähnlichkeitsmaß von 'Jaccard' zurück.

Die Berechnung der genetischen Distanzen aller Individuen erfolgte durch die paarweise Distanzberechnung jedes Individuums zu jedem anderen¹⁵.

Zur Berechnung der paarweisen Distanzen zwischen den Populationen wurde für jede Population ihr molekularer Phänotyp (das RAPD Bandenmuster) durch die Vereinigungsmenge aller Banden aller untersuchten Individuen der Population gebildet. Das heißt, wenn nur ein Individuum der Population eine bestimmte Bande aufwies, zeigte auch das Bandenmuster der Population diese Bande. Ob ein bestimmter *bin* innerhalb einer Population polymorph ist, blieb dabei unberücksichtigt.

Die genetische Distanz (GD) zwischen zwei Individuen berechnet sich wie folgt:

$$GD_{xy} = (N_x + N_y) / (N_x + N_y + N_{xy})$$

N_x ist die Anzahl der Banden, die bei Individuum x vorhanden sind, aber bei y fehlen.

N_y ist die Anzahl der Banden, die bei Individuum y vorhanden sind, aber bei x fehlen.

N_{xy} ist die Anzahl der Banden, die bei beiden Individuen x und y vorkommen.

Die Berechnung der genetischen Distanz zwischen zwei Populationen erfolgte entsprechend.

Clusteranalyse, Neighbor-joining

Clusteranalysen sind Verfahren zur Bildung von homogenen Gruppen, in denen Individuen oder Objekte mit denselben oder sehr ähnlichen Merkmalen zusammengefaßt werden (KÖHLER et al. 1997, SNEATH & SOKAL 1973). Die Darstellung erfolgt i. d. R. in Form von Stammbäumen (Dendrogrammen).

In der vorliegenden Arbeit wurde die "Distanz-Matrix-Methode" (WEIR 1996) verwendet. Hierbei geht der eigentlichen Gruppenbildung, die Berechnung paarweiser Distanzen aller Individuen voraus (s.o.).

¹⁵ Die genetischen Distanzen lassen sich auch aus den Dendrogrammen entnehmen. Ein abgebildeter Maßstab, der eine Distanz von jeweils 10% (bzw. 0,1) anzeigt, ermöglicht eine Einschätzung der genetischen Distanzen der Populationen zueinander. Bei den durch Neighbor-joining berechneten Bäumen ist die genetische Distanz zwischen zwei Populationen durch die Summe der Längen der horizontalen Linien gegeben, über die zwei Populationen miteinander verbunden sind. Die Distanz läßt sich hier relativ genau ablesen. Bei den durch eine Clusteranalyse entstandenen Bäumen, ist die Bestimmung der genetischen Distanzen (aufgrund der ultrametrischen Darstellung,) nur näherungsweise möglich und unterscheidet sich auch je nach verwendetem Algorithmus etwas. Die Distanz ist hier durch die Länge der Strecke gegeben, die zum äußersten Verzweigungspunkt führt, über den zwei Populationen miteinander verbunden sind.

Zur Gruppenbildung, basierend auf den Distanzmaßen, wurden die Algorithmen des UPGMA-Verfahren (**U**nweighted **P**air **G**roup **M**ethod using arithmetic **A**verages, SNEATH & SOKAL 1973) und das für die Darstellung von Ähnlichkeits- oder Verwandtschaftsbeziehungen etwas besser geeignete "Neighbor-joining"-Verfahren (SAITOU & NEI 1987, STUDIER & KEPPLER 1988), angewendet.

Je mehr Individuen eine solche Berechnung umfaßt, desto mehr Kombinationsmöglichkeiten gibt es. Das verwendete Programm TREECON gibt jeweils den wahrscheinlichsten aller Bäume aus. Angaben über die Wahrscheinlichkeit bestimmter Verzweigungen im Baum und damit über die Qualität der gebildeten Gruppen, können durch das sog. "bootstrapping" (FELSENSTEIN 1985) gemacht werden. In der vorliegenden Arbeit wurde hierzu jeder Baum mit 1000 verschiedenen, zufällig veränderten Datensätzen (Permutationen) berechnet.

Dendrogramme

Dendrogramme (Stammbäume) werden sowohl zur Darstellung phylogenetischer (kladistischer) Beziehungen als auch zur Darstellung von Ähnlichkeiten zwischen Individuen oder Objekten (sog. phänetische Beziehungen) verwendet. Da die Interpretation eines Dendrogramms als Kladogramm (für zusammengruppierte Individuen wird ein gemeinsamer Vorfahre angenommen = monophyletische Gruppe) oder als Phänogramm aus der Abbildung selbst nicht hervorgeht, sollte dies immer klar definiert sein, da dies sonst zu Fehlinterpretationen führt.

Bei den in der vorliegenden Arbeit dargestellten Dendrogrammen handelt es sich ausschließlich um Phänogramme. Die einzelnen Äste der Stammbäume und die Gruppierungen der Individuen spiegeln die Ähnlichkeiten der einzelnen Objekte (Individuen) untereinander wider, ohne den Verlauf der Entwicklung festzulegen (WEIR 1996) oder gar eine Abstammungslinie zu definieren.

Hauptkoordinatenanalyse (Principal Coordinates Analysis, PCoordA)

Die Darstellung von Ähnlichkeitsbeziehungen in Dendrogrammen sind auf dichotome Verzweigungen in einer zweidimensionalen Ebene beschränkt. Zudem werden bei der häufig angewandten UPGMA-Methode die Entfernungen der einzelnen Individuen von den Verzweigungspunkten gemittelt und gleichweit entfernt dargestellt (ultrametrische Distanzen)¹⁶. Diese Art der Darstellung wird den tatsächlichen Ähnlichkeitsbeziehungen der Individuen zueinander oft nicht gerecht. Es wurde daher zusätzlich zu der allgemein üblichen Dendrogramm-Darstellung, die Beziehung der Individuen in einer Hauptkoordinatenanalyse (Principal Coordinates Analysis, PCoordA) dargestellt. Diese zeigt die Beziehungen aller Individuen zueinander in einem dreidimensionalen Raum. Die Achsen geben die drei errechneten Ähnlich-

¹⁶ Das etwas aufwendigere Neighbor-joining –Verfahren hat diesen Nachteil nicht.

keitsfunktionen wieder, die den größten Anteil der Varianz des gesamten Datensatzes - entspricht der Variabilität der Individuen - beschreiben. Die Ähnlichkeit der Individuen zueinander ist jeweils durch deren Entfernung voneinander und ihrer Lage in den drei Ebenen gegeben. Die notwendigen Umformungen der Ähnlichkeitsmatrix ("double-centering" und Ermittlung von Eigenvektoren, vgl. ROHLF 1972, GOWER 1966) wurden mit NTSYSpC berechnet.

Korrelationsanalyse (genetische und geographische Distanzen)

Zur Untersuchung einer Beziehung zwischen den genetischen und den geographischen Distanzen der Populationen zueinander, wurde der sog. Mantel-Test (MANTEL 1967, SOKAL 1979) angewendet. Die Signifikanz-Tests wurden mit jeweils 5000 Permutationen durchgeführt. Die Berechnungen erfolgte mit Hilfe des Programmes NTSYSpC.

Varianzanalyse

Zur Beurteilung der genetischen Variabilität innerhalb und zwischen den Populationen sowie zwischen Gruppen von Populationen wurde neben der Analyse der Banden-Polymorphismen und der genetischen Distanzen auch eine sog. "Molekulare Varianzanalyse" durchgeführt. Wenngleich das hierfür verwendete Programm WINAMOVA, Version 1.55 (EXCOFFIER et al. 1992) ursprünglich nicht zur Analyse dominanter Markerdaten wie den RAPDs entwickelt wurde, so wird es mittlerweile – unter Berücksichtigung bestimmter Datenumformungen und Einschränkungen bei der Interpretation der Ergebnisse – vielfach hierfür angewendet (HUFF et al. 1993, STEWART & EXCOFFIER 1996, PALACIOS & CANDELAS 1997, FISCHER & MATTHIES 1998).

Grundlage für die Varianzanalyse ist die Berechnung der quadrierten euklidischen Distanzen zwischen allen Individuen bzw. deren molekularen Phänotypen (0/1-Matrix). Berechnet wurden hieraus Distanz-Summen, verschiedene Varianz-Komponenten und ihre Signifikanz (bei 1000 Permutationen), sowie Werte der sog. " Φ -statistics" (EXCOFFIER et al. 1992), die analog den "F-statistics" (WRIGHT 1951 u. 1965), Aussagen zur Qualität vordefinierter Gruppen erlauben:

- Φ_{ST} gibt an, wie gut die Populationen innerhalb des gesamten Datensatzes definiert sind.
(Vergleich der Individuen, die zu der jeweiligen Population gehören mit einer Zufallsauswahl aus allen Individuen.)
- Φ_{SC} gibt an, wie gut die Populationen innerhalb ihrer zugehörigen Gruppen definiert sind.
(Vergleich der Individuen, die zu der jeweiligen Population gehören mit einer Zufallsauswahl aus den Individuen der zugehörigen Gruppe.)
- Φ_{CT} gibt an, wie gut die Gruppen innerhalb des gesamten Datensatzes definiert sind.
(Vergleich der Individuen, die zu der jeweiligen Gruppe gehören mit einer Zufallsauswahl aus allen Individuen.)

3. Ergebnisse und Diskussion

3.1 Echter Feldsalat (*Valerianella locusta* (L.) LATERR.)

Abbildung 3.1-1 gibt die Fundorte aller im Projektzeitraum aufgesuchten Feldsalatpopulationen wieder. Genaue Fundortangaben sowie die Tabellen der Vegetationsaufnahmen befinden sich im Anhang (Tab. 7-1, Tab. 7-6).

Zur Unterscheidung wurden die Feldsalatherkünfte jeweils mit der Abkürzung „F-“ versehen.

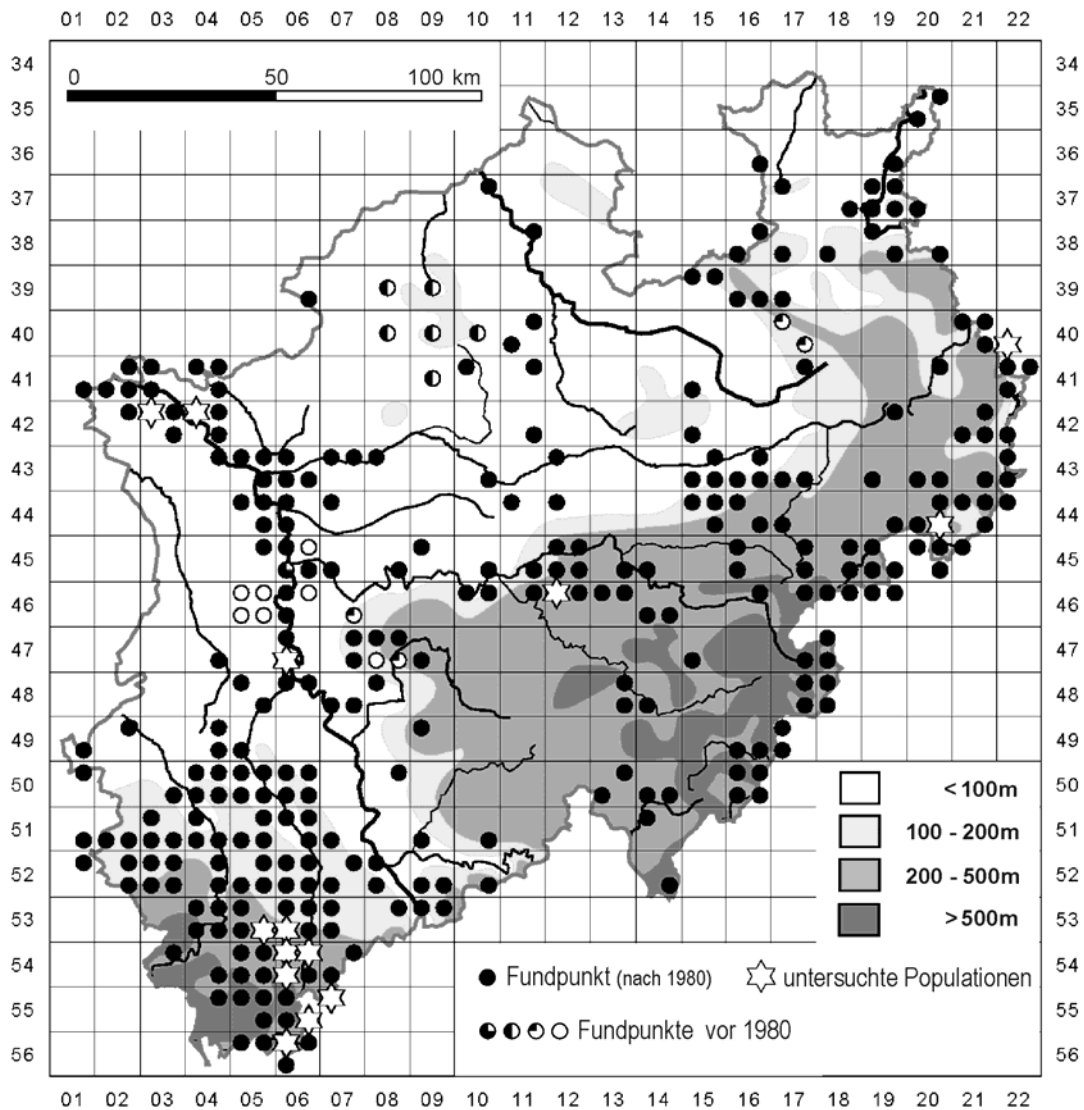


Abb. 3.1-1 Verbreitung des Echten Feldsalates (*Valerianella locusta*) in NRW (nach Schumacher et al. 1996 und Jagel & Häupler 1995) unter Angabe der ausgewählten Fundstellen.

3.1.1 Morphologisch-biometrische Untersuchungen

Insgesamt wurden 24 Populationen für die Untersuchungen ausgewählt. Individuen aus 17 Populationen davon befanden sich 1997/98 im Anbau, 1998/99 waren es 10 Populationen.

3.1.1.1 Differenzierung von Populationen

Da die Rosetten- bzw. die Sproß- und Blütenmerkmale an unterschiedlichen Individuen einer Population durchgeführt werden mußten – die Rosetten wurden herbarisiert und gelangten nicht zur Blüte –, erfolgte die Auswertung dieser Bereiche zunächst getrennt. Erst im Anschluß wurden die Merkmale über die Mittelwerte der Populationen kombiniert.

Keimblätter und Rosetten

Die Ergebnisse beziehen sich auf die Untersuchungen der Individuen *ex situ*, Anbau 1997/98. Aus jeder Population wurden 8 Rosetten mit je einem Keimblattpaar und drei Folgeblattpaaren vermessen, für jede Population lagen somit 16 Meßwerte je Variable und Blattpaar vor. Die mit allen Meßdaten durchgeführte Diskriminanzanalyse ergab eine deutliche Differenzierung der Gruppen anhand der erhobenen Merkmale. Bereits 87 % der Gesamtvarianz des Datensatzes konnten dabei mit einer Kombination aus fünf Variablen beschrieben werden. So waren die Längen der ersten beiden Rosettenblätter [L_1 und L_2; Abkürzungen s. Tab. 7-5 im Anhang), die Gesamtlänge des Keimblatts [L_Kb_ges] sowie zwei Variablen zur Beschreibung der Form des 3. Blattpaares pro25_3 und L/B_3 besonders zur Charakterisierung der verschiedenen Herkünfte geeignet. Alle anderen Merkmale waren für die Differenzierung von geringerer Bedeutung. Insgesamt konnten 68,8 % aller Fälle (Blätter) mit Hilfe der Analyse wieder korrekt zu ihrer vorgegebenen Gruppe (Population) zugeordnet werden (Tab. 3.1-1).

Die Längen der Rosettenblätter lagen im Populationsdurchschnitt zwischen 3,2 cm und 5,5 cm (1. Blattpaar) bzw. zwischen 5,5 cm und 8,1 cm (2. Blattpaar). Dabei fielen besonders die beiden Populationen F-4b und F-12 auf, die sich mit Blattlängen von über 4,9 cm (L_1) bzw. über 7,9 cm (L_2) von allen anderen absetzten. Hinsichtlich des 3. Blattpaares zeichneten sich die Populationen F-30 und F-27 durch rundliche, F-11 und F-36 hingegen durch längliche Formen aus. Eine Korrelation zwischen den Blattlängen und ihrer Form lag nicht vor.

Hinsichtlich der Farben der Rosettenblätter waren zwar die meisten Populationen im mittleren Bereich („mittel- bis graugrün“) anzusiedeln, einige Gruppen wurden jedoch anders eingestuft, so F-4b und F-39 („hellgrün“) und F-18 („graugrün“). Auch hinsichtlich der Blattstellung fielen nur F-18 mit liegenden und F-39 mit aufrechten Blättern auf, während sich alle anderen im dazwischenliegenden Bereich bewegten.

Vor- gegebene Population	Vorhergesagte Gruppenzugehörigkeit																	
	F-4b	F-5	F-11	F-12	F-18	F-19	F-22	F-23	F-26a	F-26b	F-27	F-29	F-30	F-31b	F-33	F-36	F-39	Gesamt
F-4b	10	2		3					1									16
F-5		12	1						2			1						16
F-11			7	2			2	1	2						1		1	16
F-12	1		2	11					1	1								16
F-18					12	1						2	1					16
F-19					1	12		3										16
F-22			1			3	10	1		1								16
F-23						1		13				1		1				16
F-26a		3	2	1					6					1	2		1	16
F-26b			1				2			11		1			1			16
F-27											13			3				16
F-29			1						1	1		11		2				16
F-30					1							1	14					16
F-31b		3				3	1		1		3			5				16
F-33	1	1								1					12	1		16
F-36					2											14		16
F-39								2									14	16

Tab. 3.1-1 Klassifizierungsergebnis der Diskriminanzanalyse mit allen normalverteilten Keimblatt- und Rosettendaten aller untersuchten Feldsalatpopulationen. Schattiert: Anzahl der korrekt zu der vorgegebenen Population zugeordneten Fälle (68,8%).

Der Wiederholungsanbau 1998/99 zeigte ähnliche Ergebnisse wie der des Vorjahres. Wieder waren es dieselben Variablen, mit denen eine Differenzierung der Populationen möglich war (insgesamt diesmal zu 86,9 %), doch unterschieden sich die absoluten Größen voneinander, d. h. die Blattlängen waren im 2. Anbaujahr durchschnittlich um 0,5 cm länger als im ersten. Die Positionen der Populationen innerhalb des gesamten Wertespektrums blieben jedoch erhalten. Dies galt mit Ausnahme der Population (F-27) auch für die Ausprägung der Blattformen. Insgesamt betrachtet ließen sich die Feldsalatpopulationen anhand der Rosetten gut gegeneinander abgrenzen.

Sprosse, Tragblätter und Blüten

Die Ergebnisse beziehen sich auf die Untersuchungen der Individuen *ex situ*, Anbau 1997/98. Die Vielzahl der erhobenen Merkmale wurde aufgrund der vielen miteinander korrelierten Variablen im Verlauf der Auswertungen auf eine überschaubare Anzahl reduziert. Wegen der bestehenden linearen Zusammenhänge wurde beispielsweise auf die Verwendung der Daten aus der Sproßhälfte „b“ (vgl. Abb. 2.2-2) verzichtet. Eine Überprüfung der Daten ergab, daß der Austausch der beiden Datengruppen „a“ und „b“ keine nennenswerten Differenzen ergab.

Insgesamt wurden schließlich 40 Variablen in die Diskriminanzanalyse einbezogen. 9 von ihnen reichten bereits aus, um die vorgegebenen Gruppen fast vollständig (zu 83,8 %) voneinander zu trennen (Tab. 3.1-2). Die Merkmale stammten aus allen Bereichen der Pflanzen, allerdings beschrieben lediglich zwei von ihnen Eigenschaften aus dem Sproßbereich: Das Verhältnis von Länge zu Breite des 4. Internodiums (Ll/Dl_4a) und die Länge des 3. Internodiums (Ll_3a), wenn auch deutlich schwächer. Aus dem Blütenbereich dagegen waren vier der fünf eingegangenen Merkmale vertreten, als wichtigste das Verhältnis der Blüten-saumbreite zur Breite des mittleren Kronzipfels (B_saum/B_mK) sowie die Breite des Blüten-saums (B_saum). Schließlich bezogen sich zwei Variablen auf die Tragblätter und eine auf den Verzweigungswinkel des Sprosses.

Die untersuchten Populationen unterschieden sich phänotypisch folgendermaßen voneinander (die Beschreibung beschränkt sich auf die wichtigsten differenzierenden Merkmale): Das 4. Internodium wies Längen zwischen 1,1 cm (F-5) und 8,1 cm (F-23) auf; die Differenzen spiegeln sich im korrelierten Merkmal Ll/Dl_4a (s. o.) wieder. Im Blütenbereich konnten Populationen mit eher schmalen (durchschnittlich 1,7 mm; F-18) von solchen mit eher breiten Blüten (2,2 mm; F-4b) unterschieden werden. Die Spanne des Quotienten B_saum/B_mK reichte von 3,0 (F-30) bis 3,7 (F-39). Die übrigen differenzierenden Merkmale ließen nur geringfügige Unterschiede zwischen den Populationen erkennen.

Bei der Wiederholung des Anbaus im Folgejahr waren geringfügige Unterschiede der Meßwerte festzustellen. Die Individuen der Populationen waren jedoch bereits an ihrem Habitus denen des Vorjahres zuordbar. Die Ränge innerhalb des Wertespektrums stimmten weitgehend in beiden Jahren überein.

Die neben den biometrisch erfaßten Meßwerten erhobenen phänologischen Daten ließen zwischen den Populationen deutliche Unterschiede im Blühverhalten erkennen (Ergebnisse Anbau 1998/99). Als erste blühten am 14. April die Individuen der Population F-19, fast eine Woche später begannen F-22 und F-18 zu blühen. Ihnen folgten 5 weitere Populationen, und erst fast 3 Wochen nach Blühbeginn der ersten Population, als fast alle im Anbau befindlichen Pflanzen bereits verblüht waren, gelangten F-33 und F-27 zur Blüte. Auch die Blühdauer unterschied sich deutlich zwischen den verschiedenen Herkünften: Während die Individuen aus F-19 im Schnitt nach 10 Tage verblühten, dauerte die Blühphase der Pflanzen aus F-33 z. T. nur 2 Tage. 2 Ausreißer aus dieser Population kamen sogar erst am 10. Mai zur Blüte, als alle anderen bereits Früchte trugen.

Vorgegebene Population	Vorhergesagte Gruppenzugehörigkeit															Gesamt	% korrekt klassifiziert		
	F-4b	F-5	F-11	F-12	F-18	F-19	F-22	F-23	F-26a	F-26b	F-27	F-29	F-30	F-31b	F-33			F-36	F-39
F-4b	7															1		8	87,5
F-5		8																8	100,0
F-11			7									1						8	87,5
F-12				7								1						8	87,5
F-18					8													8	100,0
F-19					1	7												8	87,5
F-22							5						2		1			8	62,5
F-23								8										8	100,0
F-26a									5	1				1			1	8	62,5
F-26b										8								8	100,0
F-27						1			1		6							8	75,0
F-29												8						8	100,0
F-30							1						7					8	87,5
F-31b						1							1	6				8	75,0
F-33				1									1	1	5			8	62,5
F-36	2														1	4		8	50,0
F-39																	8	8	100,0

Tab. 3.1-2 Klassifizierungsergebnis der Diskriminanzanalyse mit allen normalverteilten Sproß-, Tragblatt und Blütendaten aller untersuchten Feldsalatpopulationen. Schattiert: Anzahl der korrekt zu der vorgegebenen Population zugeordneten Fälle (83,8%).

Früchte

Die Vermessung der Früchte der verschiedenen Populationen (Anbau 1997/98) ließ Unterschiede vor allem in der Dicke der Früchte erkennen, deren Maße von durchschnittlich 1,06 mm (F-29) bis 1,39 mm (F-33) reichten. Entsprechend waren bei F-29 mit 0,93 g Tausendkorngewicht die leichtesten und bei F-33 mit 1,66 g Tausendkorngewicht die schwersten Früchte dieses Jahres zu finden. Da jedoch Größe und Gewicht von Feldsalatfrüchten jährlich schwanken, läßt sich hier somit lediglich feststellen, daß die verschiedenen Populationen durchaus unterschiedliche, d. h. populationsspezifische Früchte hervorbrachten. Inwieweit die absoluten Werte der Populationen von Jahr zu Jahr schwankte, wurde nicht ermittelt.

3.1.1.2 Geographische Differenzierungen

Bei der Suche nach Korrelationen zwischen den erhobenen Merkmalen einer Population und ihrer Herkunft aus einer bestimmten Großlandschaft Nordrhein-Westfalens wurde mit den Populationsmittelwerten gerechnet, da auf diese Weise die Merkmale aus dem Rosetten- bzw. Sproß- und Blütenbereich kombiniert werden konnten. Die durchgeführte Clusteranalyse ergab, daß mit Ausnahme eines clusters, das die Populationen des Niederrheins enthielt, kein

Zusammenhang zwischen der Gruppierung und der geographischen Herkunft der Populationen erkennbar war (Abb. 3.1-2). Die drei niederrheinischen Herkünfte zeichneten sich durch Gemeinsamkeiten im Rosettenbereich aus – v. a. die Blattformen – und waren zudem die am frühesten blühenden Gruppen. Alle anderen Populationen ließen trotz gleicher Herkunft keine Ähnlichkeiten erkennen. Einige Populationen wiesen sogar größere Ähnlichkeiten zu Populationen aus größerer Entfernung auf als zu benachbarten, so z. B. F-30 (Weserbergland) zu den niederrheinischen Populationen als zu F-29 und F-31b, die aus demselben Meßtischblatt wie F-30 stammten.

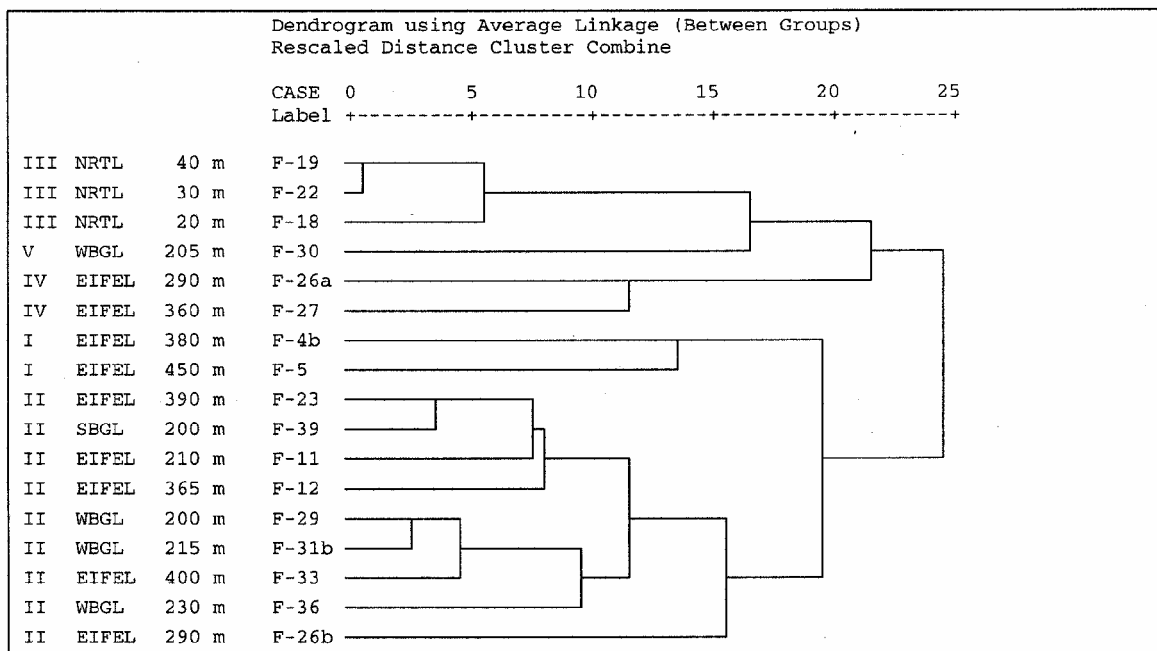


Abb. 3.1-2 Dendrogramm mit allen Keimblatt-, Rosetten-, Sproß-, Tragblatt- und Blütenmerkmalen aller untersuchten Feldsalat-Populationen unter Angabe des jeweiligen clusters, der geographischen Lage und der Höhenlage des entsprechenden Fundortes.

3.1.1.3 Standörtliche Differenzierungen

Eine klare Korrelation zwischen den morphologischen Eigenschaften der Populationen und der **Höhenlage** ihrer Wuchsorte war weder im Hinblick auf die Rosetten noch auf die Sprosse und Blüten festzustellen.

Eine Differenzierung der Populationen nach dem **mittleren jährlichen Niederschlag** ihrer jeweiligen Wuchsorte gelang mit Hilfe der erhobenen Daten nicht.

Zwischen den morphologischen Eigenschaften der Feldsalatpopulationen und der **Bewirtschaftungsart** ihrer Wuchsorte ergab sich der folgende Zusammenhang: Populationen von

Äckern wurden in der Diskriminanzanalyse mit Populationen anderer Herkunft¹⁷ zu über 84 % (Rosetten) bzw. über 80 % (Sprosse und Blüten) korrekt klassifiziert. Dabei dienten die Länge des zweiten Rosettenblatts (L_2) bzw. die Länge des dritten Internodiums (Ll_3a) als wichtigste differenzierende Merkmale. Die Populationen der Äcker zeichneten sich durch durchschnittlich längere Rosettenblätter und durchschnittlich längere dritte Internodien als die Populationen der übrigen Standorte aus. Auch die Gesamthöhe der Pflanzen zur Blütezeit, deren Werte allerdings nicht in die Analyse eingingen, lag bei der ersten Gruppe mit 17,8 cm etwas über dem Mittel der zweiten Gruppe mit 15,6 cm. Das Ergebnis wurde durch die Wiederholung des Folgejahres bestätigt.

Die postulierte These, daß die Variabilität von Populationen der Äcker höher sei als die von anderen Standorten, bestätigte sich in den Untersuchungen nicht. Ein Vergleich der Variationskoeffizienten aller untersuchter Merkmale beider Standortgruppen ergab, daß im zwar im zweiten Anbaujahr alle Ackerpopulationen variabler waren als die, die nicht von Äckern stammten, doch war im ersten Anbaujahr das Ergebnis nicht erkennbar: Hier streuten die Werte beider Gruppen gleichermaßen, und in vielen Fällen übertrafen die Variationskoeffizienten der Populationen von Böschungen deutlich die der Äcker.

3.1.1.4 Vergleich von *In-situ*- und *Ex-situ*-Pflanzenmaterial

Aufgrund der oft recht heterogenen standörtlichen Gegebenheiten an einem einzigen Wuchs-ort war *in situ* bereits innerhalb einer Population eine hohe Variabilität an morphologischen Ausprägungen festzustellen. So wurde insbesondere bei dichtem Bewuchs ein Rosettenstadium durch frühzeitige Streckung der Internodien nicht ausgebildet, so daß beispielsweise Feldsalatpflanzen der grasreichen Böschungen durch hohen Wuchs und lange, dünne Internodien gekennzeichnet waren. An den dort meist vorhandenen offenen Bereichen dagegen, an denen sich mit Vorliebe Feldsalat ansiedelt, fand man die typischen Feldsalatrosetten, und die Pflanzen verzweigten sich bei kurz gestauchten Internodien meist noch in Bodennähe.

Auf lückigeren Äckern war das Rosettenstadium in der Regel ebenfalls gut ausgeprägt, die blühenden Pflanzen waren meist stabil, obwohl auch sie aufgrund des hohen Nährstoffangebots überdurchschnittliche Größen erreichen konnten – die größten waren mit 55 cm die der Population F-26b (Rapsfeld in der Eifel).

¹⁷ Die untersuchten Populationen stammten von Äckern, Straßenböschungen, Deichen und Weiden sowie aus Übergangsbereichen zwischen zwei Standorttypen (s. Tab. im Anhang). Zur Vermeidung unklarer Zuordnungen wurden die Populationen lediglich in zwei Klassen eingeteilt, nämlich die der Ackerstandorte und die anderer Standorte ohne Ackernutzung.

Auf Weiden und an Weiderändern fand man häufig stark durch Verbiß geschädigten Feldsalat, der infolge des fehlenden Haupttriebs zahlreiche Seitentriebe ausbildete und oft durch stark asymmetrischen Wuchs auffiel.

In Abbildung 3.1-3 sind vier Merkmale dargestellt, die an denselben Populationen *in situ* und *ex situ* erhoben wurden. Je näher die Werte an der Diagonalen liegen, desto ähnlicher sind die Werte beider Untersuchungen. Die ersten Rosettenblätter erwiesen sich bei annähernd gleicher Form (*ex situ* etwas länglicher als *in situ*) im Anbau als um das drei- bis fünffache länger als im Gelände. Die Gesamtgröße der Pflanzen zur Blütezeit war jedoch dort nur bei wenigen Populationen größer als am Wuchsort: Einige Populationen erreichten *ex situ* sogar lediglich die Hälfte der *in situ* gemessenen Größe. Das Tausenkorngewicht wich bei den meisten Populationen im Anbau leicht nach oben ab, doch lagen hier die Werte meist nah bei den Werten *in situ*.

Insgesamt ließ sich *in situ* eine große Variabilität feststellen, doch waren die populationspezifischen Eigenschaften durch Modifikationen stark überdeckt. Erst unter gleichen Anbaubedingungen (*ex situ*) kamen die Merkmale der Populationen ohne den Einfluß der natürlichen Standortbedingungen zur Ausprägung.

3.1.1.5 Vergleich von Sorten und Wildherkünften

Der Vergleich der drei Kultursorten *Dunkelgrüner Vollherziger*, *Vit* und *Etampes* mit den Wildformen ließ in morphologischer Hinsicht deutliche Unterschiede zwischen beiden Gruppen erkennen. Im Rosettenstadium waren die Sorten bereits mit bloßem Auge aufgrund ihrer dunkelgrünen Farbe, dem stärkeren Glanz und der schwächeren Aderung der Blätter zu erkennen. Auffallend war auch ihre runde Blattform, die als wichtigstes Unterscheidungsmerkmal aus der statistischen Analyse hervorging. So dienten wiederum mehrere Merkmale der Differenzierung: Die absoluten Breiten der Blätter sowie die Anteile der Breiten im mittleren Blattbereich an der Gesamtbreite des Blattes (pro50_3, pro25_3). Bei allen Eigenschaften, durch die sich die Kultursorten charakterisieren ließen, handelt es sich um die Merkmale von züchterischer Relevanz.

Aus dem Sproß- und Blütenbereich waren in erster Linie die auffallend breiten Tragblätter charakteristisch für die Kultursorten. Ihre Breiten erreichten Werte von 2,6 cm bis 3,1 cm, während die der Wildpflanzen zwischen 1,2 cm und 1,9 cm schwankten. Dies stellt eine Parallele zu den Rosettenblättern dar, deren Folgeblätter die Tragblätter sind. Die Sorten „Dunkelgrüner Vollherziger“ und „Vit“ besaßen desweiteren größere Blüten als die Wildformen. Hinsichtlich der Fruchtmorphologie fiel besonders die Sorte „Vit“ auf, deren Früchte mit 1,88 mm deutlich dicker waren als die der Wildherkünfte, die maximal 1,39 mm (F-36) maßen.

3.1.2 Molekulargenetische Untersuchungen

RAPD-Analysen wurden beim Feldsalat an 10 natürlichen Populationen (3 bzw. 10 Individuen pro Population) aus vier Großlandschaften Nordrhein-Westfalens sowie an 10 Kultursorten (je ein Individuum) durchgeführt. Insgesamt wurden 83 Individuen untersucht, 72 aus NRW, 10 Sorten sowie zum Vergleich zusätzlich ein Individuum einer natürlichen Feldsalat Population (ebenfalls *V. locusta*) aus Griechenland.

Die RAPD-PCR mit 15 Primern ergab insgesamt 15.068 auswertbare Banden in 296 *bins*. Die Anzahl der untersuchten Individuen pro Population sowie die Namen der Sorten sind den Tabellen 3.1-3 u. 3.1.8 zu entnehmen, die genaue Lage der Populationen Tab. 7-1 im Anhang.

3.1.2.1 Genetische Distanzen, Variabilität

Von den insgesamt 296 erhaltenen *bins* zeigten 183 (62%) Polymorphismen. Allein 20 polymorphe *bins* (11% von 183) wurden hierbei durch das griechische Individuum beigetragen, wobei es, zum besseren Vergleich der drei untersuchten Arten, im folgenden unberücksichtigt gelassen wurde. Es verblieben 276 *bins*, wovon 163 (59%) polymorph waren.

Hinsichtlich der 72 Individuen der 10 natürlichen Populationen ergaben sich insgesamt 266 *bins*, 128 hiervon waren monomorph und etwas mehr als die Hälfte (138 = 52%) polymorph. Mit Hilfe der polymorphen *bins* konnten 62 "molekulare Phänotypen" (Individuen mit unterschiedlichem RAPD-Bandenmuster) unterschieden werden, 10 Individuen waren somit mit mindestens einem anderen identisch. 22 Banden (8%) traten jeweils nur bei einem einzigen Individuum auf.

Molekulare Varianzanalyse

Vergleicht man die Variabilität innerhalb und zwischen den Populationen miteinander, so zeigte sich eindeutig, daß der größte Anteil der Varianz (70%) zwischen den Populationen liegt¹⁸ (vgl. auch 3.1.2.4).

Varianz zwischen Populationen:	70,28 %	[73,81 %]	p < 0,001
Varianz innerhalb Populationen:	29,72 %	[26,19 %]	p < 0,001
$\Phi_{ST} = 0,703$	[0,742] ¹⁹		

¹⁸ Der Einfluß der unterschiedlich großen ausgewerteten Individuenzahl pro Population (3 bzw. 10) war hierbei nur unwesentlich. In [Klammern] sind die Werte für je 3 Individuen pro Population angegeben.

¹⁹ Φ_{ST} gibt an, wie gut die Gruppierung der Individuen zu den vorgegebenen Populationen gegenüber einer Zufallsgruppierung der Individuen (1000 Permutationen) ist. Der recht hohe Wert 0,7 zeigt, daß die Populationen sehr gut voneinander abgrenzbar sind (vgl. auch 2.2.5.2).

Genetische Distanzen

Das Ergebnis der Berechnung aller paarweisen Distanzen (Populationen, Sorten²⁰, griechisches Individuum) ist in Tabelle 3.1-3 dargestellt.

Die durchschnittliche genetische Distanz der 10 untersuchten Populationen aus NRW zueinander betrug ca. 19 %. Die Distanzen schwankten zwischen 9,5 und 27,7 (Variationsbreite 18,2), was einem Unterschied von fast 300 % entspricht.

Die Berechnung der paarweisen genetischen Distanzen aller Individuen zueinander ergab, daß die Individuen einer Population eine deutlich größere Ähnlichkeit zueinander aufwiesen als zu Individuen anderer Populationen²¹ (vgl. 3.1.2.3). Dennoch ließen sich selbst in relativ kleinen Populationen (z.B. F-4b) i.d.R. 9 von 10 Individuen unterscheiden.

Bezog man das Individuum aus Griechenland mit ein, so wiesen alle Populationen (und Individuen²¹) zu diesem eine deutlich größere genetische Distanz auf als zu irgendeiner anderen Population aus NRW oder zu irgendeiner der untersuchten Sorten (vgl. 3.1.2.5).

²⁰ Zur Bildung des molekularen Phänotyps der Sorten wurden – analog zu den Populationen (vgl. 2.2.5.2) - die Bandenmuster der einzelnen Sorten zu einem einzigen vereinigt.

²¹ Die entsprechende Distanzmatrix ist nicht abgebildet, der Sachverhalt läßt sich jedoch auch dem UPGMA-Dendrogramm (Abb. 3.1-5) entnehmen.

Paarweiser Vergleich aller Feldsalatpopulationen: genetische Distanz nach Jaccard (in %):

(berechnet mit TREECON nach Link et al.1995)

(Extrema und Mittelwerte ohne 0-Werte berechnet)

(in [Klammern] ist jeweils die Anzahl der untersuchten Individuen pro Population angegeben)

NRTL: Niederrheinisches Tiefland: F-18 [3], F-19 [10]
 EIFEL: Eifel: F-4b [10], F-23 [10], F-27 [10], F-33 [10]
 WBGL: Weserbergland: F-30 [10], F-31b [3], F-36 [3]
 SBGL: Süderbergland: F-39 [3]
 Sorten: S1 - S10 [je 1]
 F-Gri: Individuum aus Griechenland [1]

		EIFEL	NRTL	NRTL	EIFEL	EIFEL	WBGL	WBGL	EIFEL	WBGL	SBGL		
		F-4b	F-18	F-19	F-23	F-27	F-30	F-31b	F-33	F-36	F-39	Sorten	F-Gri
EIFEL	F-4b	0	17,24	12,27	17,87	16,59	18,22	25,44	14,88	15,20	16,91	19,91	31,42
NRTL	F-18	17,24	0	22,02	15,71	19,81	18,00	24,06	18,93	15,71	17,53	23,96	30,48
NRTL	F-19	12,27	22,02	0	22,52	17,98	21,15	25,63	14,73	20,91	20,00	21,10	34,17
EIFEL	F-23	17,87	15,71	22,52	0	16,02	17,73	26,15	17,79	14,51	16,33	18,69	30,84
EIFEL	F-27	16,59	19,81	17,98	16,02	0	21,46	24,56	13,08	17,79	15,94	19,03	31,28
WBGL	F-30	18,22	18,00	21,15	17,73	21,46	0	27,75	18,14	18,63	20,29	22,22	33,78
WBGL	F-31b	25,44	24,06	25,63	26,15	24,56	27,75	0	23,01	20,38	20,28	25,21	34,91
EIFEL	F-33	14,88	18,93	14,73	17,79	13,08	18,14	23,01	0	15,12	16,83	19,82	32,02
WBGL	F-36	15,20	15,71	20,91	14,51	17,79	18,63	20,38	15,12	0	9,52	17,84	27,62
SBGL	F-39	16,91	17,53	20,00	16,33	15,94	20,29	20,28	16,83	9,52	0	21,10	26,67
	Sorten	19,91	23,96	21,10	18,69	19,03	22,22	25,21	19,82	17,84	21,10	0	31,76
	F-Gri	31,42	30,48	34,17	30,84	31,28	33,78	34,91	32,02	27,62	26,67	31,76	0
	Mittelwert wild:	17,18	18,78	19,69	18,29	18,14	20,15	24,14	16,95	16,42	17,07		
	Min wild:	12,27	15,71	12,27	14,51	13,08	17,73	20,28	13,08	9,52	9,52		
	Max wild:	25,44	24,06	25,63	26,15	24,56	27,75	27,75	23,01	20,91	20,29		
	Max wild & Sorten:	25,44	24,06	25,63	26,15	24,56	27,75	27,75	23,01	20,91	21,10	25,21	
	Max wild & Sorten & Gri:	31,42	30,48	34,17	30,84	31,28	33,78	34,91	32,02	27,62	26,67	31,76	34,91

wild (natürl. Pop.):
Maximum: 27,75 %
Mittelwert: 18,68 %
Minimum: 9,52 %
Variationsbreite: 18,23

mit Sorten:
Maximum: 27,75 %
Mittelwert: 19,08 %
Minimum: 9,52 %
Variationsbreite: 18,23

mit Sorten und Gri:
Maximum: 34,91 %
Mittelwert: 21,13 %
Minimum: 9,52 %
Variationsbreite: 25,39

Tab. 3.1-3 Genetische Distanzen zwischen allen 10 Feldsalat-Populationen und den Kultursorten

3.1.2.2 Ähnlichkeitsanalysen

Zur Darstellung der Ähnlichkeit der Individuen und Populationen zueinander wurden aus den paarweisen genetischen Distanzen sowohl verschiedene Dendrogramme (Phänogramme!) berechnet als auch eine Hauptkoordinaten-Analyse durchgeführt.

Abb. 3.1-4 zeigt die Lage aller untersuchten Individuen zueinander in einem dreidimensionalen Raum (Hauptkoordinaten-Analyse, PcoordA). Abb. 3.1-5 zeigt das Phänogramm einer UPGMA Berechnung²².

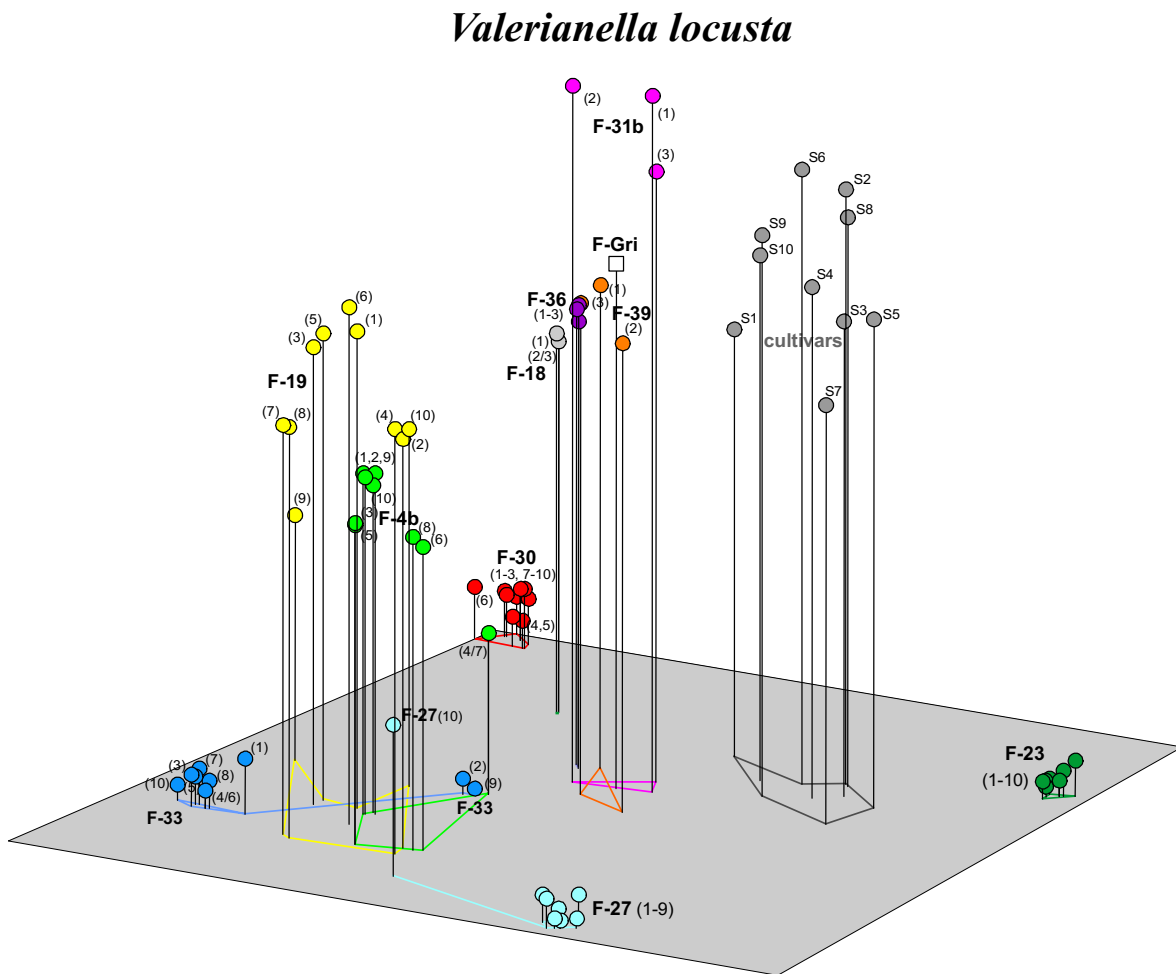


Abb. 3.1-4 Hauptkoordinaten-Analyse aller 83 untersuchten Feldsalat-Individuen

²² Andere Verfahren wie WPGMA, single linkage oder Neighbor-joining ergaben im wesentlichen dieselben Gruppierungen mit lediglich leicht veränderten bootstrap-Werten. Der UPGMA-Baum wurde aufgrund der größeren Übersichtlichkeit ausgewählt. Der große Abstand des griechischen Individuums zu allen anderen sowie die relativ geringe Distanz der Sorten zu den natürlichen Populationen ist jedoch in einem Neighbor-joining-Baum besser zu erkennen.

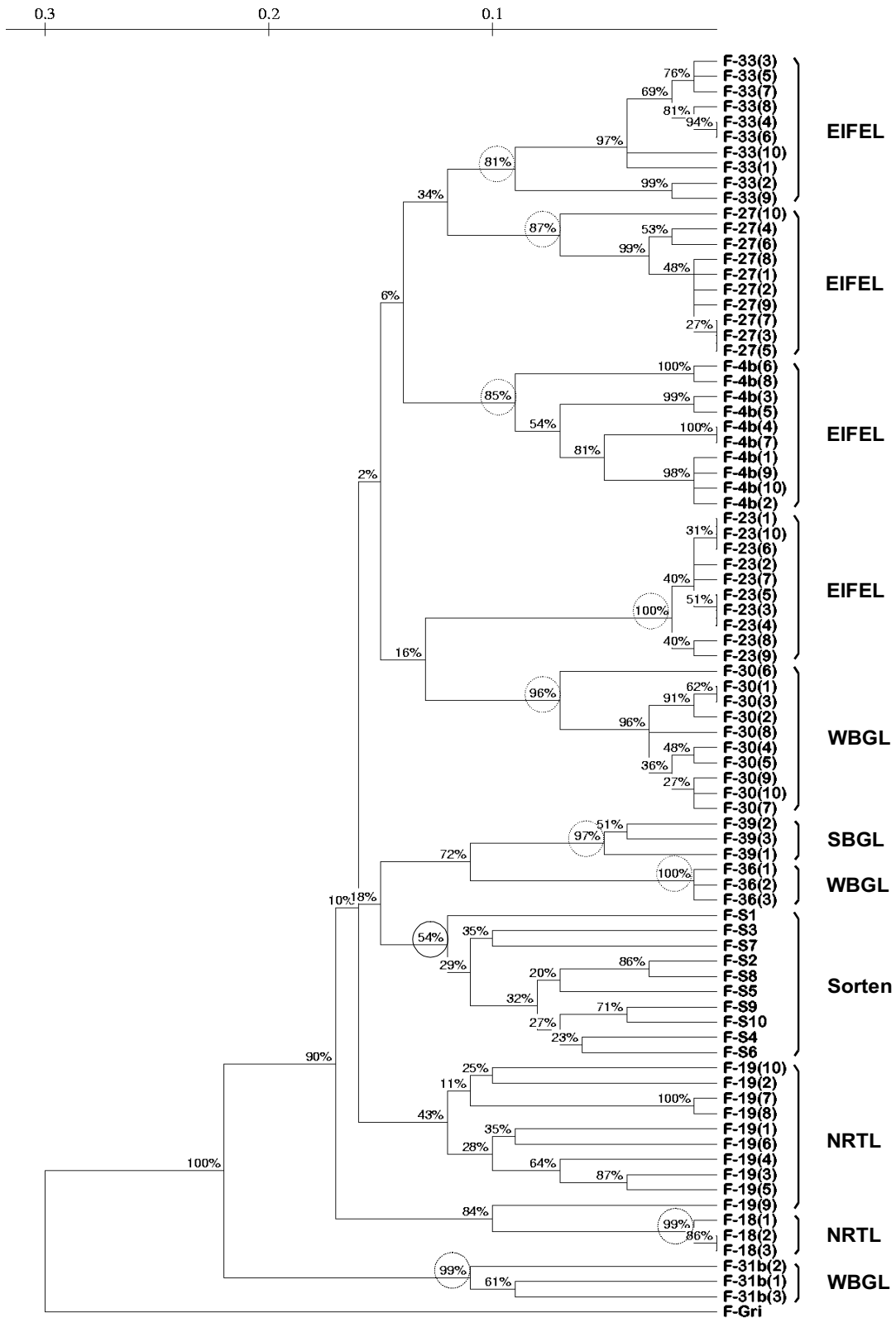


Abb. 3.1-5 Phänogramm einer UPGMA-Clusteranalyse aller 83 Feldsalat-Individuen
 (der Balken oben gibt die genetische Distanz an (0,1 = 10 %) an, die bootstrap-Werte, die den Zusammenhalt der Populationen angeben sind jeweils eingekreist.)

In beiden Abbildungen läßt sich gut erkennen, daß jeweils die Individuen einer Population zusammengruppiert wurden, zwischen den Gruppen (= Populationen) jedoch i.d.R. beträchtliche Distanzen bestehen. Das Gruppierungs-Muster stimmt somit gut mit den Ergebnissen der Molekularen Varianzanalyse (vgl. 3.1.2.1) überein. Auch die Sorten bildeten eine eigene Gruppe. Ausnahmen waren die Individuen (2) und (9) der Population F-33, das Individuum (10) von F-27 sowie F-19 (9). Während die ersten zwei zwar jeweils etwas abseits der anderen Individuen ihrer Population stehen, aber noch zum selben Cluster gerechnet wurden, gruppierte die UPGMA-Clusteranalyse F-19(9) eher zu F-18 als zu F-19. Während die Hauptkoordinaten-Analyse diese enge Beziehung nicht bestätigte, gruppierte die Neighbor-joining-Analyse (nicht abgebildet) die beiden Niederrhein-Populationen gleichfalls zusammen. F-19, eine Population von einem Rheindeich bei Düsseldorf, ist gleichzeitig – neben F-31b - die Population mit der größten Variabilität zwischen den Individuen.

Gute größere Gruppen von Populationen fehlen. Lediglich F-36 und F-39 bildeten – wenn gleich ca. 100 km voneinander entfernt – ein Pärchen sowie auch die Eifel-Populationen F-27 und F-33. Zu letzteren gesellten sich außerdem (mit sehr schwachen bootstrap-Werten) F-4b und F-23 (die beiden anderen Eifel-Populationen), aber auch F-30 (WBGL). Die Darstellung der Hauptkoordinaten-Analyse zeigt diese Ähnlichkeiten sehr anschaulich: F-33 u. F-27 liegen beide dicht an der Grundfläche und am vorderen Rand. Während F-4b relativ dicht bei diesen beiden, aber höher liegt, liegen F-23 und F-30 ebenfalls unmittelbar über der Grundfläche. Sie stimmen also in der dritten Koordinate weitgehend überein, liegen aber weiter hinten. Ein eindeutiges "Eifel-Cluster" bilden die vier Populationen jedoch nicht (vgl.3.1.2.4).

3.1.2.3 Differenzierung von Populationen

Wie bereits durch die molekulare Varianzanalyse, die Clusteranalyse und die Hauptkoordinatenanalyse gezeigt (s.o.), ließen sich die einzelnen Populationen durch die RAPD-Daten gut charakterisieren und (bis auf eine Ausnahme) eindeutig voneinander abgrenzen. Die durchweg hohen bootstrap-Werte für den Zusammenhalt der Populationen im Phänogramm (81% – 100%, Abb. 3.1-5) belegen dies.

Wichtig für den Zusammenhalt der Populationen war jedoch nicht nur, daß die Variabilität innerhalb der Populationen deutlich geringer ist als zwischen ihnen, sondern auch die Existenz populationspezifischer Banden. Bei insgesamt 37 der 138 polymorphen *bins* kamen Banden jeweils nur in einer Population vor und fehlten in allen übrigen. Bei weiteren 15 *bins* fehlten Banden nur in jeweils einer Population, während sie bei allen anderen Individuen vorhanden waren. Es kamen somit in 52 *bins* populationspezifische Banden vor (= 38 %). Alle Populationen wiesen solche *bins* auf. Bemerkenswert war hierbei die Population F-31b, die durch 16 (!) populationspezifische *bins* gekennzeichnet ist.

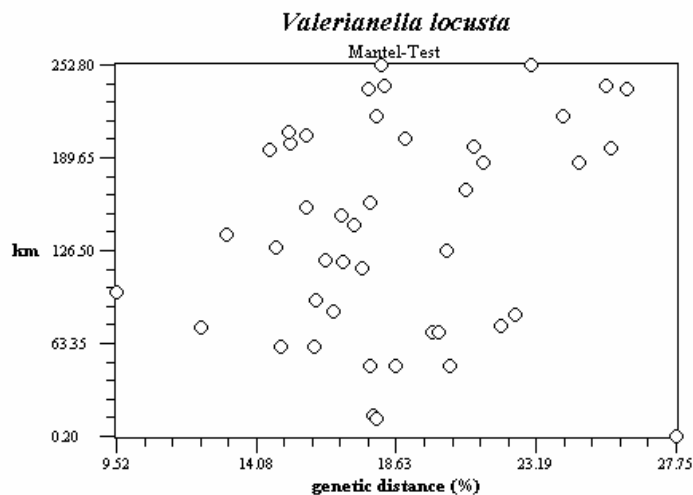
Betrachtet man nur *bins* als streng populationsspezifisch, bei denen tatsächlich alle Individuen eine bestimmte Bande aufweisen (bzw. nicht aufweisen), die bei allen anderen fehlt (bzw. nicht fehlt), so blieben 12 "streng populationsspezifische" *bins* (= 9 %). Immerhin 6 der 10 Populationen wiesen solche *bins* auf (F-31b hat 4). Tabelle 3.1-4 zeigt eine Aufstellung aller populationsspezifischen *bins* bei allen untersuchten Feldsalat-Populationen.

populationsspezifische Banden	F-4b	F-18	F-19	F-23	F-27	F-30	F-31b	F-33	F-36	F-39	Σ
vorhanden	3	1	2	3	4	8	14	1	0	1	37
fehlend	1	0	5	0	2	1	2	1	1	2	15
streng vorhanden	1	0	0	2	2	0	3	0	0	1	9
streng fehlend	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	3

Tab. 3.1-4 Populationspezifische Banden der untersuchten Feldsalat-Populationen

3.1.2.4 Geographische / standörtliche Differenzierungen

Wie bereits in 3.1.2.2 erwähnt, fehlten gute größere Gruppen; alle Populationen stehen mehr oder weniger gleichberechtigt für sich. Die beiden Pärchen, die mit nennenswerten bootstrap-Werten zusammengruppiert wurden (F-27 / F-33: 34 %; F-36 / F-39: 72 %), ließen weder bestimmte standörtliche noch geographische Gemeinsamkeiten erkennen, die andere Populationen nicht auch aufwiesen²³.



Zur Überprüfung, ob dennoch ein Zusammenhang zwischen den geographischen und genetischen Distanzen besteht, wurde ein Manteltest (MANTEL 1967) mit allen paarweisen genetischen und geographischen Distanzen der 10 Populationen durchgeführt. Abb. 3.1-6 sowie der erhaltene Matrix-Korrelationswert von 0,17²⁴ ($p = 0,148$) zeigen, daß ein solcher Zusammenhang nicht besteht.

Abb. 3.1-6 Korrelationsanalyse geographische /genetische Distanzen (Mantel-Test)

²³ F-27 und F-33 stammen zwar beide aus der Eifel, andere Populationen, die nicht dazu gruppiert werden, jedoch ebenfalls. F-36 und F-39, die Populationen mit der geringsten genetischen Distanz, wachsen zwar beide in Mittelgebirgslage, weisen aber unterschiedliche geologische Untergründe, Niederschläge und Bewirtschaftungsweisen (Acker bzw. Weide/Böschung) auf und sind ca. 100 km voneinander entfernt.

²⁴ Bei einem Wert kleiner als 0,7 liegt keine signifikante Korrelation vor. Gut Korrelationen sollten Werte $r > 0,8$ mit entsprechend kleinen Signifikanzen ($p < 0,001$) aufweisen.

Ein Zusammenhang zwischen der Zugehörigkeit von Population zur selben Großlandschaft in NRW und der genetischen Distanz besteht ebenfalls nicht. Wenngleich die beiden Niederrhein-Populationen (F-18 u. F-19) und die vier Eifel-Populationen schwache Tendenzen

72 Individuen 10 Populationen 4 Großlandschaften	zwischen Großland- schaften	zwischen Popula- tionen	Innerhalb Popula- tionen
Varianz	2,66 %	67,87 %	29;47%
Φ	Φ _{CT} = 0,027	Φ _{SC} = 0,697	Φ _{ST} = 0,705
Signifikanz von Varianz und Φ	p = 0,222	p < 0,001	p < 0,001

Tab. 3.1-5 Varianzen innerhalb und zwischen den Großlandschaften NRWs.

zeigten, sich zusammen zu gruppieren (vgl. 3.1.2.2), zeigte eine Molekulare Varianzanalyse zur Prüfung der vorgegebenen Gruppierungen (Zugehörigkeit zu insgesamt vier Großlandschaften), daß eine solche nicht vorliegt (Φ²⁵_{CT} = 0,027, p = 0,2218).

Tabelle 3.1-5 zeigt die Ergebnisse im Detail. Populationen derselben Großlandschaft waren somit genetisch nicht ähnlicher als solche aus verschiedenen Großlandschaften.

Zur Überprüfung, ob die beiden sehr unterschiedlichen Bewirtschaftungsformen der Feldsalat-Standorte – Beweidung / Mahd ("Böschungspopulationen") bzw. Ackerwirtschaft –

60 Individuen 6 Populationen 2 Gruppen	zwischen den Gruppen	zwischen Popula- tionen	Innerhalb Popula- tionen
Varianz	- 0,14	68,09	32,05
Φ	Φ _{CT} = 0,001	Φ _{SC} = 0.680	Φ _{ST} = 0,679
Signifikanz von Varianz und Φ	p = 0,7642	p < 0,001	p < 0,001
Distanz-Summe	60 Ind. / 6 Pop.		übrige Pop.(je 3 Ind)
Böschungs- Populationen:	F-19: 101,50 F-23: 7,70 F-27: 23,90	F-18: 1,33 F-31b: 20,00 F-39: 8,00	
Acker- Populationen:	F-4b: 52,90 F-30: 27,10 F-36: 41,50	F-36: 2,00	

Tab. 3.1-6 Varianzen innerhalb und zwischen Acker- und Böschungspopulationen

einen Einfluß auf das genetische Muster der Populationen haben, wurden ebenfalls molekulare Varianzanalysen durchgeführt. Die Populationen wurden hierzu in zwei Gruppen unterteilt: Acker- und Nicht-Acker-Standorte. Zur besseren Vergleichbarkeit wurden die 10 Populationen auf 6 Populationen mit je 10 Individuen eingeschränkt, drei für jeden Typ²⁶. Wie aus den Ergebnissen in Tabelle 3.1-6 ersichtlich, zeigten die beiden Gruppen keine signifikanten Unterschiede, sie waren im

Gegenteil bzgl. ihrer molekularen Varianz (= -0,14) gleichwertig. Auch die Variabilität der einzelnen Populationen der beiden Gruppen (hier angegeben durch die Summe der quadrier

²⁵ Zur Interpretation der Φ-Werte siehe 2.2.5.2 Varianzanalyse.

²⁶ Eine Analyse mit allen 10 Populationen (39 Individuen aus 6 Populationen auf Böschungen und 33 Individuen aus 4 Populationen auf Äckern) zeigte fast identische Ergebnisse.

ten euklidischen Distanzen aller Individuen einer Population) war in keiner der Gruppen eindeutig größer als in der anderen. Sie streute bei den Böschungspopulationen lediglich etwas stärker als auf dem Acker. Die insgesamt große Streuung der Werte läßt genauere Aussagen, etwa ob Acker-Populationen generell variabler sind als Nicht-Acker-Populationen, nicht zu. Anhaltspunkte für Korrelationen mit bestimmten Höhenlagen, Niederschlagsmengen oder anderen Standortfaktoren konnten nicht gefunden werden.

3.1.2.5 Vergleich von Sorten und Wildherkünften

Wie bereits aus dem Phänogramm und der Hauptkoordinaten-Analyse ersichtlich (vgl. 3.1.2.2), bildeten die Sorten zwar eine relativ gut abgrenzbare Gruppe (bootstrap-Wert des UPGMA-Clusters = 54 %), wurden aber insgesamt zwischen die natürlichen Populationen gruppiert.

Betrachtet man die Anzahl der polymorphen *bins* (Bandenstatistik), so gab es insgesamt 14 "sortenspezifische" *bins*, wovon jedoch kein *bin* bei allen Sorten vorkam und nur einer "streng sortenspezifisch" fehlte. Dem standen 65 *bins* gegenüber (mit dem griechischen Individuum sogar 85 *bins*), die ausschließlich bei den natürlichen Populationen vorkamen. Während bei den natürlichen Populationen 52 % der *bins* Polymorphismen zeigten, waren es bei den Sorten nur 25 %. Es zeigten aber auch 9 *bins* bei den Sorten Polymorphismen, die bei den natürlichen Populationen einheitlich waren.

Um die genetische Variabilität der 10 untersuchten Sorten mit der der natürlichen Populationen besser vergleichen zu können, wurde im folgenden die unterschiedliche Anzahl der Individuen berücksichtigt. Es wurde vier mal eine unterschiedliche Auswahl von je 10 Individuen aus den insgesamt 72 Individuen getroffen und mit den 10 Sorten verglichen:

	A	B	C	D	∅	Sorten
∑ bins	198	237	241	245	230	211
monomorphe bins	169	140	142	138	147	159
polymorphe bins	29 (15%)	97 (41%)	99 (41%)	107 (44%)	83 (36%)	52 (25%)
Bins mit nur einer Bande	2 (1%)	29 (12%)	33 (14%)	39 (16%)	26 (11%)	13 (6%)
A: 10 Individuen aus <u>einer</u> Population mit durchschnittlicher Variabilität (F-4b) B: 10 zufällig ausgewählte Individuen (Zufallsauswahl 1); C: 10 Individuen (Zufallsauswahl 2) D: 10 Individuen aus 10 <u>verschiedenen</u> Populationen						

Tab. 3.1-7 Anteil polymorpher bins bei Sorten und natürlichen Populationen

Wie die Auswertung zeigt, wies eine beliebige Auswahl von Individuen aus NRW – solange man nicht alle Individuen aus einer Population sammelte – eine deutlich größere Variabilität auf (+ 68 %), als die 10 untersuchten Kultursorten.

Betrachtet man die paarweisen genetischen Distanzen der 10 Sorten (Tabelle 3.1-8) und vergleicht sie mit denen der natürlichen Populationen (Tabelle 3.1-3), so zeigte sich, daß diese fast alle deutlich niedriger sind. Vergleicht man die mittleren genetischen Distanzen

miteinander, so waren die der natürlichen Populationen fast doppelt so groß wie die der Sorten. Selbst die maximale genetische Distanz zwischen zwei Sorten (S1-S3: 15,5 %) war niedriger als die mittlere Distanz zwischen natürlichen Populationen.

Paarweiser Vergleich der untersuchten Feldsalat-Sorten:
genetische Distanz nach Jaccard in % (berechnet mit TREECON nach Link et al. 1995)
(Extrema und Mittelwerte ohne 0-Werte berechnet)

S1: Dunkelgrüner Vollherziger S4: Jade S7: Etampes
S2: Gala S5: Trophy S8: JuWaHit
S3: Vit S6: JuWaBel S9: JuWa spec.
S10: Madaillon

	F-4b(1)	S1	S2	S3	S4	S5	S6	S7	S8	S9	S10
F-4b(1)		18,45	16,58	18,41	15,58	12,44	16,24	14,72	15,66	16,08	17,41
S1	18,45	0	11,74	15,50	9,74	14,21	12,31	14,57	12,69	9,28	9,74
S2	16,58	11,74	0	11,52	8,47	8,07	8,07	13,47	3,28	11,00	11,46
S3	18,41	15,50	11,52	0	10,47	8,07	11,11	9,52	9,52	11,00	14,36
S4	15,58	9,74	8,47	10,47	0	6,99	5,95	11,46	6,42	4,84	7,41
S5	12,44	14,21	8,07	8,07	6,99	0	6,56	8,07	5,98	8,56	10,05
S6	16,24	12,31	8,07	11,11	5,95	6,56	0	10,11	5,98	7,53	6,99
S7	14,72	14,57	13,47	9,52	11,46	8,07	10,11	0	11,52	11,00	14,36
S8	15,66	12,69	3,28	9,52	6,42	5,98	5,98	11,52	0	9,00	8,47
S9	16,08	9,28	11,00	11,00	4,84	8,56	7,53	11,00	9,00	0	3,78
S10	17,41	9,74	11,46	14,36	7,41	10,05	6,99	14,36	8,47	3,78	0
Mittelwert Sorten:		12,20	9,67	11,23	7,97	8,50	8,29	11,56	8,09	8,44	9,62
Min Sorten:		9,28	3,28	8,07	4,84	5,98	5,95	8,07	3,28	3,78	3,78
Max Sorten:		15,50	13,47	15,50	11,46	14,21	12,31	14,57	12,69	11,00	14,36

natürliche Populationen*
Maximum: 27,75 %
Mittelwert: 18,68 %
Minimum: 9,52 %
Variationsbreite: 18,23

Sorten & nat. Pop. #
Maximum: 27,75 %
Mittelwert: 16,34 %
Minimum: 3,28 %
Variationsbreite: 24,47

Sorten:
Maximum: 15,50 %
Mittelwert: 9,56 %
Minimum: 3,28 %
Variationsbreite: 12,22

* Mittelwerte der Populationen, Distanzen zu Einzelindividuen können im Einzelfall größer sein
errechnet aus den paarweisen Vergleichen der Mittelwerte der 10 natürl. Populationen (vgl. Tab. 3.1-3) und der 10 Sorten

Tab. 3.1-8 Genetische Distanzen zwischen 10 Feldsalat-Sorten (und einem Wildvorkommen)

Ein Vergleich der molekularen Varianzen von 10 Individuen aus 10 verschiedenen Populationen mit den 10 Sorten zeigte ein ähnliches Ergebnis: Die Summe der quadrierten euklidischen Distanzen war bei den Individuen aus natürlichen Populationen deutlich höher (145,6) als bei den Sorten (82,2). Der weitaus größere Anteil der Varianz lag innerhalb der beiden Gruppen (77 %) als zwischen ihnen (23 %). Der Unterschied zwischen den Gruppen selbst war kaum signifikant $\Phi_{ST} = 0,228$ ($p < 0,001$). Dies war so zu erwarten, da die nur mäßig charakterisierte Gruppe der Sorten einer Gruppe von Individuen von einander unabhängigen Populationen gegenüber steht.

Insgesamt zeigte der Vergleich der natürlichen Populationen mit den Sorten, daß diese eine deutlich höhere Variabilität aufweisen als die 10 untersuchten Sorten. Die obigen Ergebnisse lassen somit folgende Schlüsse zu:

- Die Sorten decken nur einen relativ geringen Teil des gesamten Genpools von *Valerianella locusta* ab. (Die zusätzliche Betrachtung des griechischen Individuums macht dies besonders deutlich.)
- Die Feldsalat-Sorten sind züchterisch noch nicht so stark bearbeitet worden, daß sich sortenspezifische *bins* herausbilden konnten.
- Die Sorten sind den natürlichen Populationen genetisch noch relativ ähnlich.

3.1.3 Infektionstest mit Pathogenen

Der Befall der Feldsalatkulturen durch den Falschen Mehltau (*Peronospora valerianellae*) stellt aktuell ein großes Problem in der Kultivierung von Sorten dar. Vollständig resistente Sorten gibt es derzeit nicht.

Die Prüfung verschiedener Wildherkünfte von *Valerianella locusta* auf Anfälligkeit gegen drei Rassen von *Peronospora valerianellae* ergab eine recht unterschiedliche Reaktion der Populationen auf die Infektion. Gegen eines der Isolate (L-1) waren alle untersuchten Populationen resistent, gegen ein zweites Isolat (HB-1) konnte nur bei zwei Populationen (F-19 und F-23) vollständige Resistenz festgestellt werden. Beide Populationen zeigten jedoch Anfälligkeiten gegen die dritte Rasse des Pilzes (VdC-1), von dem hingegen fünf andere *Valerianella*-Populationen nicht befallen wurden (Tab. 3.1-9).

Im Unterschied zu den Kultursorten verhielten sich die Individuen der verschiedenen Populationen unterschiedlich und nicht einheitlich. Bei zahlreichen Herkünften waren sowohl resistente als auch anfällige Pflanzen enthalten. Wenngleich eine ganze Populationen, die gegen alle drei Isolate vollständige Resistenz aufgewiesen hätte, nicht dabei war, so zeigten jedoch einzelne Individuen die gewünschte Dreier-Resistenz. Im Vergleich zu den rezent kultivierten Sorten, die ebenfalls maximal Teilresistenzen aufweisen, zeigen die Wildpopulationen somit vergleichbare Ergebnisse, die teils besser, teils schlechter als die der Sorten einzustufen sind. Die bei einigen Individuen gefundene Resistenz gegen alle drei Mehltau-Isolate, war jedoch von den Sorten bislang nicht bekannt.

Population	Art	Anzahl befallener Pflanzen pro Befallsstärke				DI	n	SH (%)
		1	3	5	9			
Isolat HB-1								
F-19	<i>V. locusta</i>	10	0	0	0	1,0	10	0
F-22	<i>V. locusta</i>	10	0	9	1	3,2	20	50
F-23	<i>V. locusta</i>	10	0	0	0	1,0	10	0
F-26a	<i>V. locusta</i>	10	2	0	0	1,3	12	16,7
F-26b	<i>V. locusta</i>	0	1	6	0	4,7	7	100
F-27	<i>V. locusta</i>	0	0	7	9	7,3	16	100
F-33	<i>V. locusta</i>	0	0	10	0	5,0	10	100
F-31b-loc	<i>V. locusta</i>	1	0	0	9	8,2	10	90
Isolat VdC-1								
F-19	<i>V. locusta</i>	13	0	0	1	1,6	14	7,1
F-22	<i>V. locusta</i>	10	0	0	0	1,0	10	0
F-23	<i>V. locusta</i>	0	1	2	7	7,6	10	100
F-26a	<i>V. locusta</i>	4	0	0	1	2,6	5	20
F-26b	<i>V. locusta</i>	10	0	0	0	1,0	10	0
F-27	<i>V. locusta</i>	10	0	0	0	1,0	10	0
F-33	<i>V. locusta</i>	2	3	1	2	4,3	8	75
Isolat L-1								
F-19	<i>V. locusta</i>	10	0	0	0	1	10	0
F-22	<i>V. locusta</i>	10	0	0	0	1	10	0
F-23	<i>V. locusta</i>	10	0	0	0	1	10	0
F-26a	<i>V. locusta</i>	10	0	0	0	1	10	0
F-26b	<i>V. locusta</i>	10	0	0	0	1	10	0
F-27	<i>V. locusta</i>	10	0	0	0	1	10	0
F-33	<i>V. locusta</i>	10	0	0	0	1	10	0

Tab. 3.1-9 Ergebnisse der Resistenzprüfung verschiedener Wildherkünfte des Feldsalats auf Anfälligkeit gegen drei Isolate des Falschen Mehltaus (*Peronospora valerianellae*).

Erläuterung der Tabelle 3.1-9:

Befallsstufen: 1 = keine Sporulation / 3 = Vereinzelt Sporangienträger / 5 = Mittelstarke Sporulation (bis zu 50 % der Blattfläche von mindestens einem Blatt sind mit Sporangienträgern bedeckt) / 9 = starke bis sehr starke Sporulation (mehr als 50 % der Blattfläche von mindestens einem Blatt sind mit Sporangienträgern bedeckt)

DI: Disease-Index $DI = (i \times 1 + j \times 3 + y \times 5 + z \times 9) / n$

i, j, y, z: Anzahl der Pflanzen pro Befallsstufe

n: Gesamtzahl der Pflanzen

SH (%): Sporulationshäufigkeit in %.

3.1.4 Zusammenfassung und Diskussion der Ergebnisse

Beim Echten Feldsalat (*Valerianella locusta*) wurden insgesamt ca. 300 Individuen aus 24 natürlichen Populationen und zehn derzeit im Anbau befindliche Kultursorten untersucht. Bei 17 Populationen wurden die morphologischen Merkmale auch unter gleichartigen Anbaubedingungen (*ex situ*) erhoben. 72 Individuen aus 10 Populationen sowie die zehn Sorten wurden genetisch (RAPD-PCR) untersucht.

Eine Differenzierung von Populationen gelang in allen untersuchten Bereichen der Pflanzen. Sowohl morphologisch als auch genetisch waren die Individuen einer Population zueinander ähnlicher als zu Individuen anderer Populationen.

Morphologisch ließen sich Unterschiede in allen Organbereichen finden. In der Regel handelte es sich dabei um Merkmalskombinationen, wobei diese jedoch ausschließlich unter *ex situ*-Bedingungen feststellbar waren – oft schon mit bloßem Auge. Am natürlichen Standort (*in situ*) wurden sie in der Regel durch Modifikationen überdeckt.

Bei den RAPD-Untersuchungen konnte Variabilität innerhalb und zwischen natürlichen Populationen festgestellt werden. Etwa die Hälfte (52 %) der durch die RAPD-PCR erhaltenen 266 *bins* wiesen Polymorphismen auf. Von den 72 untersuchten Individuen konnten hierdurch 62 unterschieden werden. Zur Charakterisierung der Populationen trugen auch populationsspezifische Banden bei (insgesamt 38 % aller polymorphen *bins*). Der größte Teil der Variabilität lag erwartungsgemäß zwischen den Populationen (70 %), immerhin 30 % jedoch auch innerhalb. Selbst in relativ kleinen Populationen konnten meist mindestens neun von zehn Individuen genetisch unterschieden werden. In Anbetracht der bei dieser Art dominierenden Selbstbefruchtung (selbst Feldsalatzüchter treffen keine Vorsichtsmaßnahmen zur Verhinderung von Fremdbestäubung) und der damit zu erwartenden geringen Heterozygotie innerhalb von Populationen, war dieser Anteil bemerkenswert hoch. Möglicherweise ist Fremdbefruchtung bei *Valerianella locusta* häufiger als bislang angenommen.

Ein Vergleich der 72 Individuen aus NRW mit einem Individuum aus Griechenland zeigte deutlich, daß die in NRW ermittelte Diversität nur einen kleinen Teil der Gesamtdiversität der Art repräsentiert. Das einzelne griechische Individuum wies 20 *bins* auf (= 14,5% aller polymorphen *bins*), die in allen untersuchten nordrhein-westfälischen Populationen fehlten.

Eine Korrelation zwischen genetischer bzw. morphologischer Ähnlichkeit und geographischer Distanz konnte nicht festgestellt werden. So befanden sich die Wuchsorte der beiden Populationen mit der geringsten genetischen Distanz (F-36 / F-39) in einer Entfernung von 100 km, während benachbarte Populationen genetisch und morphologisch (z.B. F-29 / F-30) sehr unterschiedlich sein konnten.

Größere Gruppen ähnlicher Populationen fehlten weitgehend; alle Populationen wiesen mehr oder weniger eigene und einzigartige Merkmalskombinationen auf. So konnten auch keine eindeutigen Korrelationen zu bestimmten Standortfaktoren oder zu bestimmten Großlandschaften NRWs gefunden werden. Lediglich die am Niederrhein gesammelten Populationen (F-18, F-19, F-22) ließen sich morphologisch und insbesondere durch ihren deutlich früheren Blühzeitpunkt von den übrigen Populationen abgrenzen. Genetisch wiesen F-18 und F-19 zwar einige Ähnlichkeiten auf, bildeten jedoch – besonders aufgrund der großen Variabilität von F-19 – keine klar definierte Gruppe. Ob es sich tatsächlich um eine für diese Gegend charakteristische Merkmalsausprägung handelt, müßte jedoch durch die Untersuchung weiterer Populationen belegt werden.

Die nach dem ersten Teil des Projektes formulierte Hypothese, die Populationen des Feldsalates auf Ackerstandorten seien variabler als die von Nicht-Ackerstandorten und von diesen unterscheidbar, ließ sich im Folgenden nicht bestätigen. Wenngleich die morphologischen Ergebnisse leichte Tendenzen zur Unterscheidung zweier solcher Gruppen zeigten, ließen die genetischen Untersuchungen diesen Schluß nicht zu. Ob die Variabilität innerhalb der Acker-Populationen im Durchschnitt tatsächlich größer ist, läßt sich aufgrund der insgesamt großen Streuung der Variabilität innerhalb der Populationen beider Gruppen nicht eindeutig entscheiden. Zumindest existieren auch sehr variable Nicht-Acker-Populationen (z. B. F-19).

Eine Untersuchung der natürlichen Feldsalat-Populationen hinsichtlich züchterisch relevanter Merkmale ergab, daß diese in morphologischer Hinsicht nicht den von Züchtern den geforderten Kriterien entsprachen (Form, Farbe, Glanz der Rosetten, etc.). Bezüglich ihres Verhaltens gegenüber einem der wichtigsten Pathogene im Feldsalatanbau, dem Falschen Mehltau (*Peronospora valerianellae*), lieferten sie jedoch interessante Ergebnisse. Zum einen waren die Populationen hinsichtlich ihres Verhaltens gegenüber verschiedenen Rassen des Mehltaus genauso variabel wie hinsichtlich anderer morphologischer Merkmale. Zum anderen zeigten einige Populationen nicht nur ebenso gute Resistenzkombinationen wie die diesbezüglich besten, derzeit im Anbau befindlichen Sorten, einzelne Individuen zeigten auch die erhoffte Resistenz gegen alle drei getesteten Mehltau-Rassen.

Interessante Ergebnisse lieferte auch der Vergleich der natürlichen Populationen mit den Kultursorten. Während die beiden Gruppen sich morphologisch deutlich voneinander unterschieden und zwar hinsichtlich eben der Merkmale, die die Züchter selektieren (Form, Farbe und Glanz der Rosettenblätter), sahen die Ergebnisse der genetischen Untersuchungen differenzierter aus. Zwar waren auch hier die zehn untersuchten Sorten als Gruppe abgrenzbar, sie zeigten aber kaum eigene, charakteristische Banden. Dem entsprechend wurden sie bei Clusteranalysen zwischen die natürlichen Populationen gruppiert. Die genetischen Distanzen zwischen den Sorten (Mittelwert: 9,6 %) waren zudem deutlich

geringer als die zwischen den natürlichen Populationen (Mittelwert: 18,7 %). Selbst eine beliebige Auswahl von 10 Individuen aus NRW zeigte – solange man nicht alle Individuen aus einer Population sammelte – eine im Durchschnitt um fast 70 % höhere genetische Variabilität als die der zehn untersuchten Kultursorten. So sind die Sorten in genetischer Hinsicht den natürlichen Populationen noch recht ähnlich und decken nur einen relativ geringen Teil des gesamten Genpools von *Valerianella locusta* ab. Zudem wurden sie züchterisch noch nicht so stark bearbeitet, so daß sich deutliche genetische Ähnlichkeiten untereinander (z.B. sortenspezifische Banden) oder deutliche Unterschiede zu den natürlichen Populationen ausbilden konnten.

Insgesamt lassen die morphologischen und genetischen Untersuchungen folgende Schlußfolgerungen zu:

- Es existiert eine beachtliche Diversität unterhalb des Artniveaus.
- Der größte Anteil der Variabilität liegt zwischen den Populationen.
- Die Populationen unterscheiden sich sowohl morphologisch als auch genetisch und hinsichtlich ihres Verhaltens gegenüber Pathogenen voneinander.
- Morphologische Unterschiede lassen sich nur unter gleichartigen Anbaubedingungen (*ex situ*) erkennen.
- Es ist kein übergeordnetes Muster der Diversität erkennbar (z.B. Korrelationen zur geographischen Distanz, zu naturräumlichen Einheiten oder zu bestimmten Standortfaktoren)
- Die Variabilität zwischen den natürlichen Populationen ist deutlich größer als zwischen Kultursorten.
- Die natürlichen Populationen weisen interessante Eigenschaften (Resistenzen !) für die Feldsalat-Züchtung auf.

3.2 Kleinfrüchtiger Leindotter (*Camelina microcarpa* ANDRZ.)

Aus den unter 2.2.2.2. geschilderten Gründen waren die morphologisch-biometrischen Untersuchungen im Untersuchungszeitraum nicht durchführbar. Eine Darstellung von Ergebnissen ist somit im Rahmen des vorliegenden Projektes nicht möglich. Genaue Fundortangaben befinden sich im Anhang (Tab. 7-2).

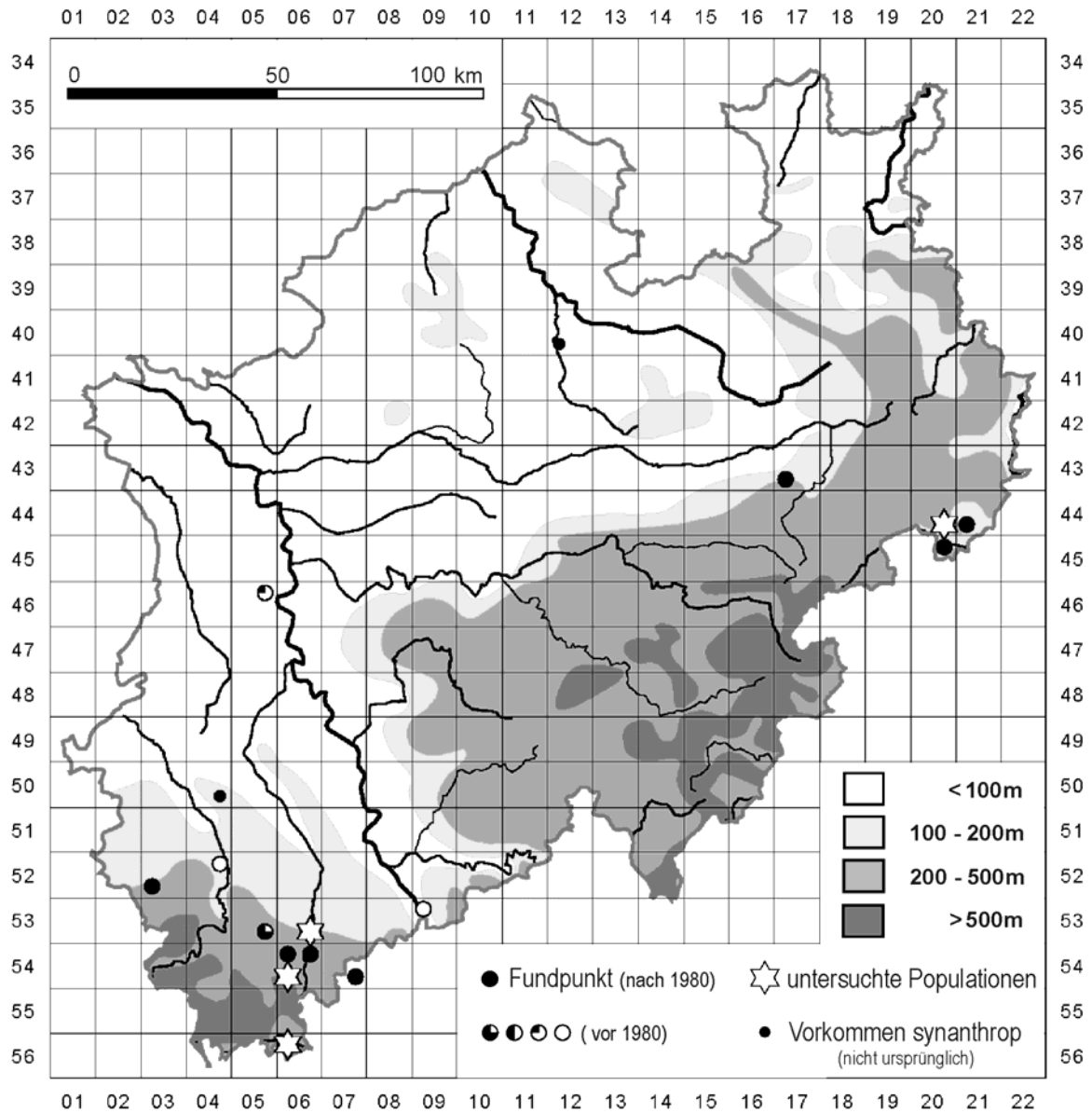


Abb. 3.2-1 Verbreitung des Kleinfrüchtigen Leindotters (*Camelina microcarpa* ANDRZ.) in NRW (nach SCHUMACHER et al. 1996 und JAGEL & HÄUPLER 1995) unter Angabe der ausgewählten Fundstellen.

3.3 Wiesen-Kümmel (*Carum carvi* L.)

Abbildung 3.3-1 gibt die Fundorte aller im Projektzeitraum aufgesuchten Kümmelpopulationen wieder. Genaue Fundortangaben sowie die Tabellen der Vegetationsaufnahmen befinden sich im Anhang (Tab. 7-3 und 7-7).

Zur Unterscheidung wurden die Kümmelherkünfte jeweils mit der Abkürzung „K-“ versehen.

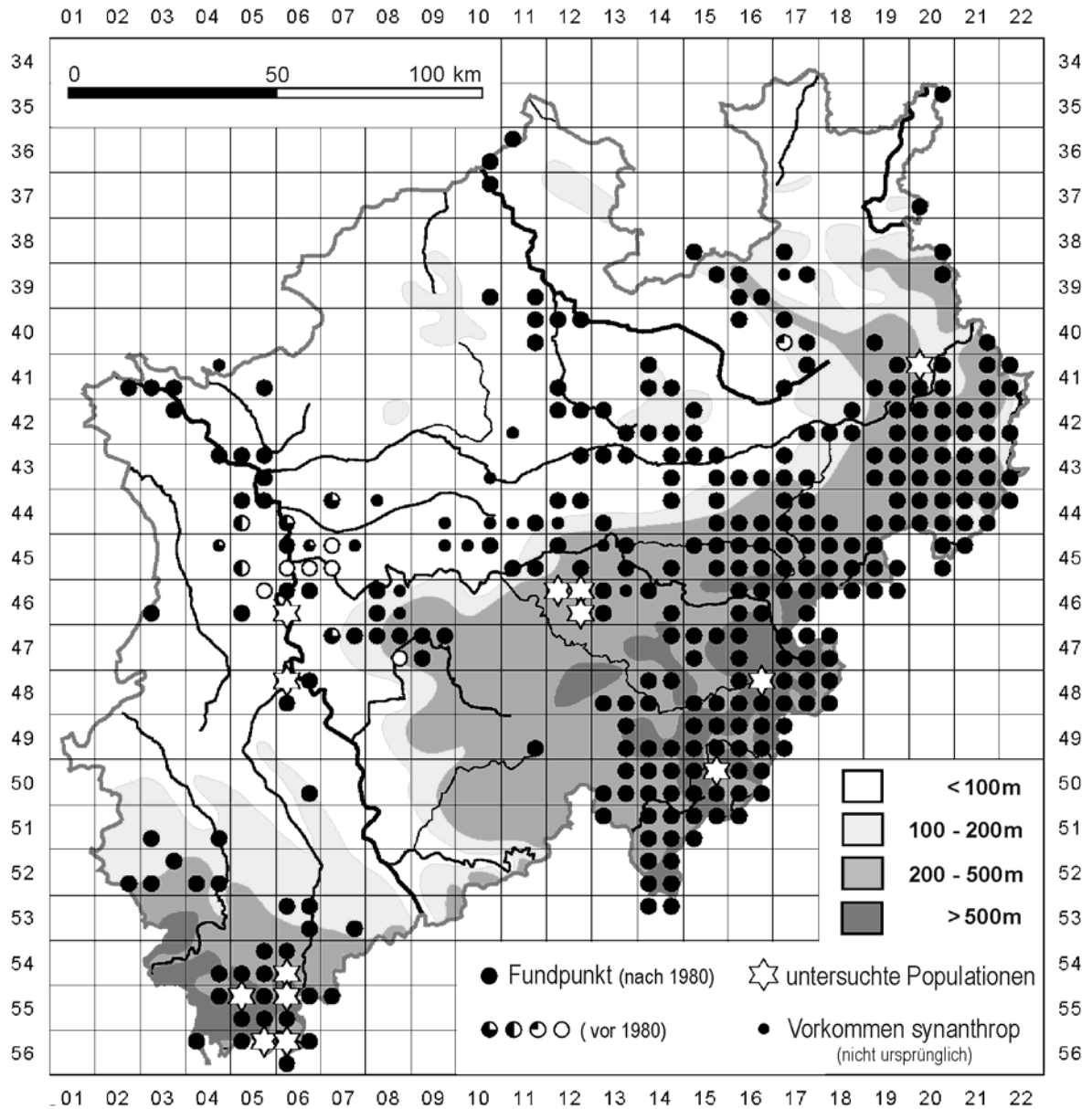


Abb. 3.3-1 Verbreitung des Wiesen-Kümmels (*Carum carvi* L.) in NRW (nach SCHUMACHER et al. 1996 und JAGEL & HÄUPLER 1995) unter Angabe der ausgewählten Fundstellen.

3.3.1 Morphologisch-biometrische Untersuchungen

Von den insgesamt 19 für die Untersuchungen ausgewählten Wildpopulationen wurden im Zeitraum 1997/98 10 (mit jeweils bis zu 16 Individuen) *ex situ* untersucht, im Wiederholungsanbau 1998/99 waren es 13 Populationen (mit je 10 Individuen).

3.3.1.1 Differenzierung von Populationen

Die Organbereiche „Sproß und Dolden“ bzw. „Früchte“ werden im folgenden getrennt voneinander behandelt, da den Untersuchungen im ersten Fall Einzelindividuen zugrundeliegen, während die Früchte den jeweiligen Populationen als Mischproben entnommen wurden.

Sproß und Dolden

Die folgenden Ergebnisse beziehen sich auf die Messungen an den Individuen des zweiten Anbaujahres (*ex situ* 1999). Aufgrund des in Einzelfällen erfolgten methodischen Fehlers im Vorjahr (vgl. 2.2.2.3) erfolgte hierfür die Auswertung im Anschluß unter Vorbehalt.

Die mit den Meßwerten von 112 Individuen aus 13 Populationen (einige der 130 Pflanzen ließen sich aufgrund von Sproßmißbildungen nicht vermessen) durchgeführte Diskriminanzanalyse ergab eine sehr heterogene Zuordnung der Individuen zu ihrer jeweiligen Population (Tab. 3.3-1). Fünf Populationen wurde kein einziges Individuum zugeteilt, bei einer dagegen (K-16) fiel der Anteil korrekt klassifizierter Fälle mit 66,7 % recht gut aus. Alle anderen Populationen wurden zu maximal 50 % als zusammengehörige Gruppe identifiziert.

Bei dem in der Analyse mit größter Priorität verrechneten Merkmal handelte es sich um das Längenverhältnis des längsten zum kürzesten Strahl der Dolde 1. Ordnung (L/Lk_Str). Mit einem Wert von 9,65 ragte lediglich K-16 heraus, die sich in diesem Merkmal von allen übrigen Herkünften, deren Indices sich zwischen 1,94 (K-2) und 4,59 (K-14) bewegten, unterschied. Abgesehen von K-16 erfolgte innerhalb des Spektrums der übrigen Populationen keine weitere Differenzierung.

Die zweite Variable von differenzierender Bedeutung war die Anzahl an Strahlen an der Dolde 1. Ordnung (Anz_Str). Hier lagen die Extreme zwischen durchschnittlich 7,5 (K-13) und 11,25 (K-3). K-16 nahm hierbei eine mittlere Position ein. Trotz der großen Spanne dieses Wertes war die Variable Anz_Str lediglich dazu in der Lage, die beiden genannten Populationen K-13 und K-3 zu charakterisieren, während zwischen allen weiteren Herkünften keine signifikanten Unterschiede hinsichtlich dieses Merkmals vorkamen.

Alle weiteren Merkmale, sowohl die aus dem Sproß- als auch die aus dem Doldenbereich, lieferten keine besseren Klassifizierungsergebnisse. Die Meßwerte fielen für alle Herkünften so variabel aus, daß sich keine gruppenspezifischen Merkmale darlegten; keines der Merkmale ließ signifikante Unterschiede zwischen den Populationen erkennen. Dies bedeutet, daß die

untersuchten Populationen keine homogenen Gruppen mit eigenen charakteristischen Eigenschaften bildeten.

Vor- gegebene Population	Vorhergesagte Gruppenzugehörigkeit													Gesamt	Korrekt klassifiziert (%)
	K-2	K-3	K-5	K-6	K-8	K-9	K-10	K-12	K-13	K-14	K-15	K-16	K-17		
K-2	0			1					1					2	0,0
K-3		4	1		3									8	50,0
K-5			4	3	1				2	1				10	40,0
K-6			2	4	1				3					10	40,0
K-8		2	2		2			2		1				9	22,2
K-9				5		0		1	1	1				8	0,0
K-10			1	4	1		0		2	1				9	0,0
K-12		1	1	1				4	1	2				10	40,0
K-13			1	4	1				2	2				10	20,0
K-14					1				5	2		2		10	20,0
K-15			1	1	2			1	3	1	0	0		9	0,0
K-16										3		6		9	66,7
K-17			3	2				2	1				0	8	0,0

Tab. 3.3-1 Klassifizierungsergebnis der Diskriminanzanalyse mit allen *ex situ* 1999 untersuchten Kümelpopulationen. Der Anteil korrekt klassifizierter Fälle (schattiert) lag bei insgesamt 25 %.

Bei der Auswertung der Untersuchungen des Vorjahres (Anbau 1997/98) wurde das gleiche Ergebnis erzielt wie das oben beschriebene: Die Populationen ließen sich nur in unzureichendem Maße gegeneinander abgrenzen; die Meßwerte streuten so stark, daß die Individuen nicht zu ihrer Population gruppiert werden konnten.

Individuen aus 9 der 10 im Zeitraum 1997/98 angebauten Populationen befanden sich auch im Folgejahr im Versuchsfeld. Ein Vergleich der beiden Anbaujahre ergab, daß sich alle Herkünfte des ersten Jahres von denen des zweiten in einem Merkmal voneinander unterschieden: Die Position der Dolde erster Ordnung innerhalb der Gesamtpflanze (Höhe_{1/2}) war im ersten Jahr relativ gesehen deutlich tiefer ausgebildet als im 2. Jahr. Befand sich die Dolde erster Ordnung zur Blütezeit im Juni 1998 im Bereich zwischen 41 % (K-9) und 69 % (K-13) der Pflanze, so erreichte sie im zweiten Jahr, Juni 1999, eine Höhe von 76 % (K-15) bis zu 83 % (K-6). Da die Ränge der Populationswerte in den beiden Jahren dabei nicht die gleichen waren, handelte es sich hier nicht um ein nicht konstant ausgeprägtes Merkmal.

Früchte

Die Vermessung der Kümmelfrüchte erfolgte an *In-situ*-Material (Messung 1996). Bei der Auswertung fielen 6 Populationen auf, die sich anhand der erhobenen Daten recht gut voneinander unterschieden: K-6, K-9, K-12, K-13, K-14 und K-15. Wichtigstes Unterscheidungsmerkmal war dabei die Fruchtlänge (als Mittelwert der beiden gemessenen Längen L1_fru und L2_fru), gefolgt von dem Verhältnis der Fruchtlänge zur -breite (L/B2_fru).

Die Fruchtlängen der 6 erwähnten Populationen reichten von 3,68 mm (K-6) bis 4,78 mm (K-14), ihre Längsbreite von 0,87 mm (K-12) bis 1,25 mm (K-9). Hinsichtlich der Länge (L_fru) unterschieden sich mit Ausnahme zweier Populationspaare – K-9/K-12 und K-14/K-15 – alle übrigen Herkünfte signifikant voneinander. Hinsichtlich der Breite (B2_fru) unterschied sich K-12 signifikant von allen anderen, während zwischen den drei Populationen K-13, K-14 und K-15 keine signifikanten Unterschiede vorlagen, so daß der Anteil falsch zugeordneter Früchte zwischen diesen Herkünften relativ hoch war (Tab. 3.3-2).

Vorgegebene Population	Vorhergesagte Gruppenzugehörigkeit						Gesamt	% korrekt klassifizierter Früchte
	K-6	K-9	K-12	K-13	K-14	K-15		
K-6	25	13	1	1			40	62,5
K-9	10	27		2		1	40	67,5
K-12	4		26	9	1		40	65,0
K-13			2	28		10	40	70,0
K-14			1	6	30	3	40	75,0
K-15		1		6	13	17	37	45,9

Tab. 3.3-2: Klassifizierungsergebnis der Diskriminanzanalyse zur Morphometrie der Früchte aus sechs ausgewählten Kümmelpopulationen (*in situ*).
64,6 % aller Fälle wurden der Population wieder korrekt zugeteilt (schattiert).

In den folgenden Jahren wurde aufgrund der aufwendigen Methodik auf weitere Messungen sowohl am *In-situ*- als auch am *Ex-situ*-Material verzichtet.

Das Tausendkorngewicht des *ex situ* geernteten Wildkümmels wies zwischen den verschiedenen Populationen z. T. große Unterschiede auf. 1998 lag das Gewicht zwischen 2,577 g (K-5) und 3,357 g (K-9), 1999 zwischen 2,122 g (K-16) und 3,275 g (K-2). Bei den in beiden Jahren angebaute Populationen konnte mit Ausnahme von K-5 in allen Fällen eine Abnahme des Tausendkorngewichts im Vergleich der Jahre festgestellt werden. Während der Unterschied bei K-13 mit 2,1 % und bei K-6 mit 5,8 % Abnahme relativ gering war, waren die Abweichungen bei K-9 und K-10 mit jeweils über 11 % bereits recht groß, bei K-15 mit fast einem Viertel Gewichtsverlust (-23,9 %) jedoch beträchtlich.

3.3.1.2 Geographische Differenzierungen

Die Suche nach einer Korrelierung von morphologischen Eigenschaften und der jeweiligen geographischen Lage der Kümmelpopulationen erwies sich insofern als schwierig, als die Populationen über so heterogene Eigenschaften verfügten, daß sie sich nicht in zufriedenstellendem Maße zu Einheiten zusammenfassen ließen. Im folgenden wurden daher die Populationen nicht mehr einzeln betrachtet, sondern zusammengefaßt, sofern sie aus derselben Großlandschaft stammten, um auf diese Weise nach einer übergeordneten Gruppierung zu suchen.

Die meisten Individuen des Anbaujahres 1998/99 kamen aus der Großlandschaft Eifel/Siebengebirge (65 Pflanzen aus 7 Populationen), aus dem Sauerland lagen 36 Pflanzen aus 4 Populationen vor und aus dem Weserbergland lediglich K-16 mit 10 Individuen. Von den beiden Populationen aus dem Niederrheinischen Tiefland kamen von den ursprünglich je 10 ausgesäten Samen nur 2 Pflanzen aus K-2 zur Blüte, aus K-19 hingegen keimte kein einziger Samen aus.

Eine trotz der ungleichen Verteilung der Populationen durchgeführte Diskriminanzanalyse mit allen Sproß- und Doldenvariablen führte lediglich zu dem Ergebnis, daß sich die Population K-16 wiederum deutlich von allen anderen aufgrund ihrer spezifischen Doldeneigenschaften absetzte – wichtigstes differenzierendes Merkmal war wiederum LI/Lk_Str (vgl. 3.3.1.1) –, während die übrigen Gruppen keine erkennbaren Eigenheiten aufwiesen. So wurden die Individuen des Niederrheinischen Tieflandes auf die beiden Großlandschaften Eifel und Sauerland aufgeteilt und die des Sauerlandes zum überwiegenden Teil der Eifel zugeordnet (vgl. Tab. 3.3-3).

Vorgegebene Großlandschaft	Vorhergesagte Gruppenzugehörigkeit					% korrekt
	EIFEL	NRTL	WBGL	SBGL	Gesamt	
EIFEL	56	0	0	9	65	86,2
NRTL	1	0	0	1	2	0,0
WBGL	1	0	6	2	9	66,7
SBGL	22	0	2	12	36	33,3

Tab. 3.3-3 Klassifizierungsergebnis der Diskriminanzanalyse zur Differenzierung der Großlandschaften in Nordrhein-Westfalen anhand der Sproß- und Doldenmerkmale des Kümmels (Anbau 1998/99). Schattiert: Anzahl korrekt klassifizierter Fälle (insgesamt 66,1 %).

3.3.1.3 Standörtliche Differenzierungen

Eine Korrelation zwischen den erhobenen Meßdaten aus dem Dolden- und Sproßbereich des 1999 *ex situ* untersuchten Kümmels und der **Höhenlage** konnte mit Hilfe der statistischen Analysen nicht ermittelt werden. Da der Wiesen-Kümmel eher in höheren Lagen, seltener in den Niederungen zu finden ist, stammte etwa die Hälfte der ausgewählten Populationen aus einer Höhenlage zwischen 450 und 550 m üNN. (die Einteilung der Klassen erfolgte in 50er-Schritten und reicht von „0-50 m“ bis „501-550 m üNN.“). Aus Höhenlagen unter 150 m wurden lediglich drei Populationen gefunden, von denen eine im Anbau nicht auskeimte (K-19), so daß die Zahl insgesamt zu gering erschien, um eine gesicherte Aussage zur Ausprägung morphologischer Eigenschaften mit Bezug zur Höhenlage zu treffen.

Auch ein Zusammenhang zwischen bestimmten morphologischen Ausprägungen und dem **mittleren jährlichen Niederschlag** am betreffenden Wuchsort ging aus dem vorhandenen Datenmaterial nicht hervor.

3.3.1.4 Vergleich von *In-situ*- und *Ex-situ*-Pflanzenmaterial

Für den Vergleich der im Gelände (*in situ*) und der im Anbau (*ex situ*) erhobenen Daten standen die folgenden Datensätze zur Verfügung:

- Morphometrische Daten der Sprosse und Dolden → *in situ* 1998, *ex situ* 1998 und 1999
- Messungen des Tausendkorngewichts → *in situ* 1996 bis 1999, *ex situ* 1998 und 1999

Aus verschiedenen Gründen konnte nicht jede Population jedes Jahr untersucht werden. *In situ* waren einige Bestände zum Zeitpunkt der Probennahme bereits gemäht oder durch Verbiß stark beschädigt. Populationen, aus denen kein Samenmaterial gesammelt werden konnte, standen folglich auch nicht im Anbau zur Verfügung. *Ex situ* kamen aus verschiedenen Populationen einzelne Samen (in einem Fall, K-19, sogar alle) nicht zur Keimung. Auch Individuen mit Mißbildungen an Sproß oder Dolden wurden nicht vermessen.

Im Gegensatz zu den bereits dargestellten Ergebnissen *ex situ* gelang eine Differenzierung der *in situ* untersuchten Populationen deutlich besser. Zwar waren auch hier einzelne Herkünfte anhand ihrer morphologischen Ausprägungen nicht faßbar, andere dagegen erwiesen sich als relativ gut charakterisierbare Gruppen. So ergab sich bei der Auswahl von 6 Populationen (K-5, K-6, K-9, K-10, K-13 und K-19) ein Klassifizierungsergebnis von über 76 % korrekt zugeordneter Fälle. Bei den differenzierenden Merkmalen handelte es sich um die Stellung der Dolde 1. Ordnung innerhalb der Pflanze (Höhe_1/2), die Anzahl Strahlen an der Dolde 1. Ordnung (Anz_Str), die Gesamthöhe der Pflanzen (Höhe_1) sowie die Anzahl Dolden pro Individuum (Anz_Dolden). Besonders fiel hierbei die Population K-19 auf, deren Dolde 1. Ordnung innerhalb der Gesamtpflanze deutlich niedriger ausgebildet war (bei 62% der Gesamthöhe) als bei den meisten anderen Populationen. K-6 und K-9 bildeten ebenfalls eine

Gruppe mit signifikant unterschiedlichen Werten zu den übrigen. Die Werte lagen hier bei ca. 70 %, während sich die Dolde 1. Ordnung bei allen anderen im Bereich zwischen 77 % und 82 % der Gesamthöhe befand.

Nahezu alle der *in situ* 1998 untersuchten Herkünfte wiesen deutliche Merkmalsunterschiede zu den im Anbau befindlichen Individuen derselben Population auf. In erster Linie unterschieden sie sich in der Höhe der Dolde 1. Ordnung (Höhe_2) und in der Strahlenlänge des längsten und kürzesten Strahls der Dolde 1. Ordnung (Ll_Str, Lk_Str). Auch bei der gemeinsamen Eingabe aller untersuchten Individuen – unterteilt in die drei Gruppen „*in situ* 1998“, „*ex situ* 1998“ und „*ex situ* 1999“ – zeigten sich die Unterschiede in den jeweiligen Mittelwerten. Tab. 3.3-4 gibt die Mittelwerte einiger Merkmale wieder.

Merkmal	<i>in situ</i> 1998	<i>ex situ</i> 1997/98	<i>ex situ</i> 1998/99
Höhe_1	59,92	73,08	80,88
Höhe_2	46,77	40,85	65,52
Höhe_1/2	78,14	54,52	81,16
Anz_Str	7,84	8,59	9,51
Ll_Str	3,51	4,95	5,23
Lk_Str	1,12	1,49	1,99
L_Stiel	4,24	7,39	7,40

Tab. 3.3-4

Vergleich der *in situ* und *ex situ* erhobenen Daten: Mittelwerte ausgewählter Merkmale aus dem Sproß- und Doldenbereich, in denen sich die drei Gruppen voneinander unterschieden.

Das Tausendkorngewicht lag in der Regel bei den angebauten Populationen höher als bei den *in situ* untersuchten. Nur bei wenigen Herkünften (z. B. K-16 und K-17) war es niedriger. Allerdings schwankte der Wert am jeweiligen Wuchsort z. T. erheblich von Jahr zu Jahr.

3.3.1.5 Vergleich von Sorten und Wildherkünften

Der Vergleich zwischen den 12 ausgewählten Sorten und den Wildherkünften bezog sich ausschließlich auf die Bestimmung von züchterisch relevanten Merkmalen, d. h. das Tausendkorngewicht, die Inhaltsstoffe und die Anfälligkeit gegenüber Pathogenen (zu letzteren vgl. 3.3.3).

Das Tausendkorngewicht betrug bei den Wildherkünften (Anbau 1997/98) im Durchschnitt 2,954 g und lag damit nur geringfügig unter dem der Sorten mit 3,054 g (vgl. Tab. 3.3-11). Einzelne Wildpopulationen erreichten dabei auch höhere Werte als die meisten Kultursorten, so z. B. K-9, die mit 3,495 g nur noch von der Sorte *Niederdeutscher* übertroffen wurde, und K-15, die mit 3,233 g nahezu das Gewicht von *Plewiski* und *Maud* erreichte. Die Sorten *Trojica*, *Mansholts* und *Record* lagen mit weniger als 2,8 g Tausendkornmasse unter dem der meisten Wildpopulationen.

3.3.2 Molekulargenetische Untersuchungen

Es wurden 9 natürliche Kümmel-Populationen aus vier Großlandschaften Nordrhein-Westfalens sowie 10 Kultursorten einer RAPD-Analyse unterzogen. Acht Populationen wurden durch je drei, eine durch 10 Individuen repräsentiert. Von den Sorten wurde jeweils ein Individuum analysiert. Insgesamt wurden 44 Individuen untersucht, 34 Individuen aus natürlichen Populationen sowie 10 Sorten.

Die RAPD-PCR mit 15 Primern ergab insgesamt 6452 auswertbare Banden in 208 *bins*. Die Lage der Populationen ist Tab. 7.xx im Anhang zu entnehmen

3.3.2.1 Genetische Distanzen, Variabilität

Von den 208 erhaltenen *bins* waren 156 (75%) polymorph. Nur ein einziger *bin* kam ausschließlich bei den Sorten vor (vgl. 3.3.2.5).

Die 34 Individuen der 9 Populationen wiesen noch 207 *bins* auf, von denen 152 (73%) polymorph waren. Mit ihrer Hilfe konnten alle untersuchten Individuen voneinander unterschieden werden. 12 Banden (6%) traten nur bei jeweils einem einzigen Individuum auf.

Molekulare Varianzanalyse

Vergleicht man die Variabilität innerhalb und zwischen den Populationen miteinander, so zeigte sich, daß beim Kümmel die Variabilität zwischen den Populationen (46,6%) etwas geringer war als innerhalb der Populationen (53,4%). Da bei nur 34 Individuen der Einfluß der mit 10 Individuen beprobten Population nicht vernachlässigt werden darf, wurden in einer zweiten Berechnung von dieser ebenfalls nur 3 Individuen einbezogen (Ergebnis in [Klammern]). Es zeigte sich, daß nun der Anteil der Variabilität zwischen den Populationen etwa ebenso groß war wie innerhalb²⁷.

Varianz zwischen den Populationen:	46,59 %	[49,72 %]	p < 0,001
Varianz innerhalb der Populationen:	53,41 %	[50,28 %]	p < 0,001
$\Phi_{st} = 0,503 \quad [0,513]^{28}$			

Genetische Distanzen

Die durchschnittliche genetische Distanz der 9 untersuchten Populationen aus NRW zueinander betrug 19,5 %. Die Distanzen schwankten zwischen 8,1 % und 26,7 % (Variationsbreite 18,6).

²⁷ Auch bei der Berechnung der Varianzen ohne die Populationen K-17 und K-19, bei denen es sich vermutlich um Einsaaten handelt (vgl. 3.3.2.3 sowie 3.3.2.5) bleibt dieses Verhältnis bestehen: Varianz zwischen den Populationen: 49,36%, Varianz innerhalb der Populationen: 50,64%.

²⁸ Φ_{st} gibt an, wie gut die Gruppierung der Individuen zu den vorgegebenen Populationen gegenüber einer Zufallsgruppierung der Individuen (1000 Permutationen) ist. Ein mittlerer Wert von 0,5 zeigt, daß die Populationen zwar nicht sehr gut, aber insgesamt dennoch voneinander abgrenzbar sind (vgl. auch 2.2.5.2).

Dies entspricht einem Unterschied von mehr als 300 %. Die geringste genetische Distanz zwischen zwei Populationen lag dabei zwischen K-17 und K-19 (GD = 8,13 %). Wie sich jedoch herausstellte, handelt es sich bei diesen zwei Populationen vermutlich nicht um "natürliche" Populationen, sondern um Einsaaten (s.u.). Zwischen den verbleibenden 7 natürlichen Populationen betrug die durchschnittliche Distanz 20% mit einer Variationsbreite von lediglich 14,08 (= 211%).

Die Berechnung der paarweisen genetischen Distanzen aller Individuen zueinander zeigte, daß alle Individuen recht große genetische Unterschiede zueinander aufwiesen. Die Distanzen zwischen den Individuen einer Population waren i.d.R. nur geringfügig kleiner als zu Individuen anderer Populationen²⁹ (vgl. 3.3.2.3).

Das Ergebnis der Berechnung aller paarweisen Distanzen zwischen den Populationen ist in Tabelle 3.3-5 dargestellt. Zum Vergleich zeigt die Tabelle außerdem die untersuchten Sorten³⁰.

3.3.2.2 Ähnlichkeitsanalysen

Zur Darstellung der Ähnlichkeit der Individuen und Populationen zueinander wurden aus den paarweisen genetischen Distanzen sowohl verschiedene Dendrogramme (Phänogramme!) berechnet als auch eine Hauptkoordinaten-Analyse durchgeführt.

Abb. 3.3-3 zeigt die Lage aller untersuchten Individuen zueinander in einem dreidimensionalen Raum (Hauptkoordinaten-Analyse). Abb. 3.3-2 a) zeigt das Phänogramm einer UPGMA Berechnung, Abb. 3.3-2 b) einen Neighbor-joining-Baum.

Alle drei Abbildungen zeigen, daß trotz der relativ großen genetischen Distanzen der Individuen zueinander die Individuen einer Population zusammengruppiert werden (vgl. 3.3.2.3). Zudem zeigt insbesondere der durch das Neighbor-joining-Verfahren berechnete Baum und die Hauptkoordinaten-Analyse, daß es darüber hinaus drei größere, wenn auch schwache Populations-Gruppen gibt: "EIFEL", "SBGL/WBGL" und "Sorten/Einsaaten" (vgl. 3.3.2.4). Bei letzterer wurden mit allen Verfahren die Individuen der Populationen K-17 und K-19 zu den Kultursorten gruppiert. Einzelne gute Pärchen gab es, mit Ausnahme der Populationen K-14 und K-15, die nur ca. zwei Kilometer voneinander entfernt wuchsen, nicht.

²⁹ Die entsprechende Distanzmatrix ist nicht abgebildet. Der Sachverhalt läßt sich jedoch auch dem UPGMA-Dendrogramm (Abb. 3.3-2) entnehmen.

³⁰ Zur Bildung des molekularen Phänotyps der Sorten wurden – analog zu den Populationen (vgl. 2.2.5.2) - die Bandenmuster der einzelnen Sorten zu einem einzigen vereinigt.

Paarweiser Vergleich aller Kümmelpopulationen: genetische Distanz nach Jaccard (in %):

(berechnet mit TREECON nach Link et al.1995)

(Extrema und Mittelwerte wurden ohne 0-Werte berechnet, in [Klammern] ist jeweils die Anzahl der untersuchten Individuen pro Population angegeben)

NRTL: Niederrheinisches Tiefland: K-19 [3]*

WBGL: Weserbergland: K-16 [3]

EIFEL: Eifel: K-5 [3], K-8 [10], K-13 [3]

Sorten: S1 - S10 [je 1]

SBGL: Süderbergland: K-10 [3], K-14 [3], K-15 [3], K-17 [3]*

* vermutlich Einsaaten (vgl. Text)

		EIFEL	EIFEL	SBGL	EIFEL	SBGL	SBGL	WBGL	SBGL	NRTL	
		K-5	K-8	K-10	K-13	K-14	K-15	K-16	K-17	K-19	Sorten
EIFEL	K-5	0	13,12	20,34	22,22	18,38	16,04	21,02	16,00	18,97	15,93
EIFEL	K-8	13,12	0	19,67	21,51	15,87	12,63	19,34	16,48	20,33	11,41
SBGL	K-10	20,34	19,67	0	25,00	21,98	19,57	18,56	16,57	19,64	16,48
EIFEL	K-13	22,22	21,51	25,00	0	26,60	23,28	26,71	25,70	26,71	23,37
SBGL	K-14	18,38	15,87	21,98	26,60	0	13,83	22,65	16,76	20,67	17,65
SBGL	K-15	16,04	12,63	19,57	23,28	13,83	0	22,16	17,39	21,20	14,36
WBGL	K-16	21,02	19,34	18,56	26,71	22,65	22,16	0	16,17	20,36	19,21
SBGL	K-17	16,00	16,48	16,57	25,70	16,76	17,39	16,17	0	8,13	10,98
NRTL	K-19	18,97	20,33	19,64	26,71	20,67	21,20	20,36	8,13	0	15,03
	Sorten	15,93	11,41	16,48	23,37	17,65	14,36	19,21	10,98	15,03	0
	Mittelwert wild':	18,26	17,37	20,17	24,71	19,59	18,26	20,87	16,65	19,50	
	Min wild':	13,12	12,63	16,57	21,51	13,83	12,63	16,17	8,13	8,13	
	Max wild':	22,22	21,51	25,00	26,71	26,60	23,28	26,71	25,70	26,71	
	Max wild' & Sorten:	22,22	21,51	25,00	26,71	26,60	23,28	26,71	25,70	26,71	23,37

wild (natürl. Pop.):
Maximum: 26,71 %
Mittelwert: 20,02 %
Minimum: 12,63 %
Variationsbreite: 14,08

wild' (incl. K-17 u. K-19):
Maximum: 26,71 %
Mittelwert: 19,49 %
Minimum: 8,13 %
Variationsbreite: 18,58

mit Sorten:
Maximum: 26,71 %
Mittelwert: 18,80 %
Minimum: 8,13 %
Variationsbreite: 18,58

Tab. 3.3-5 Genetische Distanzen zwischen allen 9 Kümmel-Populationen und den Kultursorten

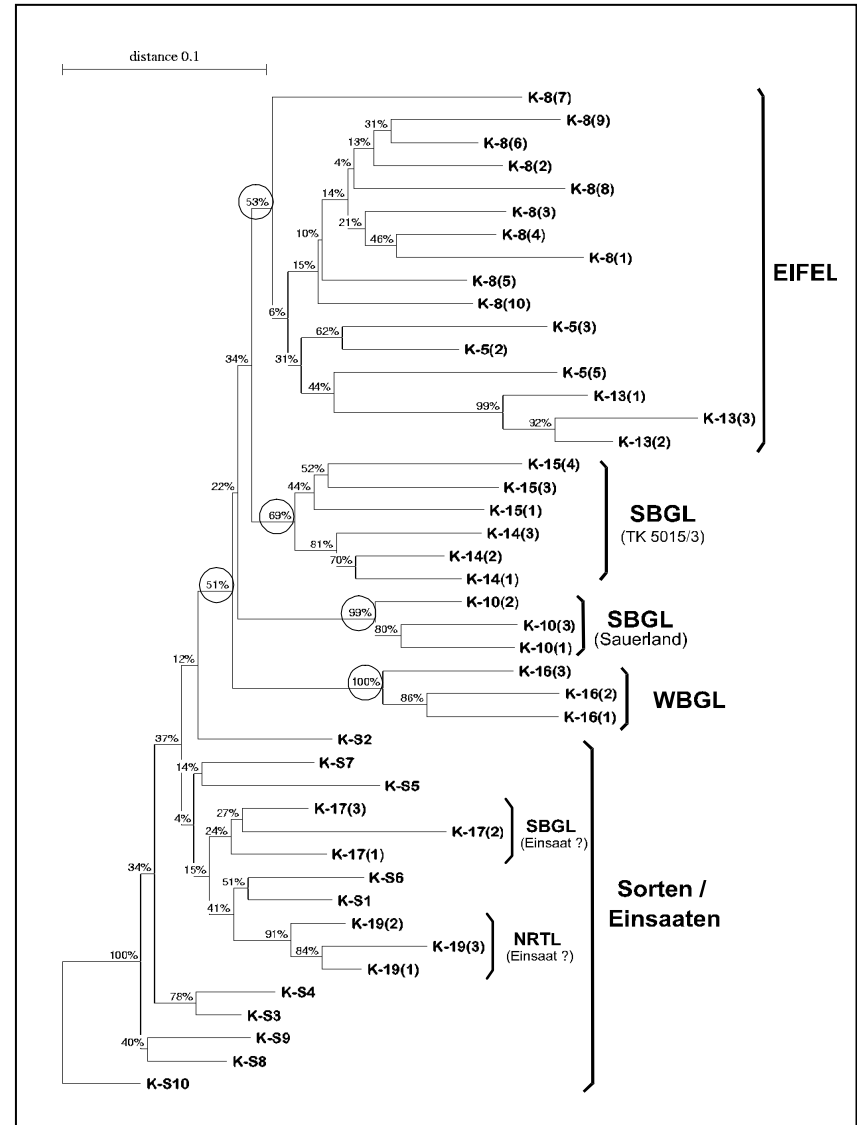
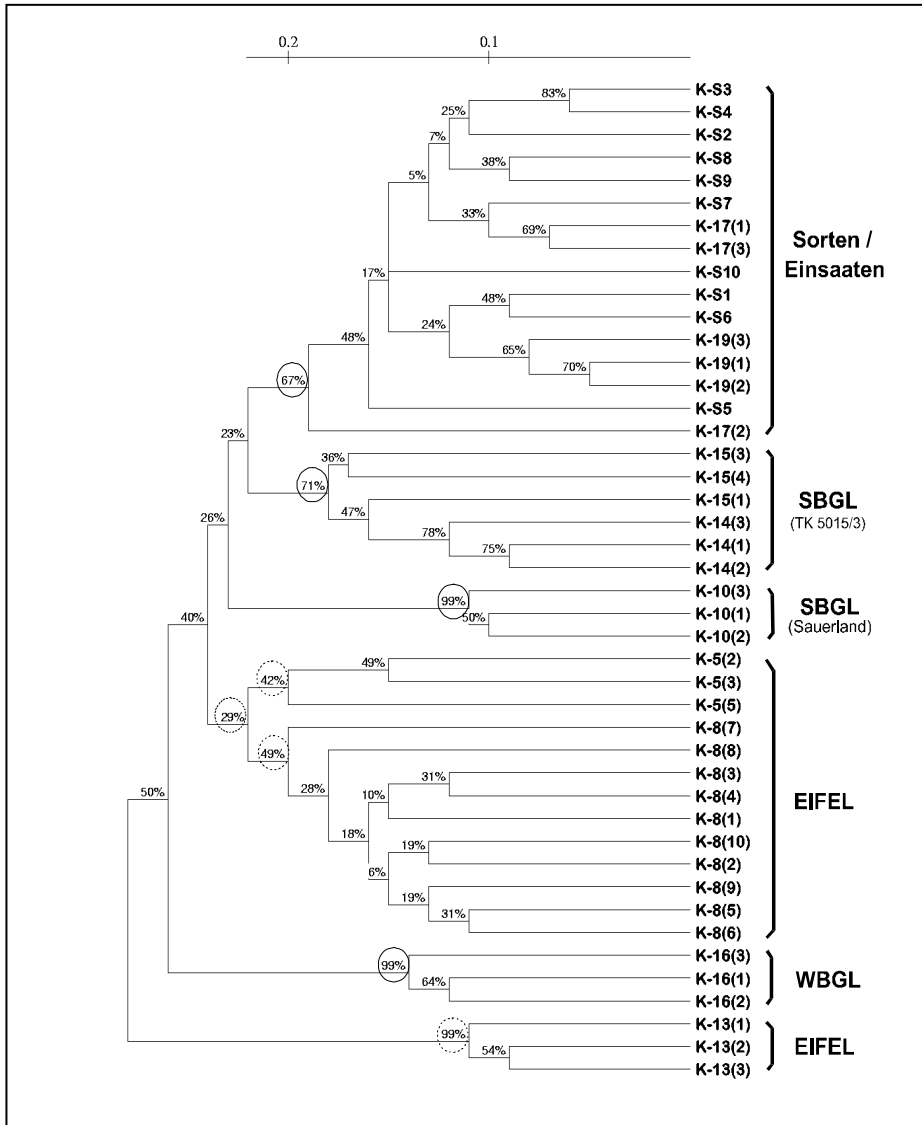


Abb. 3.3-2 Phänogramme einer a) UPGMA-Clusteranalyse (links),
(Die bootstrap-Werte, die den Zusammenhalt der Gruppen angeben sind jeweils eingekreist)

b) Neighbor-joining-Analyse (rechts) aller 44 Kümmel-Individuen

Carum carvi

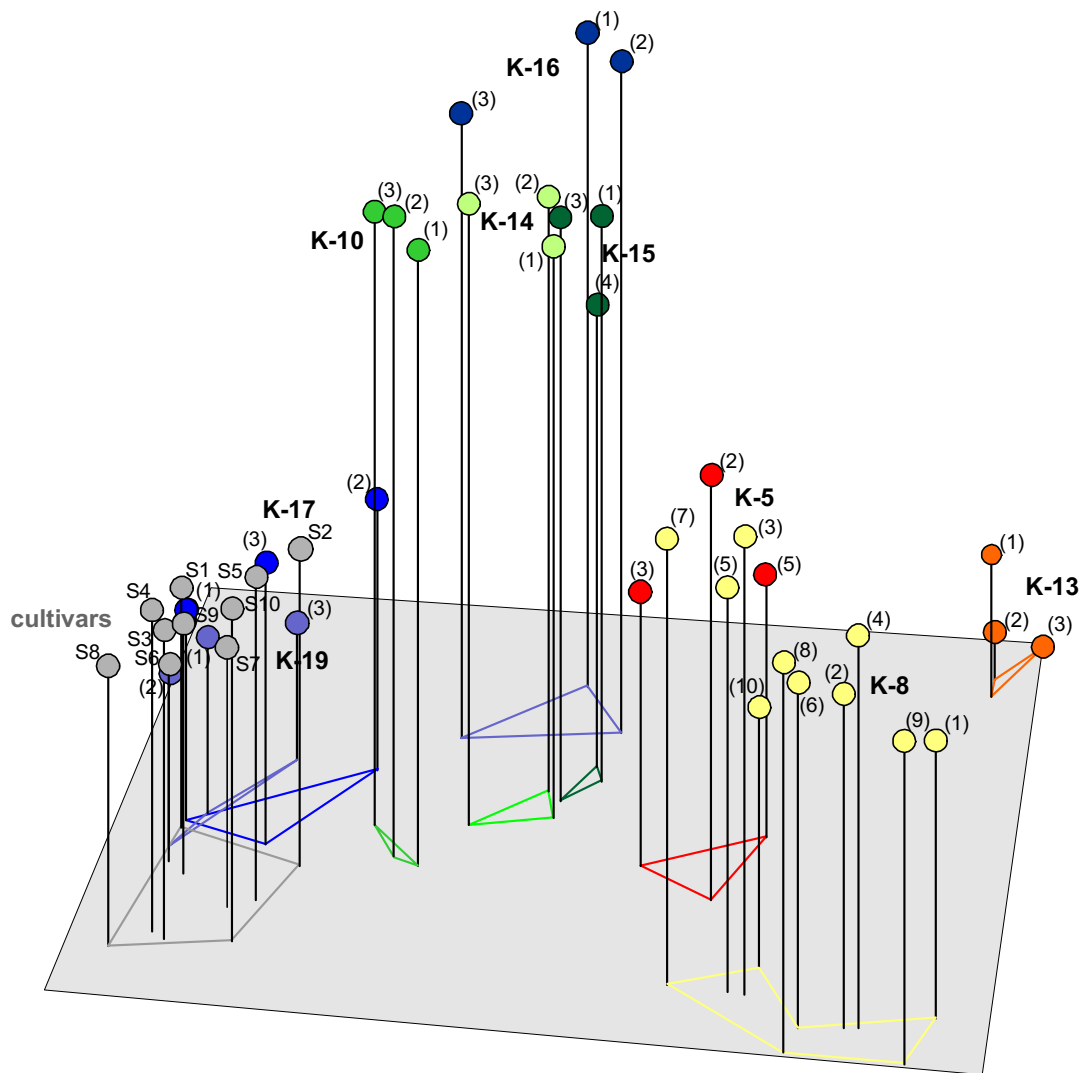


Abb. 3.3-3 Hauptkoordinaten-Analyse aller 44 untersuchten Kümmel-Individuen

3.3.2.3 Differenzierung von Populationen

Wie bereits oben geschildert, lassen sich alle Populationen voneinander differenzieren. Der Zusammenhalt der Populationen war jedoch zum Teil recht schwach. Während die UPGMA-Clusteranalyse bis auf K-17 alle Populationen differenziert, wurden beim Neighbor-joining-Verfahren, das die größeren Gruppen besser darstellt, einige Populationen nicht eindeutig getrennt. Auch die molekulare Varianzanalyse (vgl. 3.3.2.1) zeigte nur eine mäßige Charakterisierung der Populationen.

Wichtig für den Zusammenhalt der Populationen waren wiederum populationsspezifische Banden. So kamen beim Kümmel bei insgesamt 19 der 152 polymorphen *bins* Banden nur in jeweils einer Population vor, bei weiteren 34 fehlten Banden nur in einer Population, während sie bei allen anderen Individuen vorhanden waren. Es kamen somit in insgesamt 53 *bins* populationsspezifische Banden vor (= 35 %). Alle Populationen wiesen solche *bins* auf. Betrachtet man nur die streng populationsspezifischen *bins*³¹, so blieben 12 *bins* – 4 vorhandene und 8 fehlende (= 8 %)³². Tabelle 3.3-6 zeigt eine Aufstellung aller *bins* mit populationsspezifischen Banden der neun untersuchten Kümmel-Populationen.

populationsspezifische Banden	K-5	K-8	K-10	K-13	K-14	K-15	K-16	K-17	K-19	Σ
vorhanden	3	1	0	5	5	4	0	0	1	19
fehlend	2	9	6	2	1	0	8	3	3	34
streng vorhanden	0	0	0	2	1	1	0	0	0	4
streng fehlend	0	0	3	0	0	0	4	0	1	8

Tab. 3.3-6 Populationspezifische Banden der untersuchten Kümmel-Populationen

3.3.2.4 Geographische / standörtliche Differenzierungen

Wenngleich einige nahe beieinander wachsende Populationen auch relativ geringe genetische Distanzen (GD) aufwiesen (GD K-14 / K-15 = 13,8 %, GD K-5 / K-8 = 13,1 %), ließen sich auch gegenteilige Beispiele finden. So wiesen sowohl das Pärchen K-13 / K-5 als auch K-13 / K-16 eine genetische Distanz von ca. 21 % auf. Die geographische Entfernung der Wuchsorte betrug bei K-13 / K-5 jedoch 14 km und bei K-13 / K-16 227 km!

Zur Überprüfung eines Zusammenhangs zwischen den geographischen und genetischen Distanzen wurde ein Manteltest (MANTEL 1967) mit allen paarweisen genetischen und geographischen Distanzen der 7 natürlichen Populationen durchgeführt. Die Populationen K-17 und K-19 wurden vom Test ausgeschlossen. Wie Abbildung 3.3-4 und der Matrix-Korrelationswert von 0,36 ($p = 0,0749$) zeigen, liegt keine signifikante Korrelation vor³³.

Wie bereits in 3.3.2.2 kurz beschrieben, lassen sich drei schwache größere Gruppen von Populationen erkennen: die Eifel-Populationen, die Populationen aus dem Süder- und Weserbergland (SBGL/ WBGL) sowie eine Gruppe, bestehend aus den Kultursorten und den zwei

³¹ Als streng populationsspezifisch werden solche *bins* bezeichnet, bei denen alle Individuen einer Population eine bestimmte Bande aufweisen (bzw. nicht aufweisen), die bei allen anderen Individuen fehlt (bzw. vorhanden ist).

³² Die Qualität der populationsspezifischen *bins* ist abhängig von der Anzahl der untersuchten Populationen. Je geringer die Anzahl der untersuchten Populationen ist, desto mehr *bins* erscheinen populationsspezifisch (insbesondere die "nicht strengen"). Bei einer größeren Anzahl von Populationen kommen solche Banden jedoch auch noch bei weiteren Populationen vor und verlieren somit ihre Spezifität.

³³ Bei einem Wert kleiner als 0,7 liegt keine signifikante Korrelation vor. Gute Korrelationen sollten Werte $r > 0,8$ mit entsprechend kleinen Signifikanzen ($p < 0,001$) aufweisen.

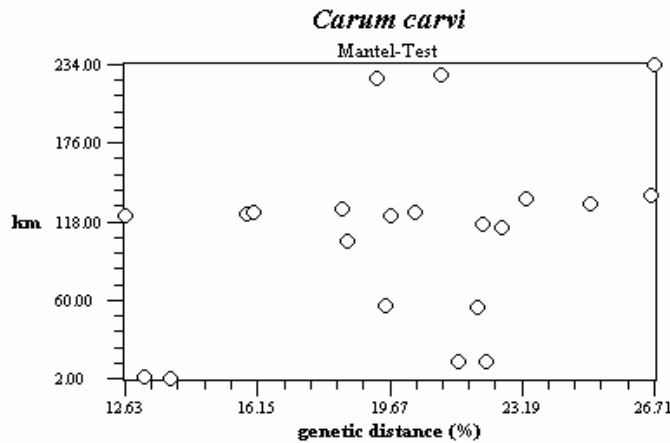


Abb. 3.3-4 Korrelationsanalyse geographische /genetische Distanzen (Manteltest)

8 auf drei Individuen brachte keine anderen Ergebnisse. Wenngleich der Anteil der einzelnen Varianzen und die erhaltenen ϕ -Werte signifikant waren ($p < 0,001$), so zeigten die ϕ -Werte selbst, daß die Gruppeneinteilungen nicht gut abgesichert sind. Ein Teil der Ergebnisse ist in Tabelle 3.3-7 dargestellt.

Gruppen #alle Individuen, * je drei Individuen	Varianz / Signifikanz	zwischen Gruppen	Zwischen Populationen	innerhalb Populationen
1: Eifel # 2: SBGL / WBGL # 3: Sorten und Einsaaten #	Varianz: ϕ : Sign. (Var. u. ϕ):	12,18 $\Phi_{CT} = 0,122$ $p < 0,001$	34,37 $\Phi_{SC} = 0,391$ $p < 0,001$	53,44 $\Phi_{ST} = 0,466$ $p < 0,001$
1: Eifel (K-5, K-8, K-13) # 2: SBGL (K-10, K-14, K-15) # 3: WBGL (K-16) # 4: Einsaaten (K-17, K-19) #	Varianz: ϕ : Sign. (Var. u. ϕ):	15,03 $\Phi_{CT} = 0,150$ $p < 0,001$	33,27 $\Phi_{SC} = 0,392$ $p < 0,001$	51,70 $\Phi_{ST} = 0,483$ $p < 0,001$
1: Eifel * 2: SBGL * 3: WBGL * 4: Einsaaten *	Varianz: ϕ : Sign. (Var. u. ϕ):	16,54 $\Phi_{CT} = 0,165$ $p < 0,001$	34,80 $\Phi_{SC} = 0,417$ $p < 0,001$	48,66 $\Phi_{ST} = 0,513$ $p < 0,001$

Tab. 3.3-7 Varianzen innerhalb und zwischen Populations-Gruppen

Anhaltspunkte für Korrelationen mit bestimmten Höhenlagen, Niederschlagsmengen oder anderen Standortfaktoren konnten nicht gefunden werden.

3.3.2.5 Vergleich von Sorten und Wildherkünften

Wie aus den Phänogrammen und der Hauptkoordinaten-Analyse ersichtlich (vgl. 3.3.2.2), ließen sich die 10 Sorten alleine nicht als eigene Gruppe von den übrigen Populationen ab

vermutlich angesäten Populationen K-17 und K-19. Eine Überprüfung der Signifikanz dieser Gruppen mit Hilfe der molekularen Varianzanalyse ergab jedoch keine ausreichende Charakterisierung. Ebenfalls nicht signifikant waren Tests bzgl. der Zugehörigkeit der Populationen zu den entsprechenden Großlandschaften. Auch Ausschluß und Einbeziehung von K-17 und K-19 oder die Reduzierung von K-

trennen. Die Populationen K-17 und K-19 wurden dazwischen gruppiert. Zusammen mit diesen bildeten sie eine mäßig charakterisierte Gruppe (UPGMA 67%, Neighbor-joining 51%), deren Distanz von den übrigen Populationen relativ gering ist.

Betrachtet man die Anzahl der polymorphen *bins* (Bandenstatistik) der 10 Kultursorten, so waren lediglich 5 "sortenspezifisch" (1 vorhanden, 4 fehlend). Keiner davon kam jedoch bei allen Sorten vor und war somit "streng sortenspezifisch". Dem stehen 37 *bins* gegenüber, die bei den natürlichen Populationen vorkommen, bei allen Sorten aber fehlen. Während bei den natürlichen Populationen 73 % der *bins* polymorph waren, waren es bei den Sorten lediglich 36 %. Nur ein einziger *bin* zeigte Polymorphismen bei den Sorten, der bei den natürlichen Populationen monomorph war.

Um die genetische Variabilität der 10 untersuchten Kultursorten mit der Variabilität der natürlichen Populationen besser vergleichen zu können, wurden im folgenden vier unterschiedliche Zusammenstellungen von je 10 Individuen aus den insgesamt 34 Individuen der Wildvorkommen getroffen und mit den 10 Sorten verglichen:

	A	B	C	D	\emptyset	Sorten
Σ <i>bins</i>	177	198	188	197	190	171
monomorphe bins	106	89	80	80	89	109
polymorphe bins	71 (40%)	109 (55%)	108 (57%)	117 (59%)	101 (53%)	62 (36%)
Bins mit nur einer Bande	5 (3%)	17 (8,6%)	12 (6,4%)	19 (9,6%)	13 (6,8%)	9 (5,3%)
A: 10 Individuen aus <u>einer</u> Population mit durchschnittlicher Variabilität (K-8) B: 10 zufällig ausgewählte Individuen (Zufallsauswahl 1); C: 10 Individuen (Zufallsauswahl 2) D: 10 Individuen aus 9 <u>verschiedenen</u> Populationen						

Tab. 3.3-8 Anteil polymorpher *bins* bei Sorten und Wildvorkommen

Wie aus obiger Tabelle ersichtlich, weisen 10 beliebige Individuen aus NRW eine deutlich größere Variabilität auf (ca. + 50 %) als die 10 untersuchten Kultursorten.

Bei einem Vergleich der paarweisen genetischen Distanzen der 10 Sorten (Tabelle 3.3-9) mit denen der natürlichen Populationen (Tabelle 3.3-5) zeigte sich, daß die Sorten einander deutlich ähnlicher sind (mittlere genetische Distanz = 13,25%) als die Populationen untereinander (mittlere genetische Distanz = 19,49%). Wiederum war selbst die maximale genetische Distanz zwischen zwei Sorten geringer als die mittlere zwischen den Populationen.

Vergleicht man die molekularen Varianzen miteinander (10 Sorten zu 10 Individuen aus 9 bzw. 7 Populationen, Tab. 3.3-10), so zeigte sich, daß die Variabilität (als Summe der quadrierten euklidischen Distanzen) zwischen den 10 Wildvorkommen etwa doppelt so groß ist wie zwischen den 10 Sorten. Außerdem zeigte der Vergleich der Varianz zwischen und innerhalb der beiden Gruppen, daß die Sorten nur schlecht von den natürlichen Populationen abgrenzbar sind und ihre Varianz bereits weitgehend in ihnen enthalten ist. Ob man die zwei

Zum anderen zeigen sie kaum eigene Polymorphismen und sind daher als eigenständige Gruppe nur mäßig abgrenzbar. Das Verhältnis der Kümmel-Sorten zu den Wildvorkommen des Kümmels läßt sich daher wie folgt charakterisieren:

Die Sorten umfassen nur eine relativ kleine Teilmenge des gesamten Genpools von *Carum carvi* und sind den natürlichen Populationen genetisch noch sehr ähnlich.

Die Kümmel-Sorten sind offenbar züchterisch noch nicht so weit bearbeitet worden, daß sich sortenspezifische *bins* herausbilden konnten.

3.3.3 Inhaltsstoffanalyse und Infektionstest mit Pathogenen

Von den 1997/98 im Anbau befindlichen Wildherkünften wurden der Gehalt an ätherischem Öl der Früchte, der Carvonanteil im Öl sowie die Farbkomponenten L*, a* und b* bestimmt (vgl. Tab. 3.3-11). Zum Vergleich wurden die Daten von 12 aktuell genutzten Kultursorten hinzugezogen (vgl. PANK 2000).

Der Gehalt an ätherischem Öl war bei den Wildformen deutlich höher als bei den Sorten. Selbst der niedrigste gemessene Wert (K-10) lag mit 4,48 % noch über dem Sortendurchschnitt (4,27 %). Der Anteil an Carvon im Öl fiel zwar bei den Wildpflanzen etwas niedriger aus als bei den Sorten, doch lag er immer noch in dem für Sorten geforderten Bereich zwischen 50 und 65 %. Auch hinsichtlich des Helligkeitswerts L* und der Farbkomponenten a* und b* bestanden Unterschiede zwischen den untersuchten Wildpopulationen, die einen Hinweis auf unterschiedliche Genotypen geben.

Erntejahr	Wildkümmel						Kulturkümmel		
	1998			1999			1997 und 1998		
	Mittel	Max.	Min.	Mittel	Max.	Min.	Mittel	Max.	Min.
Doldenbräune-Befall	42,4	130,0	0,0	8,9	36,4	0,0	keine Angaben		
Gehalt an ätherischem Öl (%)	6,06	6,69	4,91	5,83	7,96	4,48	4,27	6,56	3,60
Carvongehalt des äth. Öls (%)	61,7	66,3	57,9	60,0	65,4	52,3	65,63	72,80	59,71
TKG (g)	2,95	3,50	2,42	2,72	3,22	2,01	3,054	4,030	2,549
Farbkomponente L* CIELAB	31,20	34,00	28,67	34,72	35,77	33,97	35,45	37,22	33,45
Farbkomponente a* CIELAB	3,96	4,45	3,52	5,01	5,55	4,40	4,89	5,53	4,45
Farbkomponente b* CIELAB	10,38	11,50	9,30	12,44	13,26	11,77	13,28	14,53	12,13

Tab.3.3-11 Boniturergebnisse des Wildkümmels aus den Erntejahren 1998 (10 Populationen) und 1999 (13 Populationen) im Vergleich zu den Werten 10 aktueller Sorten (Quelle: PANK).

Die Doldenbräune, eine durch einen Komplex pilzlicher Erreger³⁴ verursachte Erkrankung von Kümmelpflanzen (GABLER & Ehrig 2000, PANK et al. 2001, *i. p.*), stellt derzeit ein zentrales Problem im Kümmelanbau dar. Die Überprüfung der bereits standörtlich, morphologisch und molekulargenetisch charakterisierten Wildpopulationen hinsichtlich ihrer Reaktion gegenüber den Pilzen ergab, daß in den beiden Anbaujahren signifikante Unterschiede zwischen den Populationen bestanden. Dabei erwiesen sich im ersten Jahr die Pflanzen aus K-15, im zweiten Jahr die aus K-2 als befallsfrei. Der stärkste Befall wurde in beiden Untersuchungsjahren bei K-9 festgestellt.

Diese Ergebnisse sind von Bedeutung für die Züchtungsforschung, da durch Einkreuzung von resistentem Wildmaterial möglicherweise resistente Zuchtsämme gewonnen werden können.

3.3.4 Zusammenfassung und Diskussion der Ergebnisse

Für die Ermittlung der innerartlichen Diversität des Wiesen-Kümmels (*Carum carvi*) wurden morphologische Untersuchungen an ca. 200 Individuen *in situ* und ca. 130 Individuen *ex situ* aus 19 natürlichen Populationen durchgeführt. 34 Individuen aus 9 Populationen sowie 10 derzeit genutzte Kultursorten wurden molekulargenetisch (RAPD-PCR) untersucht. Alle im Anbau befindlichen Pflanzen wurden im Hinblick auf Inhaltsstoffe und Reaktionen gegenüber Pathogenen evaluiert.

Aus den verschiedenen Bereichen der Kümmelpflanzen wurden im Rahmen der morphologischen Untersuchungen die Sproßabschnitte, die Dolden erster Ordnung sowie die Früchte untersucht. Auf Betrachtungen der Blätter und Einzelblüten wurde verzichtet, da deren Morphologie bereits innerhalb einer Pflanze sehr variabel sein kann.

Mit Hilfe der 17 *ex situ* biometrisch erfaßten Merkmale von insgesamt 130 Individuen aus 13 Wildpopulationen (Anbau 1998/99) war es kaum möglich, die einzelnen Populationen zu charakterisieren und sie somit gegeneinander abzugrenzen. Die Sproß- und Doldenmerkmale erwiesen sich als so variabel, daß die Streuung zwischen den verschiedenen Herkünften größer war als innerhalb einer Herkunft. Lediglich einzelne Populationen verfügten über Eigenschaften, durch die sie sich von den übrigen unterschieden, so beispielsweise K-16, K-3 und K-13, die sich durch besondere Merkmale in der Doldenanatomie auszeichneten.

Im Gegensatz zu den Ergebnissen an *Ex-situ*-Pflanzenmaterial konnten die Populationen am jeweiligen Wuchsort (*in situ*) morphologisch recht gut charakterisiert werden. Sie verfügten zwar nicht über deutlich unterschiedliche, jedoch über geringfügige populationspezifische Eigenschaften. Dies bedeutet, daß durch den Einfluß des jeweiligen Standortes bestimmte Merkmale in unterschiedlichem Maße zur Ausprägung gelangten und daraus – von Ausnah-

³⁴ Die Ursache der Doldenbräune wurde im Rahmen der Pathogenitätstests ermittelt. Am häufigsten war hierbei *Botrytis cinerea* vertreten, in geringerem Maße aber mit höherer Aggressivität *Phomopsis diachenii* und *Alternaria*. Zudem wurden verschiedene Bakterien nachgewiesen (PANK et al. 2001, *i. p.*).

men abgesehen – weitgehend homogene Gruppen entstanden. Unter gleichen Standortbedingungen jedoch vermischten sich diese Merkmale, und die Individuen ließen sich nicht mehr gruppieren. Daraus läßt sich der Schluß ziehen, daß Untersuchungen, die ausschließlich *in situ* durchgeführt würden, eine „geordnete“, d. h. eine auf Populationsebene meßbare Diversität bezüglich der gewählten morphometrischen Merkmale vortäuschten, die nicht genetisch fixiert, sondern modifikativ sind, während *ex situ* die Populationen nicht faßbar sein müssen.

Mit Hilfe der molekulargenetischen Methoden konnten – im Gegensatz zu den morphometrischen Untersuchungen – die Populationen unterschieden werden. Von den insgesamt durch die RAPD-PCR erhaltenen 207 *bins* waren fast drei Viertel (73 %) polymorph. Die genetische Variabilität innerhalb der Populationen war dabei etwa ebenso groß (53 %) wie die zwischen den Populationen (47 %). Es konnten alle untersuchten Individuen voneinander unterschieden werden. Für die Unterscheidung der Populationen war hierbei die Existenz populationspezifischer Banden wichtig. Diese traten in insgesamt 53 *bins* (35 % aller polymorphen *bins*) auf. Die Heterogenität der Individuen einer Population steht im Zusammenhang mit der Bestäubungsbiologie der Art: Da Kümmel fremdbefruchtend ist, stehen die Individuen einer Population in genetischem Austausch miteinander. Da die Pollenübertragung überwiegend durch fliegende Insekten erfolgt, ist ein Austausch über eine gewisse Distanz anzunehmen. Detaillierte Untersuchungen zur Bestäubungsbiologie, aus denen z. B. die Entfernung hervorginge, in der noch genetischer Austausch stattfindet, liegen derzeit jedoch nicht vor. Einen Hinweis liefert lediglich die Tatsache, daß trotz der großen genetischen Distanzen zwischen den einzelnen Individuen einer Population diese als Einheit faßbar bleibt. Der Austausch zwischen den Individuen derselben Population erfolgt also häufiger als zwischen weiter entfernten Individuen. Eine generelle Korrelation zwischen geographischer und genetischer Distanz konnte jedoch nicht gefunden werden.

Gleiches gilt für Eigenschaften der Populationen und ihrer Herkunft aus den verschiedenen Großlandschaften Nordrhein-Westfalens. Weder auf genetischer noch auf morphologischer Ebene konnten Korrelationen hergestellt werden. Auch hinsichtlich weiterer übergeordneter Kriterien wie Niederschlag und Höhenlage ergaben sich keine deutlichen Hinweise für einen Zusammenhang zu genetischen oder morphologischen Eigenschaften.

Die Untersuchung von Eigenschaften von züchterischer Relevanz ergab in verschiedener Hinsicht interessante Ergebnisse:

Das Tausendkorngewicht schwankte zwischen den Populationen z. T. beträchtlich, lag im Mittel jedoch nur geringfügig unter dem Durchschnittswert der Sorten. Zahlreiche Wildpopulationen erreichten auch höhere Werte als einzelne Sorten.

Auch im Hinblick auf die Inhaltsstoffe waren bei den Wildpflanzen in verschiedener Hinsicht überraschend hohe Werte im Vergleich zu den Sorten feststellbar. So übertrafen die Werte des

ätherischen Ölgehalts der Wildpflanzen die der Sorten. Auch der Carvongehalt im ätherischen Öl erreichte Werte, die in dem für Sorten geforderten Bereich lagen.

Als bedeutsam für die Züchtung erwies sich die Reaktion der Wildpopulationen auf die Infektion mit den Erregern der Doldenbräune. Zwei Populationen (K-2 und K-15) blieben hierbei vollkommen befallsfrei.

Der molekulargenetische Vergleich zwischen Wildkümmel und Sorten ergab, daß sich beide Gruppen relativ ähnlich waren. Es gab lediglich 5 *bins*, die nur bei den Sorten vorkamen, kein einziges zeigte jedoch Banden bei allen Sorten. Dem entsprechend ließ sich ein gutes eigenständiges Sorten-Cluster nicht abgrenzen. Dem gegenüber standen 37 *bins* (= 24 % aller polymorphen *bins*) die ausschließlich bei den natürlichen Populationen vorkamen, aber bei den Sorten fehlten. Die Variabilität der Kultursorten war zudem deutlich geringer. So wiesen 10 beliebige Wildherkünfte aus NRW jeweils eine deutlich größer Variabilität auf als zwischen den 10 untersuchten Kultursorten unterschiedlicher Provinienz zu finden war. Die genetischen Untersuchungen wie die Inhaltsstoffanalysen deuten somit daraufhin, daß die Sorten trotz der bisherigen Züchtungsbemühungen nur geringfügig von den Wildvorkommen abweichen.

Zwei der neun untersuchten Populationen (K-17 und K-19) wurden interessanterweise zu den Sorten gruppiert. Dies läßt vermuten, daß es sich bei den genannten Populationen nicht um natürliche Vorkommen, sondern um Wieseneinsaatn handelte. K-17 stammte von einem Truppenübungplatz, K-19 von einem Wegrand in einem Neubaugebiet.

Insgesamt lassen die morphologischen und genetischen Untersuchungen folgende Schlußfolgerungen zu:

- Es existiert eine beachtliche Diversität unterhalb des Artniveaus.
- Der Anteil der genetischen Variabilität innerhalb der Populationen ist fast ebenso groß wie zwischen den Populationen.
- Populationen lassen sich nur auf der genetischen, nicht aber auf der morphologischen Ebene (*ex situ*) unterscheiden. Morphologische Unterschiede zwischen den Populationen ließen sich nur *in situ* erkennen und waren somit modifikativ.
- Die Populationen unterscheiden auch hinsichtlich ihrer Inhaltsstoffe sowie ihres Verhaltens gegenüber Pathogenen voneinander.
- Die Qualität der züchterisch relevanten Merkmale lag in einem auch für Kultursorten geltenden Bereich.
- Es ist kein übergeordnetes Muster der Diversität erkennbar (z.B. Korrelationen zur geographischen Distanz, zu naturräumlichen Einheiten oder zu bestimmten Standortfaktoren)

- Die Variabilität zwischen den natürlichen Populationen ist deutlich größer als zwischen Kultursorten.
- Die Kultursorten repräsentieren nur einen Ausschnitt des genetischen Pools der Art und stehen dem Wildkümmel sehr nahe.
- Einige natürliche Populationen weisen interessante Resistenzen gegenüber der sog. Doldenbräune auf.

3.4 Hopfen (*Humulus lupulus* L.)

In Abbildung 3.4-1 sind die Fundpunkte der für die Untersuchungen ausgewählten Wildhopfenpopulationen dargestellt (Fundortangaben und Florenlisten im Anhang; Tab. 7-4 und 7-8). Alle Hopfenpopulationen wurden mit dem Vorsatz „H-“ durchnummeriert.

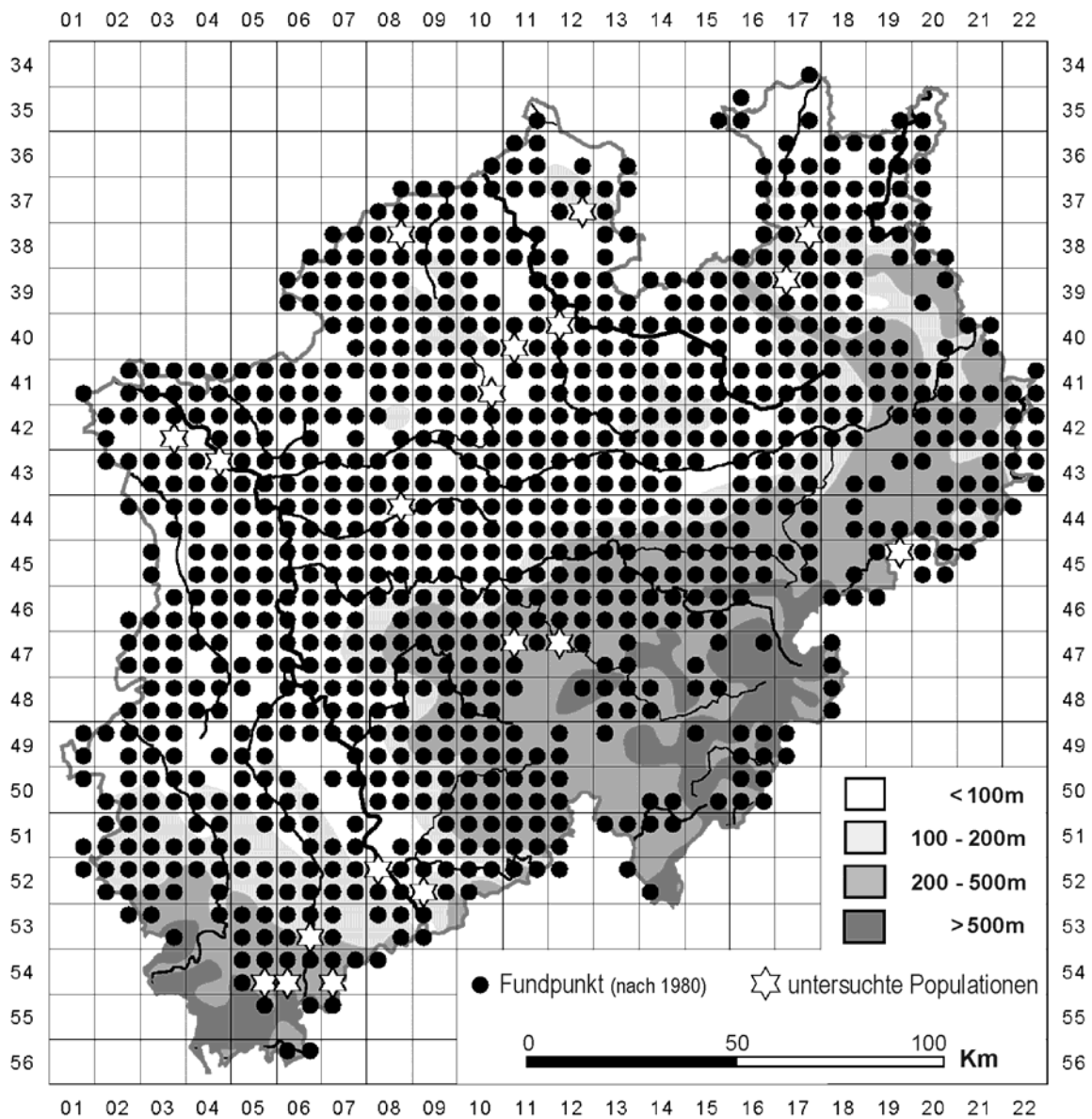


Abb. 3.4-1 Verbreitung des Hopfens (*Humulus lupulus* L.) in NRW (nach SCHUMACHER et al. 1996 und JAGEL & HÄUPLER 1995) unter Angabe der ausgewählten Fundstellen

3.4.1 Morphologisch-biometrische Untersuchungen

Die morphometrischen Untersuchungen wurden einerseits an Blattmaterial, andererseits an den weiblichen Infloreszenzen der Hopfenpflanzen durchgeführt. Da nicht in jedem Bestand weibliche Pflanzen blühten, konnten von den ursprünglich 32 aufgesuchten Populationen nicht alle gleichermaßen bearbeitet werden, so daß die Zahl der untersuchten Herkünfte für die beiden Bereiche unterschiedlich war (s. u.).

Auch im Anbau befanden sich nur diejenigen Populationen, aus denen zuvor Früchte gesammelt werden konnten, folglich auch nur die, in denen am Wuchsort blühende weibliche Pflanzen vorkamen. *Ex situ* waren es schließlich 246 Pflanzen aus 21 Populationen. Aufgrund der langen Entwicklungszeiten des Hopfens – erst im Sommer 1999 trugen die Pflanzen reichlich Blütenstände – mußte sich die Datenerhebung *ex situ* auf eine Vegetationsperiode beschränken.

3.4.1.1 Differenzierung von Populationen

Sofern innerhalb einer Population Blatt- und Blütenstandsproben gesammelt wurden, stammten diese i. d. R. von unterschiedlichen Individuen. Waren keine Infloreszenzen vorhanden oder befanden sie sich in nicht erreichbarer Höhe, wurden aus diesen Populationen nur Blätter vermessen. Die Bereiche werden im folgenden nacheinander beschrieben.

Blätter

Von den ursprünglich 32 aufgesuchten Hopfenpopulationen wurden im ersten Jahr (1996) alle, 1997 25 und 1998 noch 15 unter jeweiliger Erhöhung des Probenumfangs morphologisch untersucht. Die Messungen erfolgten an *In-situ*-Material.

Von den 15 gewählten Variablen (vgl. 2.2.2.4, Abkürzungen im Anhang, Tab. 7-5) erwiesen sich lediglich die 3 Quotienten (L/B_{ges} , L/B_{mbl} , L_{mbl}/L_{zen}) als geeignet, die Hopfenblätter zu charakterisieren. Die absoluten Größen der Blätter hingegen sowie der Überlappungsgrad am Übergang des Blattstiels zur Blattspreite waren bereits innerhalb einer Pflanze sehr variabel und folglich nicht zur Differenzierung von Populationen geeignet.

Ein Vergleich der Mittelwerte ergab, daß es unter den ausgewählten Populationen nur sehr wenige gab, die sich in einem oder mehreren der 3 Merkmale signifikant voneinander unterschieden. Mit einem Blattspreitenindex (L/B_{ges}) von 0,75 wiesen die Blätter der Population H-7 die im Verhältnis zur Länge breitesten Blätter auf, das andere Extrem bildeten H-11 und H-18 mit Werten von 0,88. Innerhalb dieser Spanne bewegten sich alle übrigen Populationen, die sich hierin kaum gegeneinander abgrenzen ließen.

Ebenfalls große Überschneidungen gab es beim Merkmal L/B_{mbl} , das die Form des mittleren Blattabschnittes beschreibt. Innerhalb des Wertespektrums, das von 1,05 (H-9) bis 1,45

(H-34) reichte, nahmen die sich signifikant voneinander unterscheidenden Herkünfte die Randbereiche ein. H-9 fiel hierbei durch besonders runde Blattlappen auf, H-34 durch schmale Formen. Bei den anderen Populationen gingen die Werte ineinander über und ließen sich nicht voneinander trennen.

Schließlich gab es hinsichtlich des Merkmals, das das Verhältnis von Mittellappen zum zentralen Blattspreitenabschnitt beschreibt (L_{mbl}/L_{zen}) kein Populationspaar, das sich mit signifikantem Wert voneinander unterschied. Zwar bildeten die Mittelwerte aller Populationen hier – wie bei den vorausgegangenen Quotienten auch – ein Kontinuum, doch streuten die Einzelwerte so stark, daß keine Differenzierung der Herkünfte gelang.

Die Heterogenität der Blattmerkmale bestätigte sich durch die Wiederholungsmessungen des Folgejahres: Nur 4 der 15 untersuchten Populationen zeigten im Vergleich der beiden Jahre keine signifikanten Unterschiede zwischen den 3 Quotienten, 5 Populationen unterschieden sich zwar in mindestens einem Merkmal deutlich voneinander, konnten aber mittels Diskriminanzanalyse nicht gut voneinander getrennt werden, und die übrigen 6 Herkünfte zeigten klare, auch mit statistischen Tests nachweisbare Differenzen, bildeten also im ersten Jahr Blätter mit deutlich anderen Blattformen aus als im zweiten.

Weitere Messungen der Hopfenblätter wurden individuenweise an je 4 Pflanzen aus 3 Populationen (H-9, H-11, H-18) durchgeführt, die unter gleichen Bedingungen ausgekeimt und im Botanischen Garten kultiviert wurden. Hier zeigte sich, daß die Blätter einer Pflanze homogen genug waren, um sich von denen einer anderen Pflanze zu unterscheiden. Das Ergebnis der Diskriminanzanalysen fiel mit bis zu 93 % korrekt klassifizierter Fälle pro Population und bis zu 100 % pro Einzelpflanze sehr gut aus (vgl. Tab. 3.4-1). Wurde aber eine Analyse durchgeführt, in der die Individuen einer Population zusammengefaßt wurden, um auf diese Weise die Populationen zu differenzieren, fiel das Klassifizierungsergebnis mit knapp 52 % korrekt zugeordneter Fälle beträchtlich schlechter aus.

Somit ergab sich, daß die stichprobenhaft an 3 Populationen erhobenen Blattdaten individuen-spezifisch, nicht aber populations-spezifisch waren. Zwischen den Individuen einer Population lagen so große Unterschiede vor, daß sie sich mit den Pflanzen einer anderen Herkunft durchmischten.

Die Messungen wurden aufgrund der bereits erwähnten langen Entwicklungszeit des Hopfens *ex situ* nicht wiederholt.

Weibliche Infloreszenzen

Die Untersuchungen zur Morphologie der weiblichen Blütenstände wurden 1998 und 1999 *in situ* sowie 1999 *ex situ* durchgeführt, die Spindellängen als Maß für die Zapfengröße wurden zudem *in situ* über den Zeitraum von 1996 bis 1999 vermessen.

Innerhalb eines Blütenstandes ist eine Größen- und Formentwicklung festzustellen, die i. d. R. mit kleinen, derben Blättern beginnt, sich in einer zunehmenden Vergrößerung und Verbreiterung der Brakteenblätter fortsetzt und schließlich mit etwas kleineren, schmalen Blättern endet. Bei den vorliegenden Daten handelte es sich um Mittelwerte von zwei aufeinanderfolgenden Brakteenpaaren aus dem mittleren Spindelbereich.

Vorhergesagte Gruppenzugehörigkeit						
Vorgegebenes Individuum	H-9/1	H-9/2	H-9/3	H-9/4	Gesamt	Korrekt klassifiziert (%)
H-9/1	9	2			11	81,8
H-9/2		15			15	100,0
H-9/3			15	1	16	93,8
H-9/4	2	1		17	20	85,0
H-9 – insgesamt 90,3 % der Fälle korrekt klassifiziert						
	H-11/1	H-11/2	H-11/3	H-11/4	Gesamt	Korrekt klassifiziert (%)
H-11/1	16	1			17	94,1
H-11/2		14	3	1	18	77,8
H-11/3			10	2	12	83,3
H-11/4		3		11	14	78,6
H-11 – insgesamt 83,6 % der Fälle korrekt klassifiziert						
	H-18/1	H-18/2	H-18/3	H-18/4	Gesamt	Korrekt klassifiziert (%)
H-18/1	11	1			12	91,7
H-18/2	1	11	1		13	84,6
H-18/3			10		10	100,0
H-18/4				7	7	100,0
H-18 – insgesamt 92,9 % der Fälle korrekt klassifiziert						
	HallTrad/1	HallTrad/2	HallTrad/3		Gesamt	Korrekt klassifiziert (%)
HallTrad/1	4	1			5	80,0
HallTrad/2		6	1		7	85,7
HallTrad/3			8		8	100,0
Hallertauer Tradition – insgesamt 90 % der Fälle korrekt klassifiziert						

Tab. 3.4-1 Klassifizierungsergebnisse vier einzelner Diskriminanzanalysen zur Differenzierung der Individuen aus den Populationen H-9, H-11 und H-18 sowie der Sorte „Hallertauer Tradition“. Schattiert: Anzahl der korrekt zum vorgegebenen Individuum zugeordneten Blätter.

Die folgenden Ergebnisse beziehen sich auf die von je 8 Infloreszenzen aus 18 *ex situ* angebauten Populationen. Die Ergebnisse der *in situ* erhobenen Daten befinden sich unter 3.4.1.4.

Zur Differenzierung der Populationen wurde eine Diskriminanzanalyse mit allen Blütenstandsmerkmalen durchgeführt. Danach ließen sich die Herkünfte – mit einzelnen Ausnahmen, z. B. H-13 und H-15 – gut voneinander abgrenzen (vgl. Tab. 3.4-2). Zur Differenzierung war eine Kombination von Variablen erforderlich, an deren erster Stelle die Brakteenbreite (B_Brak) stand, gefolgt von der Brakteenform (L/B_Brak). So wiesen die Populationen im Durchschnitt Breiten zwischen 0,76 cm (H-23) und 1,31 cm (H-35) auf, und Indices von 1,47 (H-35) bis 2,45 (H-23). Weniger zur Differenzierung geeignet, aber noch in den ersten Diskriminanzfunktionen verrechnet waren die Brakteen- und die Spindellängen, von geringster Bedeutung war schließlich die Brakteendichte an der Spindel.

Vorgegebene Population	Vorhergesagte Gruppenzugehörigkeit																Gesamt	% korrekt klassifiziert		
	H-4	H-6	H-9	H-10	H-11	H-13	H-15	H-17	H-18	H-23	H-24	H-25	H-27	H-30	H-32	H-33			H-35	H-37
H-4	7									1									8	87,5
H-6		6			1											1			8	75,0
H-9			7											1					8	87,5
H-10				7											1				8	87,5
H-11					4			1	2						1				8	50,0
H-13						2		1			1		2	1				1	8	25,0
H-15	1				1		1		1	1					2	1			8	12,5
H-17								3			2	1		2					8	37,5
H-18					1				6						1				8	75,0
H-23				1						7									8	87,5
H-24										1	7								8	87,5
H-25						1						5	1					1	8	62,5
H-27													6			1		1	8	75,0
H-30						1		1			1	1		2				2	8	25,0
H-32		1					1	1							5				8	62,5
H-33		2														6			8	75,0
H-35		1															7		8	87,5
H-37														1		1		6	8	75,0

Tab. 3.4-2 Klassifizierungsergebnis der Diskriminanzanalyse mit allen Infloreszenzmerkmalen aller untersuchter Hopfen-Populationen *ex situ*. 65,3 % aller Infloreszenzen wurden der entsprechenden Population wieder korrekt zugeteilt (schattiert).

Bei einer Analyse ohne die besonders heterogenen Populationen (aus denen in der ersten Analyse weniger als 75 % der Fälle korrekt wiedererkannt wurden) fiel das Klassifizierungsergebnis mit fast 90 % richtig zugeordneter Fälle besonders gut aus. Das bedeutet, daß die

hier ausgewählten 11 Populationen über so spezifische Merkmale verfügten, daß sie sich eindeutig von anderen unterschieden.

Die Populationen konnten somit folgendermaßen kurz charakterisiert werden: H-9 und H-27 zeichneten sich durch besonders kleine und dicht mit Blüten und Brakteen besetzte Infloreszenzen aus (Spindel $< 2,2$ cm), unterschieden sich aber in der Brakteenbreite voneinander. Ebenfalls klein (Spindel $< 2,5$ cm) waren die Zapfen von H-4, H-18, H-33 und H-37, waren aber im Gegensatz zu der ersten genannten Gruppe weniger kompakt. H-4 fiel dabei durch besonders schmale, H-33 durch besonders breite Brakteen auf. Durch über 3,3 cm lange Spindeln waren dagegen die Populationen H-23, H-24 und H-10 gekennzeichnet. Entsprechend der negativen Korrelation zur Brakteendichte lagen bei ihnen die Werte der Anzahl Brakteen mit weniger als 4 Paaren pro cm Spindel im niedrigsten Bereich aller vorhandenen Werte. Ihre Brakteenblätter waren dabei verhältnismäßig schmal. H-6 und H-27 schließlich nahmen bezüglich Spindellänge und Brakteendichte mittlere Ränge ein, hoben sich aber durch auffällig breite Brakteen von allen anderen Populationen ab.

3.4.1.2 Geographische Differenzierungen

Aufgrund des heterogenen Blattmaterials bezog sich die Korrelationsuche auf die morphologischen Eigenschaften der Blütenstände und die Herkunft der Population aus der jeweiligen Großlandschaft. Eine Clusteranalyse deutete nicht auf eine Gruppierung von Populationen nach geographischen Kriterien hin. In jedem Cluster befanden sich Populationen aus verschiedenen Großlandschaften. Dabei wurde ein großer Teil der Herkünfte in einem einzigen Cluster vereinigt, während die übrigen Cluster jeweils nur 1 bis 3 Populationen enthielten.

Die Populationen, die sich bereits unter 3.4.1.1 (vgl. Tab. 3.4-2) gut gegeneinander abgrenzen ließen, befanden sich hier – eine Bestätigung dieser Ergebnisse – in verschiedenen Clustern. Die untersuchten Populationen stammten wie folgt aus den verschiedenen Großlandschaften: 5 Populationen aus Eifel und Siebengebirge, je 4 aus der Westfälischen Bucht bzw. dem Weserbergland, je 2 aus dem Niederrheinischen Tiefland bzw. dem Sauerland und schließlich 1 aus der Niederrheinischen Bucht.

Bei einer Zusammenfassung aller Herkünfte einer Großlandschaft und einer damit durchgeführten Diskriminanzanalyse gelang gleichfalls keine deutliche Differenzierung der 5 Gruppen. Fast alle Infloreszenzen wurden den beiden Gruppen „Eifel“ und „Westfälische Bucht“ zugewiesen, während die übrigen Gruppen keine oder nur eine sehr geringe Zahl an Fällen erhielten. Hier war die Überschneidung der Werte zwischen den Gruppen so groß, daß sich keine gruppenspezifischen, d. h. für eine bestimmte Großlandschaft typischen Eigenschaften herauskristallisierten.

Eine genauere Betrachtung der Populationen ergab, daß sie sich bereits innerhalb der einzelnen Großlandschaften deutlich voneinander unterschieden. So ließen sich beispielsweise die 5

Herkünfte der Eifel anhand ihrer Brakteenbreite, dem Blattspreitenindex der Brakteen und der Brakteendichte zu 100 % differenzieren. Selbst bei sehr geringen Distanzen (H-9 und H-10 befanden sich in 2 km Entfernung voneinander) lagen 4 der 6 Merkmale signifikante Unterschiede zwischen den Populationen vor. Bei der Differenzierung der Populationen aus den anderen Großlandschaften lag das Klassifizierungsergebnis genauso oder nahezu so hoch wie das am Beispiel der Eifel beschriebene.

3.4.1.3 Standörtliche Differenzierungen

Ein Zusammenhang zwischen den aufgesuchten Populationen und ihrer **Höhenlage** konnte nicht hergestellt werden. Die Infloreszenzen wurden überwiegend in die Gruppe „51-100 m ü.NN“ gestellt, in der sich auch diejenigen Populationen befanden, deren Streuung hinsichtlich des am besten differenzierenden Merkmals B_Brak am größten war. Folglich wurden die anderen Populationen in diese Gruppe einbezogen.

Auch hinsichtlich der **jährlichen Niederschlagsmenge** und der morphologischen Ausprägung der Blütenstände konnte keinerlei Korrelation gefunden werden.

3.4.1.4 Vergleich von *In-situ* und *Ex-situ*-Pflanzenmaterial

Da der Großteil der Untersuchungen zur **Blattmorphologie** *in situ* durchgeführt wurde, wurden die Ergebnisse bereits unter 3.4.1.1 dargestellt. Der Vergleich zu den *ex situ* erhobenen Daten, die im Gegensatz zu den wildwachsenden Populationen an Einzelpflanzen gewonnen werden konnten, machte deutlich, daß die einzelnen Pflanzen über individuelle Blatteigenschaften verfügten und sich dabei so stark voneinander unterschieden, daß sie mit den anderen Individuen ihrer Population keine homogene Gruppe bildeten. Eine Differenzierung von Populationen, in denen die Blätter als Mischproben genommen wurden, gelang deshalb sowohl *in situ* als auch *ex situ* kaum.

Anhand der **Blütenstände** ließen sich die Populationen *in situ* in unterschiedlichem Maße differenzieren. Bei einigen Herkünften waren die Infloreszenzen homogen genug, um sie von denen anderer Populationen zu unterscheiden, andere hingegen erwiesen sich als äußerst heterogen.

Aus dem Vergleich der 1999 *in situ* und 1999 *ex situ* erhobenen Daten zu den Blütenständen resultierte, daß sich mit Ausnahme einer Population (H-11) alle im Gelände gesammelten Infloreszenzen vollständig oder nahezu vollständig von denen aus dem Anbau unter gleichen Bedingungen unterschieden. Die Merkmale, in denen die Gruppen voneinander abwichen, variierten je nach Population. Am häufigsten unterschieden sich die Populationen bezüglich der Brakteendichte (Anz_Brak/cm_Spin) sowie der Brakteenbreite (B_Brak), doch waren es in der Regel je zwei Merkmale, die der Differenzierung dienten.

Die Abweichungen zwischen den Werten *in situ* von denen *ex situ* waren jedoch nicht bedeutend. Besonders bei der Brakteenlänge und der –breite lagen die Werte – trotz der erwähnten signifikanten Unterschiede – recht nah beieinander. Deutlich wich dagegen die Spindellänge ab, heterogen war auch die Brakteendichte.

Bei insgesamt zehn Populationen wurde in jedem Untersuchungsjahr die **Spindellänge** von 8 Blütenständen *in situ* sowie von 8 bis 16 Blütenständen *ex situ* vermessen. Bereits *in situ* waren in den aufeinanderfolgenden Jahren zum Teil erhebliche Unterschiede zwischen den Spindellängen – als Ausdruck der Blütenstandsgrößen – feststellbar. So waren z. B. bei H-30 die Spindeln 1999 fast doppelt so groß wie 1998, ebenso bei H-32 und bei H-24. Bei H-13 unterschieden sich mit Ausnahme der Jahre 1996 und 97 alle Werte signifikant voneinander, und auch bei H-11 und H-23 variierten die Größen stark. Die Populationen H-30 und H-32 zeichnen sich *in situ* durch dreijährige Konstanz aus, im vierten Jahr jedoch lagen die Zapfengrößen deutlich über denen der Vorjahre, *ex situ* erreichten die Blütenstände mittlere Werte. Lediglich bei einer Population (H-27) waren weder zwischen den vier Jahren *in situ* noch den Werten aus dem Anbau signifikante Unterschiede meßbar.

Zusammenfassend ergab sich, daß unter gleichen Anbaubedingungen die Hopfenpopulationen besser und anhand anderer Merkmale als *in situ* voneinander unterschieden werden konnten. Besonders die Blütenstandsgröße, die über mehrere Jahre aus zahlreichen Populationen vermessen wurde, erwies sich als ein sehr variables Merkmal.

3.4.1.5 Vergleich von Wildherkünften und Sorten

Bezüglich der Blätter ergab sich bei Wildpflanzen und Kultursorten ein ähnliches Bild: Die Blätter, die an der Sorte *Hallertauer Tradition* im Botanischen Garten an Einzelpflanzen vermessen wurden, unterschieden sich bereits zwischen den einzelnen Individuen voneinander, entsprechend den Befunden der daneben vermessenen Blätter der Wildpopulationen (vgl. Tab. 3.4-1).

Da die meisten Blütenstände der Wildpopulationen auch im Anbau befruchtet waren (männliche Pflanzen wurden z. T. erst nach deren Blüte entfernt), konnte ein unmittelbarer Vergleich mit dem Kulturhopfen, der im Anbaugbiet nicht befruchtet ist, nicht stattfinden. Es wurden daher die 3 im Botanischen Garten befindlichen Sorten *Hallertauer Tradition* (4 Pflanzen), *Hallertauer Mittelfrüher* (3 Pflanzen) und *Nugget* (1 Pflanze) hinzugezogen, deren Infloreszenzen durch die Anwesenheit männlichen Wildhopfens befruchtet worden waren.

So standen den 144 Infloreszenzen des Wildhopfens 56 des Kulturhopfens gegenüber. Die beiden Gruppen unterschieden sich danach deutlich in der Zahl der Brakteenpaare (und damit der Blüten) pro Zapfen. Mit durchschnittlich 16,8 Brakteenpaaren übertrafen die Sorten den Wildhopfen, der im Schnitt 11,8 Paare trug. Allerdings überschritten sich einzelne Werte von Sorten und Wildformen, so beispielsweise die von H-10, H-23 und H-24, die sich mit über 13

Paaren pro Spindel in die Werte der Sorten einreihen. Hierbei handelte es sich, wie zuvor erwähnt, um Populationen mit besonders großen Blütenständen. Andere Merkmale ließen keine deutlichen Unterschiede erkennen.

	Vorhergesagte Gruppenzugehörigkeit			% korrekt klassifiziert
	Wildhopfen	Sorte	Gesamt	
Wildhopfen	134	10	144	93,1
Sorte	16	40	56	71,4

Tab. 3.4-3 Klassifizierungsergebnis der Diskriminanzanalyse zur Differenzierung von Wild- und Kulturhopfen anhand der Infloreszenzen. 87 % der Fälle wurden insgesamt korrekt klassifiziert.

Ein Vergleich von Wild- und Kulturhopfen bezüglich der Ergebnisse der Bonitierung findet sich unter 3.4.3.

3.4.2 Molekulargenetische Untersuchungen

Im Rahmen der molekulargenetischen Untersuchungen wurden RAPD-Analysen an 20 Hopfen-Populationen aus sechs Großlandschaften Nordrhein-Westfalens sowie zehn Hopfen-Kultursorten durchgeführt. Bis auf die Populationen H-18 und H-21 wird jede Population dabei durch drei bzw. fünf Individuen repräsentiert. Die Sorten sind jeweils nur durch ein Individuum vertreten. Zur Beurteilung der Variabilität und zur Untersuchung von möglichen Strukturen innerhalb größerer Populationen (Sub-Populationen), wurden H-18 und H-21 exemplarisch mit je 20 Individuen beprobt. Insgesamt wurden somit 110 Hopfen-Individuen einer RAPD-Analyse unterzogen.

Die RAPD-PCR mit 15 Primern ergab insgesamt 29484 auswertbare Banden in 404 *bins*. Die Anzahl der untersuchten Individuen pro Population sowie die Namen der Sorten sind den Tabellen 3.4-4 und 3.4-8 zu entnehmen, die genaue Lage der Populationen Tab. 7-4, Anhang.

3.4.2.1 Genetische Distanzen, Variabilität

Von den insgesamt 404 erhaltenen *bins* wiesen 236 (58 %) Polymorphismen auf, 37 davon betrafen ausschließlich die Kultursorten (vgl. 3.4.2.5).

Betrachtet man ausschließlich die 100 Individuen der 20 natürlichen Populationen, so blieben 367 *bins*, von denen die Hälfte (185 = 50 %) polymorph waren. Diese ermöglichten es, 84 "molekulare Phänotypen" (Individuen mit unterschiedlichem RAPD-Bandenmuster) zu unterscheiden. 16 Individuen waren somit mit mindestens einem anderen Individuum identisch. Bei der Population H-7, einer sehr kleinen Population, waren alle drei untersuchten Indivi-

duen identisch, bei H-16 vier von fünf³⁵. 19 Banden (5%) traten nur bei jeweils einem einzigen Individuum auf.

Molekulare Varianzanalyse

Vergleicht man die Variabilität innerhalb und zwischen den Populationen miteinander, so zeigte sich, daß beim Hopfen ein deutlich größerer Anteil der Variabilität zwischen den Populationen liegt (ca. 70 %) als innerhalb (ca. 30 %). Die Ergebnisse schwankten hierbei, je nachdem ob man alle untersuchten Individuen in die Berechnungen einbezieht – also auch die beiden Populationen mit je 20 Individuen – oder alle Populationen mit nur drei Individuen erfaßt (Angaben in [Klammern]):

Varianz zwischen den Populationen:	66,29 %	[73,53 %]	p < 0,001
Varianz innerhalb der Populationen:	33,71 %	[26,47 %]	p < 0,001
$\Phi_{ST} = 0,663$	[0,737]		

Dies bedeutet, daß man einen Teil der Varianz, die zwischen den Populationen besteht, auch durch eine größere Individuenanzahl erhalten kann³⁶.

Genetische Distanzen

Die paarweisen genetischen Distanzen zwischen den Populationen (vgl. 2.2.5.2) sind in Tabelle 3.4-4 dargestellt. Zum Vergleich zeigt die Tabelle zudem die untersuchten Sorten³⁷. Die paarweisen Distanzen aller 100 Individuen zueinander sind in Tabelle 3.4-9 (in der Umschlagtasche) abgebildet.

Die durchschnittliche Distanz zwischen den Populationen betrug 13,4 %. Die Werte schwankten dabei zwischen 21,3 % und 6,4 % (Variationsbreite 14,9), was einem Unterschied von etwa 330 % entspricht. Dabei wiesen zwei relativ nahe beieinander wachsende Populationen der Eifel H-8 und H-9 – wenn gleich als Population von geringer Variabilität (1,7% bzw. 2,2%) - die größten genetischen Distanzen (GD = 15,72 % bzw. 17,74 %) zu allen anderen Populationen (und auch zueinander) auf. Die Population mit der geringsten genetischen Distanz zu allen anderen (H-35: GD = 11,12 %) stammte ebenfalls aus der Großlandschaft Eifel/Siebengebirge.

³⁵ Es ist gut möglich, daß es sich in einigen Fällen tatsächlich um identische Individuen handelt, da die Abgrenzung der Einzelindividuen beim Hopfen z.T. recht schwierig war (vgl. 2.2.2.4). Möglich ist aber ebenso, daß es sich um verschiedene, durch vegetative Vermehrung entstandene, Individuen handelt oder die Anzahl der eingesetzten Primer für eine Differenzierung noch nicht ausreicht.

³⁶ Die Betrachtung bezieht sich wohlgerne auf das Verhältnis der Varianz innerhalb und zwischen Populationen. Absolut betrachtet, nimmt mit jedem zusätzlichen Individuum und mit jeder zusätzlichen Population die Varianz zu. Wie die Ergebnisse zeigen, nimmt sie durch ein Individuum aus einer neuen Population stärker zu, als durch eines aus einer bereits erfaßten Population.

³⁷ Zur Bildung des molekularen Phänotyps der Sorten wurden – analog zu den Populationen (vgl. 2.2.5.2) - die Bandenmuster der einzelnen Sorten zu einem einzigen vereinigt.

Paarweiser Vergleich aller Hopfenpopulationen, genetische Distanz nach Jaccard (in %):

(berechnet mit TREECON nach Link et al.(1995))

(Mittelwerte und Extrema ohne 0-Werte berechnet, in [Klammern] ist jeweils die Anzahl der untersuchten Individuen pro Population angegeben)

NRTL: Niederrheinisches Tiefland: H-13 [3], H-15 [3]

NRBU: Niederrheinische Bucht: H-34 [3]

EF/SG: Eifel/Siebengebirge: H-4 [3], H-7 [3], H-8 [5], H-9 [3], H-10 [3] / H-35 [3]

WBGL: Weserbergland: H-23 [3], H-24a [5], H-25 [3], H-37 [3]

WFBU: Westfälische Bucht: H-11 [3], H-16 [5], H-18 [20], H-21 [20], H-27 [3]

SBGL: Süderbergland: H-29 [3], H-31 [3] Sorten: S1 - S10

		EIFEL	EIFEL	EIFEL	EIFEL	EIFEL	WFBU	NRTL	NRTL	WFBU	WFBU	WFBU	WBGL	WBGL	WBGL	WFBU	SBGL	SBGL	NRBU	EF/SG	WBGL	
		H-4	H-7	H-8	H-9	H-10	H-11	H-13	H-15	H-16	H-18	H-21	H-23	H-24	H-25	H-27	H-29	H-31	H-34	H-35	H-37	Sorten
EIFEL	H-4	0	12,11	17,88	14,38	12,88	15,88	13,90	14,33	14,48	16,77	14,52	13,71	11,99	15,07	13,42	14,04	15,96	13,51	11,57	13,67	24,41
EIFEL	H-7	12,11	0	12,76	15,49	11,42	15,12	10,49	11,58	11,70	16,67	15,62	13,56	15,65	12,32	15,15	11,93	17,05	12,07	11,38	12,25	23,35
EIFEL	H-8	17,88	12,76	0	16,83	15,39	17,11	13,90	14,33	17,63	16,77	16,34	14,95	17,00	15,70	15,89	15,93	17,74	14,14	14,09	14,29	26,45
EIFEL	H-9	14,38	15,49	16,83	0	16,17	19,08	16,56	17,00	18,40	20,86	19,43	17,53	18,36	18,33	18,45	17,94	21,32	16,78	16,72	17,48	27,51
EIFEL	H-10	12,88	11,42	15,39	16,17	0	11,38	9,34	10,42	11,85	15,56	15,08	11,15	13,22	10,49	10,20	10,11	15,91	9,62	10,88	10,47	22,78
WFBU	H-11	15,88	15,12	17,11	19,08	11,38	0	11,77	14,14	12,32	16,03	15,56	14,14	14,97	13,59	13,85	12,54	16,99	12,03	12,63	14,72	24,33
NRTL	H-13	13,90	10,49	13,90	16,56	9,34	11,77	0	8,80	11,58	14,15	14,24	12,16	12,33	9,54	12,50	6,43	12,63	8,68	7,99	10,85	22,09
NRTL	H-15	14,33	11,58	14,33	17,00	10,42	14,14	8,80	0	10,68	15,16	14,05	10,65	12,11	11,31	11,00	10,92	14,90	11,72	7,72	8,65	20,91
WFBU	H-16	14,48	11,70	17,63	18,40	11,85	12,32	11,58	10,68	0	17,10	16,67	14,63	11,58	11,43	13,70	12,37	16,89	13,79	11,81	12,67	24,32
WFBU	H-18	16,77	16,67	16,77	20,86	15,56	16,03	14,15	15,16	17,10	0	12,98	12,78	14,74	17,63	11,29	15,48	13,21	13,18	12,54	12,14	23,66
WFBU	H-21	14,52	15,62	16,34	19,43	15,08	15,56	14,24	14,05	16,67	12,98	0	12,83	14,24	16,61	11,92	15,62	13,27	13,25	11,96	13,40	24,50
WBGL	H-23	13,71	13,56	14,95	17,53	11,15	14,14	12,16	10,65	14,63	12,78	12,83	0	13,42	13,95	7,19	12,93	11,84	11,15	9,18	11,33	22,35
WBGL	H-24	11,99	15,65	17,00	18,36	13,22	14,97	12,33	12,11	11,58	14,74	14,24	13,42	0	11,54	12,50	11,81	14,47	11,30	9,97	12,75	25,22
WBGL	H-25	15,07	12,32	15,70	18,33	10,49	13,59	9,54	11,31	11,43	17,63	16,61	13,95	11,54	0	14,92	7,58	15,00	11,81	12,41	13,27	24,78
WFBU	H-27	13,42	15,15	15,89	18,45	10,20	13,85	12,50	11,00	13,70	11,29	11,92	7,19	12,50	14,92	0	13,27	14,01	10,20	8,22	8,48	22,12
SBGL	H-29	14,04	11,93	15,93	17,94	10,11	12,54	6,43	10,92	12,37	15,48	15,62	12,93	11,81	7,58	13,27	0	12,75	10,11	9,41	10,31	23,35
SBGL	H-31	15,96	17,05	17,74	21,32	15,91	16,99	12,63	14,90	16,89	13,21	13,27	11,84	14,47	15,00	14,01	12,75	0	13,49	13,44	11,80	25,14
NRBU	H-34	13,51	12,07	14,14	16,78	9,62	12,03	8,68	11,72	13,79	13,18	13,25	11,15	11,30	11,81	10,20	10,11	13,49	0	10,88	10,47	21,73
EE/SG	H-35	11,57	11,38	14,09	16,72	10,88	12,63	7,99	7,72	11,81	12,54	11,96	9,18	9,97	12,41	8,22	9,41	13,44	10,88	0	8,50	21,66
WBGL	H-37	13,67	12,25	14,29	17,48	10,47	14,72	10,85	8,65	12,67	12,14	13,40	11,33	12,75	13,27	8,48	10,31	11,80	10,47	8,50	0	21,24
	Sorten	24,41	23,35	26,45	27,51	22,78	24,33	22,09	20,91	24,32	23,66	24,50	22,35	25,22	24,78	22,12	23,35	25,14	21,73	21,66	21,24	0
	Max wild:	17,88	17,05	17,88	21,32	16,17	19,08	16,56	17,00	18,40	20,86	19,43	17,53	18,36	18,33	18,45	17,94	21,32	16,78	16,72	17,48	
	Min wild:	11,57	10,49	12,76	14,38	9,34	11,38	6,43	7,72	10,68	11,29	11,92	7,19	9,97	7,58	7,19	6,43	11,80	8,68	7,72	8,48	
	Mittel wild:	14,21	13,38	15,72	17,74	12,19	14,41	11,46	12,08	13,75	15,00	14,61	12,58	13,37	13,29	12,43	12,18	14,88	12,01	11,12	11,97	
	Max wild & S.:	24,41	23,35	26,45	27,51	22,78	24,33	22,09	20,91	24,32	23,66	24,50	22,35	25,22	24,78	22,12	23,35	25,14	21,73	21,66	21,24	27,51

ohne Sorten: Mittelwert: 13,42 %

Variationsbreite: 14,89

mit Sorten: Mittelwert: 14,34 %

Variationsbreite: 21,08

Tab. 3.4.4 Genetische Distanzen zwischen allen 10 Hopfen-Populationen und den Kultursorten

Betrachtet man die Distanzen der Individuen zueinander, so zeigte sich, daß die Individuen einer Population geringere Distanzen untereinander aufwiesen als zu Individuen anderer Populationen (vgl. 3.4.2.3). Aus dem gleichen Grund war auch die durchschnittliche genetische Distanz aller Individuen zueinander etwas geringer (12,4 %) als die zwischen den Populationen.

3.4.2.2 Ähnlichkeitsanalysen

Zur Darstellung der Ähnlichkeit der Individuen und Populationen zueinander wurden aus den paarweisen genetischen Distanzen sowohl verschiedene Dendrogramme (Phänogramme!) berechnet, als auch eine Hauptkoordinaten-Analyse durchgeführt. Abb. 3.4-3 zeigt die Lage aller untersuchten Individuen zueinander in einem dreidimensionalen Raum (Hauptkoordinaten-Analyse). Abb. 3.4-4 zeigt das Phänogramm einer UPGMA Cluster-Analyse³⁸.

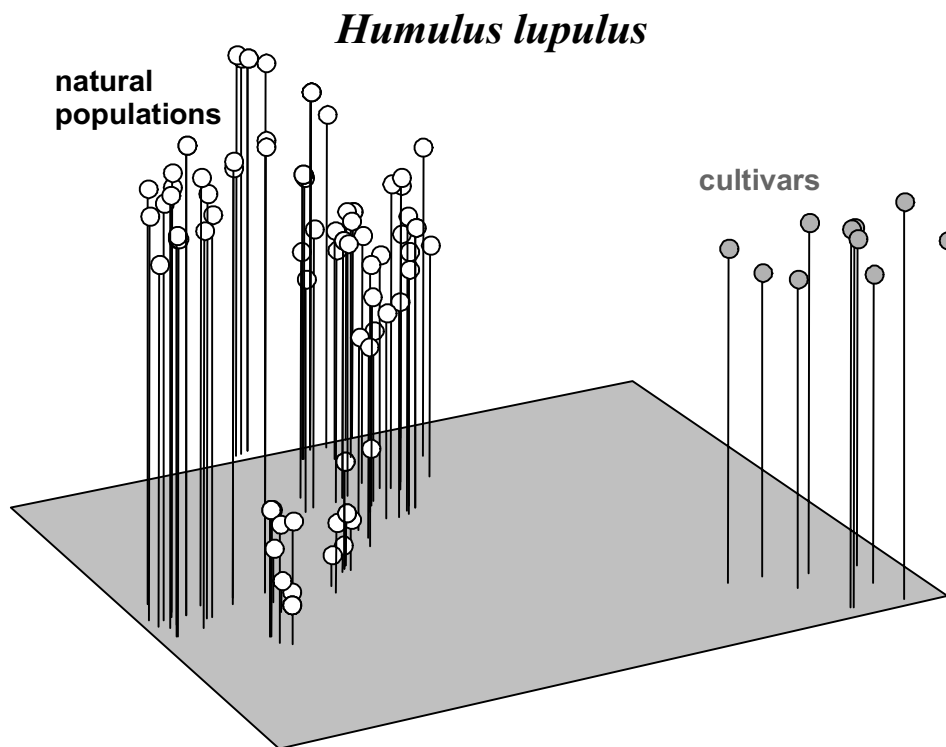


Abb. 3.4-3 Hauptkoordinaten-Analyse aller 110 Hopfen-Individuen

Die Hauptkoordinaten-Analyse zeigt, daß die natürlichen Populationen eine Gruppe bilden, die klar von den Sorten abgrenzbar ist (vgl. 3.4.2.5). Weitere größere Gruppen innerhalb der

³⁸ Andere Verfahren wie WPGMA, single linkage oder Neighbor-joining ergaben im wesentlichen dieselben Gruppierungen mit lediglich leicht veränderten bootstrap-Werten. Der UPGMA-Baum wurde aufgrund der größeren Übersichtlichkeit ausgewählt.

Gruppe der Populationen sind jedoch, abgesehen von den beiden großen Populationen H-18 und H-21 (im Vordergrund), nicht zu erkennen (vgl. 3.4.2.4).

Die UPGMA-Cluster-Analyse zeigte, daß - ungeachtet der ungegliedert erscheinenden Gruppe in der Hauptkoordinaten-Analyse - die einzelnen Populationen des Hopfens meist sehr gut abgrenzbar sind. 14 der 20 Populationen werden mit bootstrap-Werten von über 80 % zusammengehalten, lediglich bei H-37 wurden nicht alle Individuen zusammen gruppiert (vgl. 3.4.2.3).

Ansonsten zeigt jedoch auch das UPGMA-Phänogramm keine guten größeren Gruppen. Lediglich das Pärchen H-23 / H-27 aus dem Weserbergland bzw. der Westfälischen Bucht wurde mit guten bootstrap-Werten (UPGMA = 72%, Neighbor-joining (nj) = 78%) zusammengruppiert. Daneben existiert noch ein Pärchen H-25 / H-29 (UPGMA = 46%, nj = 52%), sowie beim Neighbor-joining-Phänogramm (nicht abgebildet) eine schwache Eifelgruppe (46%), bestehend aus H-4, H-7, H-8, H-9 (vgl. 3.4.2.4).

3.4.2.3 Differenzierung von Populationen

Wie bereits die molekulare Varianzanalyse und die Clusteranalyse zeigen (s.o.), lassen sich die einzelnen Populationen durch die RAPD-Daten gut charakterisieren und sind (bis auf eine Ausnahme) eindeutig voneinander abgrenzbar.

Wichtig für den Zusammenhalt der Populationen war, neben der deutlich größeren genetischen Distanz zwischen den Populationen als innerhalb derselben, wiederum die Existenz populationsspezifischer Banden. Bei 42 der 185 polymorphen *bins* (= 23 %) kamen Banden nur bei jeweils einer Population vor, während sie bei allen anderen Individuen fehlten. Bei weiteren 27 *bins* fehlten Banden, die sonst bei allen Individuen vorkommen, nur in jeweils einer Population. Insgesamt wiesen somit 69 *bins* (= 37 %) populationsspezifische Banden auf. Bis auf vier (H-7, H-16, H-29, H-35), kamen derartige Banden bei allen Hopfen-Populationen vor. "Streng populationsspezifisch"³⁹ waren insgesamt 22 *bins* (= 12 %, 11 vorhanden und 11 fehlend). Etwas über die Hälfte der Populationen (12 von 20) sind durch solche "streng populationsspezifische" *bins* gekennzeichnet. Tabelle 3.4-5 zeigt eine Aufstellung aller populationsspezifischen *bins* der 20 Hopfen-Populationen.

³⁹ Als streng populationsspezifisch werden solche *bins* bezeichnet, bei denen alle Individuen einer Population eine bestimmte Bande aufweisen (bzw. nicht aufweisen), die bei allen anderen Individuen fehlt (bzw. vorhanden ist).

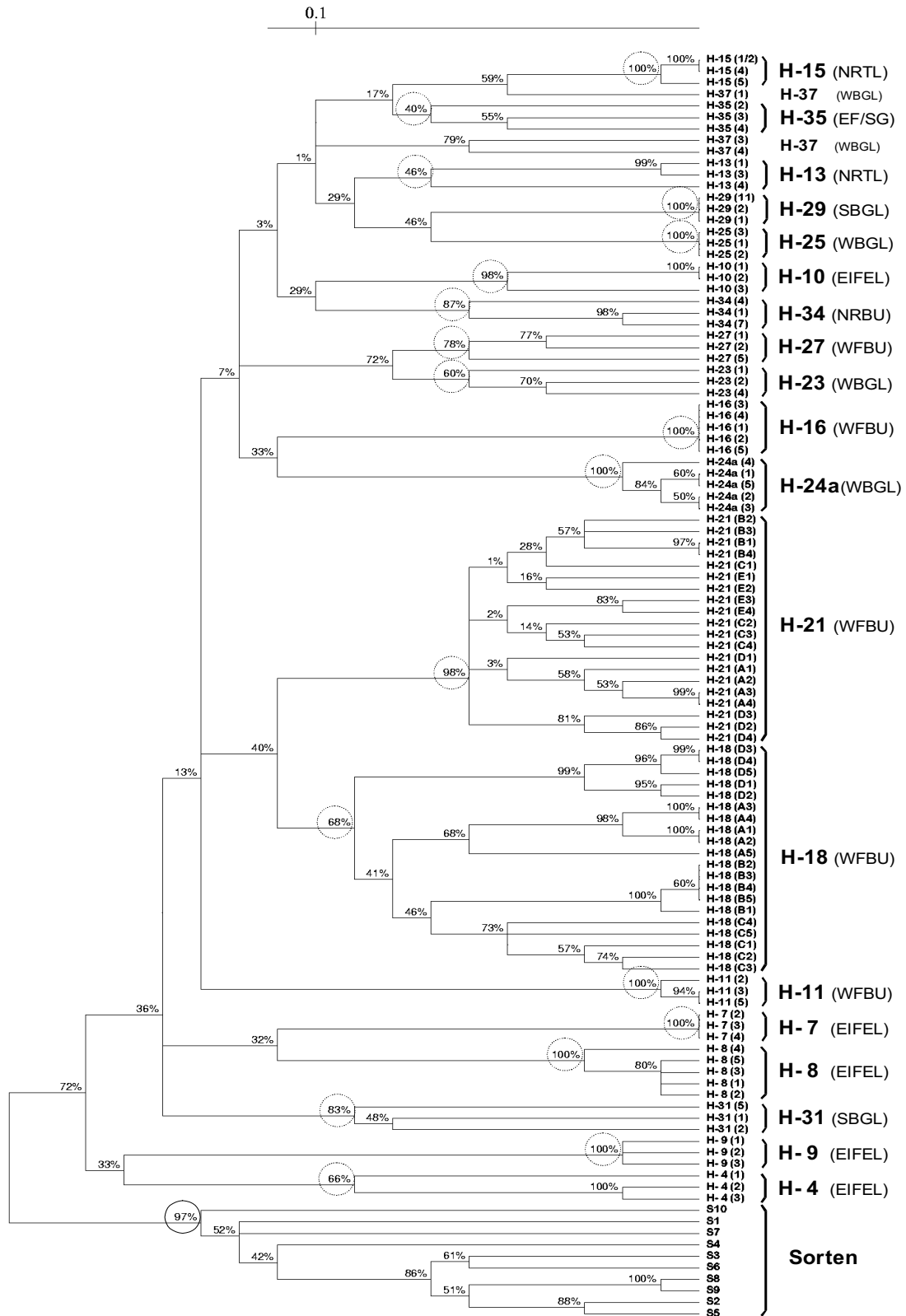


Abb 3.4.4 Phänogramm einer UPGMA-Clusteranalyse aller 110 Hopfen-Individuen (der Balken oben gibt die genetische Distanz an (0,1 = 10 %) an, die bootstrap-Werte, die den Zusammenhalt der Populationen angeben sind jeweils eingekreist.)

populations- spezifische Banden	H-4	H-7	H-8	H-9	H-10	H-11	H-13	H-15	H-16	H-18	H-21	H-23	H-24	H-25	H-27	H-29	H-31	H-34	H-35	H-37	Σ
vorhanden	1	0	3	5	1	3	0	1	0	12	5	1	2	1	0	0	5	0	0	2	42
fehlend	1	0	4	1	1	0	2	1	0	6	1	3	1	0	3	0	2	1	0	0	27
streng vorhanden	1	0	0	2	0	1	0	1	0	1	1	0	2	1	0	0	1	0	0	0	11
streng fehlend	0	0	4	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	2	0	1	1	0	0	11

Tab. 3.4-5 Populationspezifische Banden der untersuchten Hopfen-Populationen

Bei den Populationen H-18 und H-21 wurden, zur Untersuchung der Differenzierung von Subpopulationen innerhalb größerer Populationen, je 20 Individuen gesammelt. Es wurden hierzu, innerhalb einer mehr oder weniger kontinuierlichen Verteilung der Individuen, bei H-18 vier Gruppen (A-D) zu je fünf und bei H-21 fünf Gruppen (A-E) zu je vier Individuen gebildet. Abbildung 3.4-5 zeigt die genaue Lage der Gruppen innerhalb der Populationen.

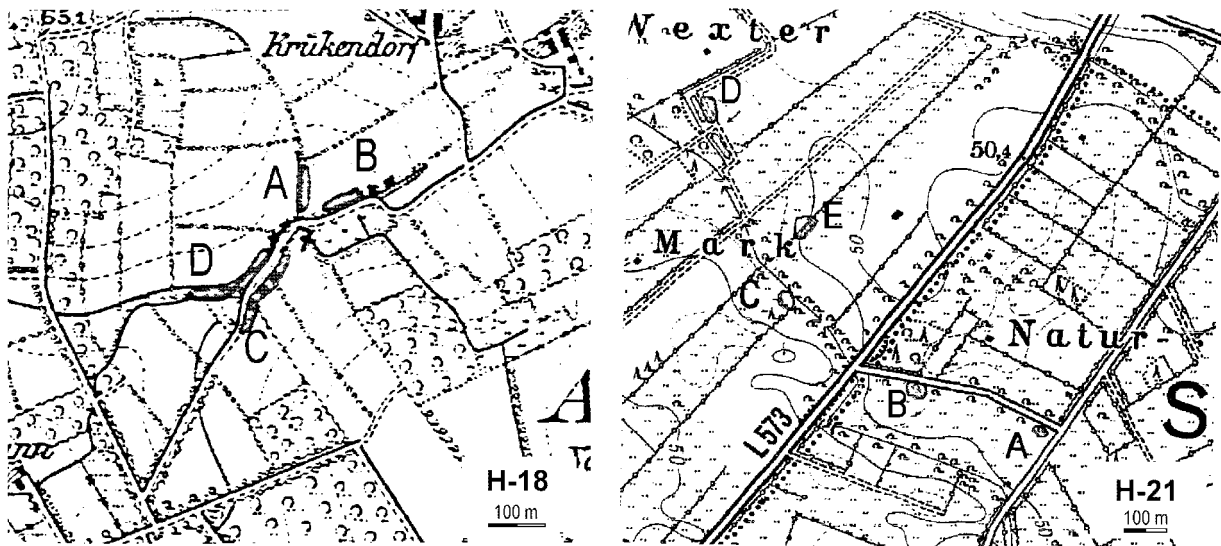


Abb. 3.4-5 Lage der Teil-Populationen von H-18 und H-21

In Abbildung 3.4-6 ist ein Ausschnitt des UPGMA-Phänogramms dargestellt. Im Falle der Population H-18 ließen sich alle vier Gruppen klar voneinander trennen, selbst Gruppe C, in der die Individuen relativ hohe Distanzen zueinander aufweisen, blieb zusammen. Insgesamt wird der Zusammenhalt der Gesamt-Population mit einem bootstrap-Wert von 68% (UPGMA) bzw. 78% (Neighbor-joining) angegeben.

Etwas anders sieht es bei Population H-21 aus. Obwohl die Abstände der Gruppen zueinander größer sind, zeigten sich hier keine so deutlichen Cluster wie bei H-18. Wenngleich Gruppe A und B sowie jeweils Teile der anderen Gruppen zusammengruppiert wurden, fallen einzelne Individuen aus den vorgegebenen Gruppen heraus. Der Zusammenhalt der gesamten Population ist jedoch mit 98% (UPGMA) bzw. 93% (Neighbor-joining) sehr gut.

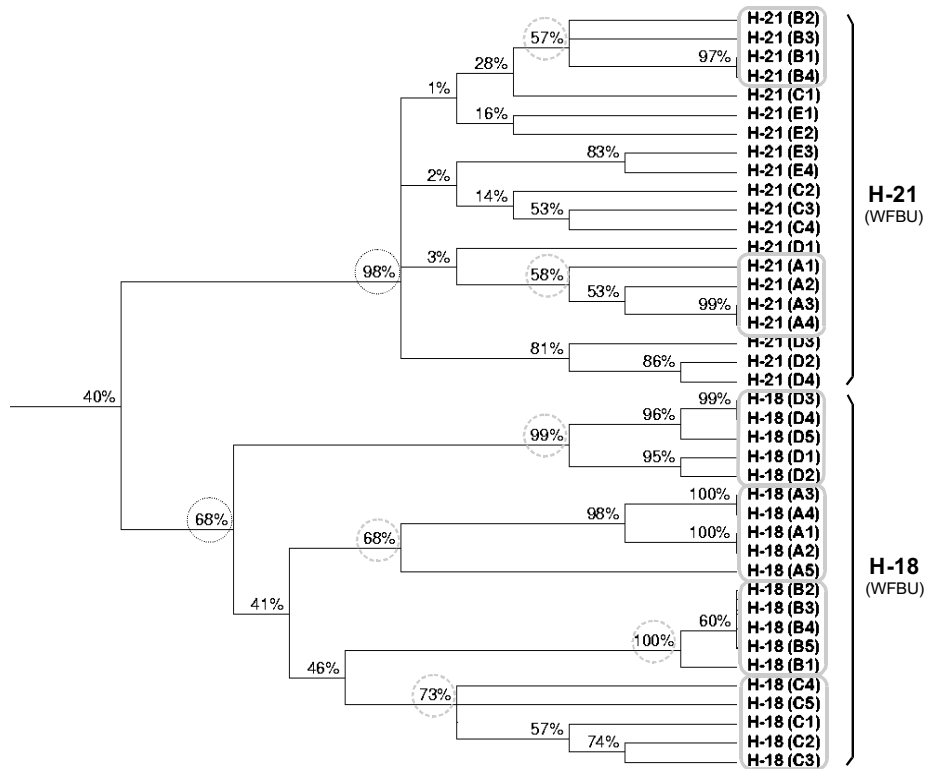


Abb. 3.4-6 Phänogramm (Ausschnitt) einer UPGMA-Clusteranalyse von H-18, H-21

3.4.2.4 Geographische / standörtliche Differenzierungen

Wie schon in 3.4.2.2 gezeigt, fehlen – mit Ausnahme der Differenzierung der Sorten von den natürlichen Populationen (vgl. 3.4.2.5) – gute größere Populations-Gruppen von. Lediglich vier der fünf Populationen der Eifel (H-4, H-7, H-8, H-9) bildeten beim Neighbor-joining-Verfahren eine schwache Gruppe (46 %). Die fünfte Population H-10 wies jedoch, obwohl sie

in unmittelbarer Nachbarschaft von H-9 wächst (Entfernung 2 km) relativ große genetische Distanzen zu diesen auf – insbesondere zu H-9 (GD = 16,17) -, so daß sich keine eigene "Eifel-Gruppe" abgrenzen ließ.

100 Individuen 20 Populationen 6 Großlandschaften	zwischen Großland- schaften	zwischen Populati- onen	Innerhalb Populati- onen
Varianz	6,95 %	59,97 %	33,08%
Φ	Φ _{CT} = 0,070	Φ _{SC} = 0,644	Φ _{ST} = 0,669
Signifikanz von Varianz und Φ	p = 0,027	p < 0,001	p < 0,001

Tab. 3.4-6 Varianzen innerhalb und zwischen den Großlandschaften NRW

Zugehörigkeit der Populationen zu den verschiedenen Großlandschaften NRW zeigte (Tabelle 3.4-6), ließ sich hier kein signifikanter Zusammenhang finden. Zwischen den Grup-

Wie eine molekulare Varianz-analyse zur Prüfung der

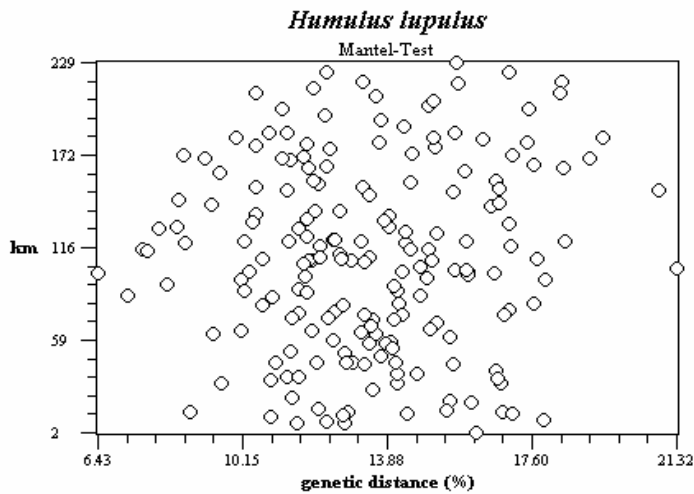


Abb. 3.4-7 Korrelationsanalyse (Mantel-Test)

liert sind. So wachsen die beiden Populationspärchen mit der kleinsten (GD = 6,43 %: H-13 / H-29) und der größten genetische Distanz (GD = 21,32 %: H-9 / H-31) beide in ca. 100 km Entfernung voneinander. Eine Korrelationsanalyse (Manteltest) mit allen paarweisen genetischen und geographischen Distanzen ergab einen Matrix-Korrelationswert von $r = 0,06$ ($p = 0,26$). Wie erwartet und wie auch die graphische Darstellung (Abb. 3.4-7) zeigt, läßt sich somit keinerlei Korrelation erkennen.

Anhaltspunkte für Korrelationen mit bestimmten Höhenlagen, Niederschlagsmengen oder anderen Standortfaktoren konnten ebenfalls nicht gefunden werden.

3.4.2.5 Vergleich von Sorten und Wildherkünften

Wie bereits Abbildung 3.4-3 (Hauptkoordinaten-Analyse) anschaulich zeigt, bilden die Hopfen-Sorten eine gut definierte und von den natürlichen Populationen deutlich abseits stehende Gruppe. Auch in der UPGMA-Clusteranalyse bildeten die Sorten ein sehr gut definiertes Cluster (bootstrap-Wert = 97 %). Beim Neighbor-joining-Verfahren (nicht abgebildet) sind es sogar 100 %.

Die Auswertung der polymorphen Banden ergab, daß bei 38 der insgesamt 236 polymorphen *bins* (= 16%) ausschließlich die Sorten Banden aufwiesen. Bei 10 dieser *bins* wiesen sogar alle 10 Sorten diese Banden auf ("streng sortenspezifisch", vgl. 3.4.2.3). In weiteren 14 *bins* fehlten nur bei den Sorten Banden, die bei allen natürlichen Populationen auftraten. Insgesamt konnten 51 sortenspezifische *bins* ermittelt werden (= 22 %), 10 davon (4,2 %) waren "streng sortenspezifisch".

pen der Großlandschaften liegen nur ca. 7 % der gesamten Varianz, und die Signifikanz der vorgegebenen Gruppierung liegt lediglich bei $\Phi_{CT} = 0,07$ ($p = 0,027$).

Wie schon das Beispiel der beiden benachbarten Populationen H-9 und H-10 zeigte, weisen benachbarte Populationen nicht unbedingt auch eine geringe genetische Distanz zueinander auf. Auch andere Beispiele zeigten, daß genetische und geographische Distanz nicht eindeutig miteinander korre-

Dem gegenüber stehen jedoch auch 81 *bins* (= 34 %), die ausschließlich bei den natürlichen Populationen vorkommen. Beide Gruppen weisen also eine recht hohe Anzahl gruppenspezifischer *bins* auf, genauer gesagt, trifft dies auf etwa die Hälfte aller polymorphen *bins* zu!

Vergleicht man die polymorphen *bins* innerhalb beider Gruppen, so zeigte sich, daß bei den natürlichen Populationen 50 % aller auftretenden *bins* polymorph sind (185 von 367), während es bei den Sorten nur 29 % sind (93 von 323).

Um die beiden Gruppen besser miteinander vergleichen zu können, wurden im folgenden wiederum vier unterschiedliche Zusammenstellungen von je 10 Individuen aus den insgesamt 100 Individuen der Wildvorkommen getroffen und mit den 10 Sorten verglichen. Tabelle 3.4-7 zeigt, daß eine beliebige Auswahl von Individuen aus NRW – solange man nicht alle Individuen aus einer Population sammelt – eine größere Variabilität aufweisen (ca. + 25 %), als die 10 untersuchten Sorten, die sogar von verschiedenen Kontinenten stammten.

	A	B	C	D	\emptyset	Sorten
Σ <i>bins</i>	286	326	312	322	312	323
monomorphe <i>bins</i>	240	207	211	200	215	230
polymorphe <i>bins</i>	46 (16%)	119 (37%)	101 (32%)	122 (38%)	97 (31%)	93 (29%)
<i>Bins</i> mit nur einer Bande	5 (1,7%)	33 (10%)	18 (6%)	26 (8%)	21 (6,7%)	22 (6,8%)
A: 10 Individuen aus <u>einer</u> Population mit durchschnittlicher Variabilität (H-21) B: 10 zufällig ausgewählte Individuen (Zufallsauswahl 1); C: 10 Individuen (Zufallsauswahl 2) D: 10 Individuen aus 10 <u>verschiedenen</u> Populationen						

Tab. 3.4-7 Anteil polymorpher *bins* bei Sorten und Wildvorkommen

Betrachtet man die paarweisen Distanzen der Sorten (Tabelle 3.4-8) und vergleicht sie mit denen der natürlichen Populationen (Tabelle 3.4-4), so zeigt sich, daß sie im Mittel um $\frac{1}{4}$ niedriger lagen. Betrachtet man die Mittel- und Extremwerte beider Gruppen zusammen, so waren diese größer, als in jeder Gruppe alleine. Dies zeigt, wie auch schon die Auswertung der Banden-Polymorphismen, daß Teile des Genpools beider Gruppen voneinander unabhängig sind.

Ein Vergleich der molekularen Varianzen von 10 Individuen aus 10 verschiedenen Populationen mit den 10 Sorten ergab eine etwas größere Variabilität zwischen den Wildvorkommen, als zwischen den Sorten. Die Summe der quadrierten euklidischen Distanzen bei den Wildvorkommen betrug 168,4, bei den Sorten 133,8. Sie ist somit bei den Wildvorkommen wiederum um rund 25 % größer.

Paarweiser Vergleich der untersuchten Hopfen-Sorten:
genetische Distanz nach Jaccard in % (berechnet mit TREECON nach Link et al.1995)
(Extrema und Mittelwerte ohne 0-Werte berechnet)

S1: Magnum S4: Hüller S7: Taurus
S2: Hallertauer Tradition S5: Perle S8: Brewer's Gold
S3: Hersbrucker S6: Tettnanger S9: Nothern Brewer
S10: Target

	H-8 (1)	S1	S2	S3	S4	S5	S6	S7	S8	S9	S10
H-8 (1)	0	21,82	16,33	17,35	21,36	17,17	17,85	24,44	18,86	19,06	24,76
S1	21,82	0	10,04	13,65	12,38	9,66	14,19	13,76	12,67	12,93	13,47
S2	16,33	10,04	0	5,42	10,92	3,25	6,76	12,33	6,45	6,76	13,31
S3	17,35	13,65	5,42	0	10,65	7,12	5,76	14,63	8,21	8,51	16,22
S4	21,36	12,38	10,92	10,65	0	7,93	12,50	11,45	10,96	11,22	14,29
S5	17,17	9,66	3,25	7,12	7,93	0	7,07	10,65	5,38	5,69	12,29
S6	17,85	14,19	6,76	5,76	12,50	7,07	0	14,53	7,47	7,77	16,11
S7	24,44	13,76	12,33	14,63	11,45	10,65	14,53	0	9,09	9,38	13,18
S8	18,86	12,67	6,45	8,21	10,96	5,38	7,47	9,09	0	1,10	11,42
S9	19,06	12,93	6,76	8,51	11,22	5,69	7,77	9,38	1,10	0	11,03
S10	24,76	13,47	13,31	16,22	14,29	12,29	16,11	13,18	11,42	11,03	0
Mittelwert Sorten:		12,53	8,36	10,02	11,37	7,67	10,24	12,11	8,08	8,27	13,48
Min Sorten:		9,66	3,25	5,42	7,93	3,25	5,76	9,09	1,10	1,10	11,03
Max Sorten:		14,19	13,31	16,22	14,29	12,29	16,11	14,63	12,67	12,93	16,22

natürliche Populationen*	Sorten & nat. Pop. #	Sorten:
Maximum: 21,32 %	Maximum: 28,40 %	Maximum: 16,22 %
Mittelwert: 13,42 %	Mittelwert: 15,66 %	Mittelwert: 10,21 %
Minimum: 6,43 %	Minimum: 1,10 %	Minimum: 1,10 %
Variationsbreite: 14,89	Variationsbreite: 27,30	Variationsbreite: 15,12

* Mittelwerte der Populationen, Distanzen zu Einzelindividuen sind im Einzelfall größer (z.B. H-8 (1) <--> S10)
errechnet aus den der Mittelwerte der 20 natürlichen Populationen (vgl. Tab. 3.4-4) und der 10 Sorten

Tab. 3.4-8 Genetische Distanzen zwischen 10 Hopfen-Sorten (und einem Wildvorkommen)

Die Einteilung der beiden Gruppen ist trotz der oben aufgezeigten deutlichen Unterschiede nur mäßig signifikant ($\Phi_{ST} = 0,393$, $p < 0,001$). Dies ist darauf zurückzuführen, daß der gut definierten Gruppe der 10 Sorten, eine sehr heterogene Gruppe von Individuen aus unabhängigen Populationen gegenüber steht.

Insgesamt läßt der Vergleich der natürlichen Populationen mit den Sorten folgende Schlüsse zu:

Sorten und Wildherkünfte lassen sich in zwei relativ deutlich getrennte Gruppen teilen.

Die Wildherkünfte weisen eine höhere Variabilität auf als die Sorten.

Beide Gruppen haben eine teilweise eigenständigen Genpool.

Durch die Züchtung haben sich, bei gleichzeitiger Einschränkung der Variabilität, sortenspezifische *bins* herausgebildet.

3.4.3 Inhaltsstoffanalyse und Infektionstest mit Pathogenen

1997 wurden im Gewächshaus des Instituts für Hopfenforschung, Hüll, Pflanzen aus 20 morphologisch und molekulargenetisch charakterisierten Wildpopulationen aus Nordrhein-Westfalen zur Keimung gebracht. Nach einem ersten Mehlausscreening wurden 243 Pflanzen, davon 94 männliche und 149 weibliche ins Freiland ausgepflanzt (1998). Im Jahr 2000 wurden 39 von ihnen beerntet und hinsichtlich einer Vielzahl an Merkmalen individuenweise bonitiert.

Bei den im Feld bewerteten Merkmalen handelte es sich um die Reife, die Blatt- und die Reblfarbe, die Armstellung und -länge, den Habitus, die Pflanzenform und den Behang sowie die Doldengröße, -form und -farbe⁴⁰, deren Schuppung und Schluß. Zudem wurden Aromaqualitäten bestimmt und der Befall durch Schädlinge angegeben. Aus den Einzelwerten wurde ein allgemeiner Feldwert sowie ein allgemeiner Doldenwert ermittelt, dessen Skala jeweils von 1 (sehr gering) bis 9 (sehr hoch) reicht.

Die 39 Pflanzen erhielten vor allem im Doldenbereich gute Bewertungen. 7 Pflanzen bekamen jeweils den Wert 7 in der Doldenbewertung und schnitten damit besser ab als einzelne Individuen aus den Kultursorten *Hallertauer Mittelfrüher*, *Hallertauer Tradition* und *Perle*, die zeitgleich bonitiert wurden. Auch in der Aromabewertung erhielten 11 Individuen den höchsten vergebenen Wert 7.

Die ebenfalls an Einzelpflanzen bestimmten Gehalte an Alphasäuren ergaben, daß zwischen den Individuen deutliche Unterschiede bestanden. Der niedrigste Wert wurden mit 1,12 % bei H-24-1 bestimmt, der höchste mit 8,95 % bei H-35-2. Fast alle Wildpflanzen lagen damit bei einem Gesamtdurchschnitt von 3,5 % über dem für Wildhopfen angenommen Bereich von 0-2,5 %. Im Vergleich zu den Kultursorten zeigte sich, daß die Wildpflanzen mit den höchsten Werten sich im Rahmen der Werte einzelner Sorten bewegten. So erreichten (im 10-jährigen Mittel) die Sorten *Hersbrucker* 3,15 %, *Tettninger* 3,96 % und *Spalter* 4,18 % Alphasäuregehalt (vgl. Abb. 3.4-7).

⁴⁰ Die Bezeichnung „Dolde“ für die weibliche Infloreszenz trifft nach botanischer Definition nicht zu. Der Begriff hat sich jedoch bei für die Kulturspflanzen so weit etabliert, daß er hier auch verwendet wird.

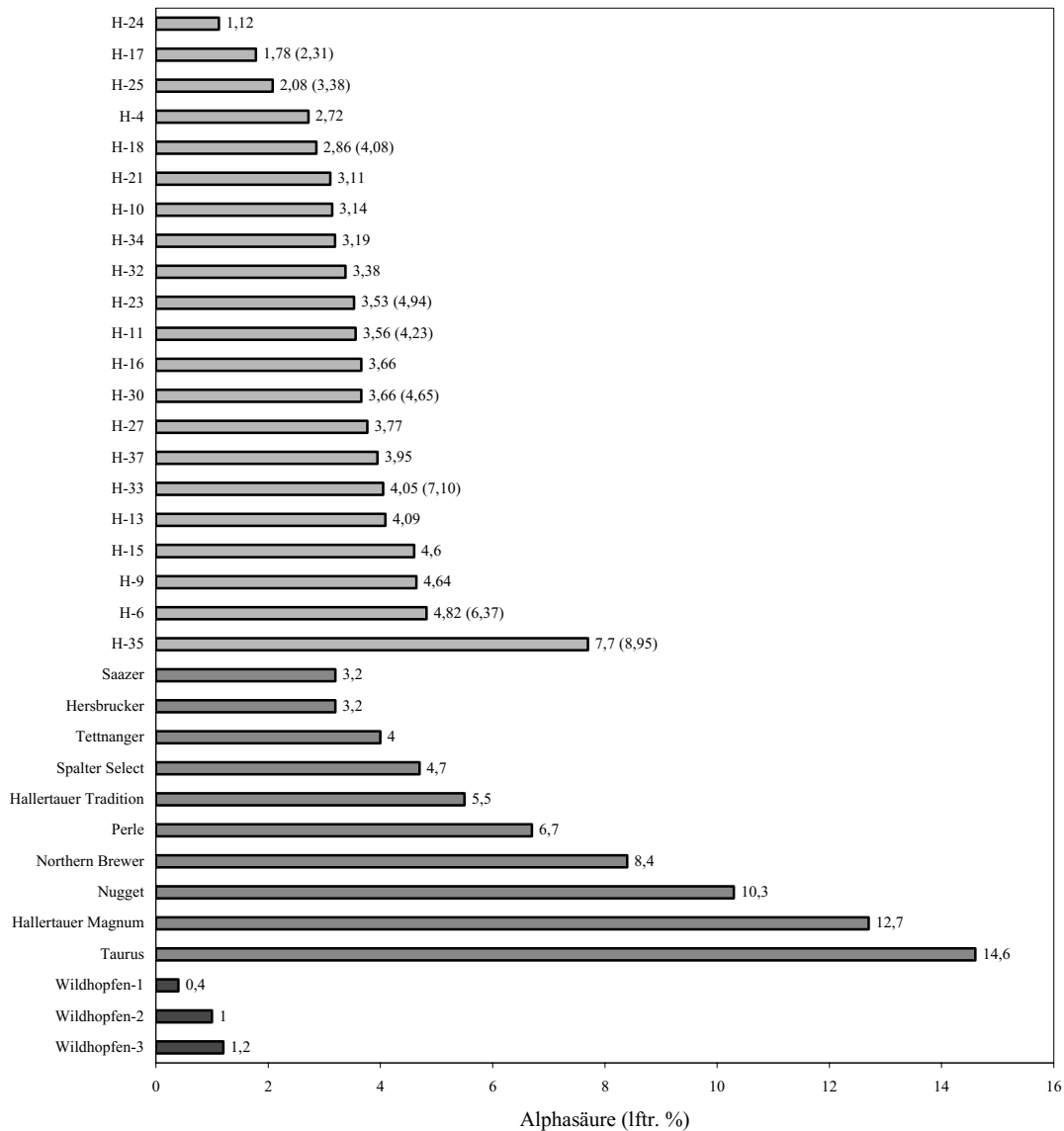


Abb. 3.4-7 Alphasäuregehalt von 21 Wildpopulationen aus NRW (H-4 bis H-37), 10 Sorten und 3 Wildhopfen aus Bayern. Wildpflanzen NRW: Messungen Ernte 2000, in Klammern Maxima einzelner Individuen. Sorten: 9-10-jährige Durchschnittswerte; *Taurus*: 5 Jahre.
Quelle: LUTZ, schr. Mttl. 2001

Auch bezüglich der Aromawerte erhielten die Wildpflanzen gute Ergebnisse. 11 Pflanzen wurden hier mit dem Wert 7 bewertet. Bei der Einstufung der Aromaintensität bekamen 3 Wildpflanzen (H-18/1, H-33/18 und H-35/2) mit 9 Punkten Bestnoten.

Von Bedeutung für die weitere Zukunft erwiesen sich die Pathogenitätstests. 5 Wildpflanzen (3 aus H-18 sowie H-23/7 und H-30/16) erwiesen sich als vollständig resistent gegen den Echten Mehltau (*Sphaerotheca humili*), auch nach weiterer Prüfung im Glashaus. Dabei handelte es sich um eine nach bisherigen Erkenntnissen bislang unbekannte Mehlauresistenz.

Insgesamt wurden die Wildpflanzen im Hinblick auf die meisten erfaßten Eigenschaften gut bewertet und erreichten in vielen Fällen die Bewertungen von Kultursorten. Aufgrund der Mehltaresistenz einiger Pflanzen sind noch für dieses Jahr Kreuzungen zwischen Wildhopfen und Kulturhopfen vorgesehen.

3.4.4 Zusammenfassung und Diskussion der Ergebnisse

Es wurden insgesamt ca. 400 Hopfen-Individuen aus 32 natürlichen Populationen untersucht. Neben morphologischen Untersuchungen am natürlichen Standort (*in situ*), die in drei aufeinander folgenden Jahren zu einem großen Teil mehrfach wiederholt wurden, wurden die Merkmale auch unter gleichartigen Anbaubedingungen erhoben. Diese *Ex situ*-Untersuchungen erfolgten an ca. 250 Individuen aus 21 der 32 Populationen sowie drei Sorten. Die genetischen Untersuchungen (RAPD-PCR) wurden an 100 Individuen aus 20 Populationen sowie an zehn Kultursorten durchgeführt.

Variabilität konnte innerhalb und zwischen natürlichen Populationen bei allen untersuchten Merkmalsbereichen festgestellt werden.

Morphometrische Untersuchungen zur Variabilität der Blattformen ergaben, daß *in situ* die verschiedenen Blätter eines einzelnen Individuums sehr variieren, so daß Unterscheidungen von Individuen oder Populationen anhand von Blattmerkmalen nicht möglich waren. Unter gleichartigen Anbaubedingungen (*ex situ*) zeigten sich dagegen individuenspezifische Blattformen. Diese variierten jedoch innerhalb und zwischen Populationen gleichermaßen, so daß eine Charakterisierung von Populationen anhand dieser Merkmale auch *ex situ* nicht gelang.

Die Populationen konnten anhand der Morphologie der weiblichen Infloreszenzen sowie auf genetischer Ebene differenziert werden. Morphologisch konnten *ex situ* etwa zwei Drittel der Populationen sicher voneinander getrennt werden, *in situ* waren es etwas weniger und die Abgrenzung z.T. etwas ungenauer. Problematisch bei der Morphometrie der Blütenstände war – insbesondere bei *In situ*-Untersuchungen –, daß deren Entwicklung in Abhängigkeit von äußeren Faktoren stark variieren kann. So spielen vor allem der Einfluß der Befruchtung (Befruchtungszeitpunkt und Anteil der befruchteten Blüten innerhalb eines Blütenstandes), aber auch die Temperatur- und Lichtverhältnisse außerhalb wie innerhalb der Pflanze eine wichtige Rolle. In Anbetracht der langen Entwicklungszeit des Hopfens (i.d.R. drei Jahre bis zur ersten Blüte), konnten die *Ex situ*-Untersuchungen nicht wiederholt werden.

Die RAPD-PCR ergab insgesamt 367 *bins*, von denen die Hälfte Polymorphismen aufwiesen. Hierdurch konnten 84 der 100 Individuen unterschieden werden. Der größte Teil der Variabilität lag dabei zwischen den Populationen (66 %), ein Drittel (34 %) jedoch auch innerhalb, wobei die Variabilität innerhalb und zwischen den Populationen beträchtlich schwankte. Zur Differenzierung der Populationen spielten wiederum populationsspezifische Banden (insge-

samt 37 % aller polymorphen *bins*) eine wichtige Rolle. Mit lediglich einer Ausnahme gelang hierdurch eine sehr sichere Differenzierung.

Untersuchungen an zwei größeren Hopfenpopulationen (H-18, H-21) zeigten, daß innerhalb einer zusammenhängenden Population schon in geringer Entfernung eine Differenzierung von Gruppen möglich sein kann. So ließen sich bei H-18 auf einer Fläche von nur ca. 400 m² vier Sub-Populationen unterscheiden. Bei H-21 dagegen war dies auch bei Entfernungen von ca. einem Kilometer teilweise nicht möglich. Eine Erklärung hierfür könnte entweder eine größere genetische Durchmischung von H-21 sein oder ein geringeres Alter, so daß sich Teil-Populationen noch nicht deutlich differenzieren konnten. In jedem Fall zeigen die Ergebnisse jedoch, daß die genetische Durchmischung – selbst bei einer fremd- und windbestäubten und windverbreiteten Art wie dem Hopfen – bereits bei sehr geringen Entfernungen stark eingeschränkt sein kann.

Bei größeren Entfernungen konnte diese positive Korrelation zwischen genetischer und geographischer Distanz jedoch nicht bestätigt werden. So wuchsen die beiden Populationspärchen mit der geringsten (GD = 6,4 %) und der größten genetischen Distanz (GD = 21,3 %) beide in ca. 100 km Entfernung voneinander. Die morphologischen Merkmale verhielten sich in gleicher Weise.

Größere Gruppen ähnlicher Populationen existierten nicht, lediglich einige Pärchen. Korrelationen zu bestimmten Standortfaktoren oder zu bestimmten Großlandschaften NRWs konnten nicht gefunden werden.

Die Untersuchungen der natürlichen Hopfen-Populationen hinsichtlich züchterisch relevanter Merkmale ergaben, daß diese zum Teil sehr interessante Eigenschaften aufwiesen. Neben den Inhaltsstoffen (α -Säuren, Bitterstoffe), die bei einer Reihe von Populationen die Werte heutiger im Anbau befindlicher Kultursorten erreichten und z.T. auch übertrafen, war vor allem das Verhalten gegenüber dem Echten Mehltau *Sphaerotheca humuli* interessant. So zeigten Individuen aus drei Populationen diesem gegenüber eine absolute, bislang nicht bekannte Resistenz!

Der Vergleich der natürlichen Populationen mit 10 Kultursorten aus verschiedenen Teilen der Erde (Deutschland, England, USA, vgl. SEEFELDER et al. 2000) ergab ebenfalls interessante Ergebnisse. Eine Unterscheidung der beiden Gruppen gelang wiederum sowohl auf genetischer Ebene als auch anhand der weiblichen Infloreszenzen. Die Kultursorten wiesen hierbei im Durchschnitt mehr Brakteenpaare pro Zapfen auf (16,8) als die natürlichen Populationen (11,8), wobei einige Populationen jedoch ähnlich hohe Werte zeigten.

Genetisch bilden die Kultursorten eine gut definierte und von den natürlichen Populationen deutlich abseits stehende Gruppe. Die Auswertung der RAPD-Banden ergab, daß 16 % der polymorphen Banden ausschließlich bei den Kultursorten zu finden waren, wobei 10 Banden

(4,2 %) bei allen Sorten vorkamen, während sie bei allen natürlichen Populationen fehlten. Dem gegenüber standen jedoch mehr als doppelt so viele *bins* (34 %), die ausschließlich bei den natürlichen Populationen auftraten. Die genetischen Distanzen zwischen den Sorten waren mit durchschnittlich 10,2 % um etwa ein Viertel kleiner, als zwischen den natürlichen Populationen (13,4 %). Es haben sich somit durch die Züchtung - wie zu erwarten - bestimmte Merkmale herausgebildet, die für alle Sorten typisch sind. Gleichzeitig wurde jedoch die Variabilität eingeschränkt, so daß die Sorten nur noch einen Teil des gesamten Genpools der Art aufweisen. Wie die Ergebnisse zum Resistenzverhalten der natürlichen Populationen zeigen, sind dabei auch für die Züchtung sehr bedeutsame Eigenschaften verloren gegangen!

Insgesamt lassen die Untersuchungen folgende Schlußfolgerungen zu:

- Es existiert eine beachtliche Diversität unterhalb des Artniveaus.
- Der größte Anteil der Variabilität liegt zwischen den Populationen.
- Hopfen-Populationen unterscheiden sich sowohl morphologisch und genetisch als auch hinsichtlich ihrer Inhaltsstoffe und ihres Verhaltens gegenüber Pathogenen voneinander.
- Mit Hilfe der RAPD-PCR lassen sich Hopfen-Populationen sehr gut voneinander unterscheiden.
- Morphologisch lassen sich viele, aber nicht alle Populationen anhand der weiblichen Infloreszenzen unterscheiden. Dies gelingt unter gleichartigen Anbaubedingungen (*ex situ*) besser als am natürlichen Standort (*in situ*). Blattmerkmale sind hierzu nicht geeignet.
- Es ist kein übergeordnetes Muster der Diversität erkennbar (z.B. Korrelationen zur geographischen Distanz, zu naturräumlichen Einheiten oder zu bestimmten Standortfaktoren).
- Die Variabilität zwischen natürlichen Hopfen-Populationen in NRW ist größer als zwischen Kultursorten aus verschiedenen Teilen der Erde.
- Einige natürliche Populationen weisen eine bislang unbekannte Resistenz gegenüber dem Echten Mehltau (*Sphaerotheca humuli*) auf.

3.5 Konsequenzen für den Naturschutz

Die Entwicklung effizienter Naturschutzkonzepte ist infolge der rückläufigen Artenvielfalt für die dauerhafte Erhaltung der biologischen Diversität von zentraler Bedeutung. Obwohl in modernen Naturschutzkonzepten die Bewahrung gefährdeter Biotoptypen mit ihrem spezifischen Arteninventar Vorrang hat, gilt die besondere Aufmerksamkeit immer noch einzelnen Arten (Rote Listen). Aus der Erkenntnis, daß es sinnvoller ist, nicht einzelne Arten, sondern Artengemeinschaften und natürliche ökologische Kreisläufe zu erhalten, wurden auch in Nordrhein-Westfalen zeitgemäße Schutzprogramme entwickelt, die vorrangig den Schutz gefährdeter Biotoptypen anstreben. Zu nennen sind: Ackerrandstreifen-, Uferrandstreifen-, Mittelgebirgs- und Feuchtwiesenprogramm sowie Biotoppflege durch Landwirte. Als Kulturlandschaftsprogramme dienen sie in erster Linie dem Schutz artenreicher Lebensräume, die ihren Ursprung der landwirtschaftlichen Nutzung verdanken. Sie integrieren den Schutz der Lebensräume mit ihren biotischen und abiotischen Standortfaktoren sowie den Schutz seltener und im Fortbestand gefährdeter Arten.

Im Hinblick auf die Bedeutung wildwachsender Pflanzen als genetische Ressourcen muß eine weitere Ebene biologischer Diversität, die genetische Diversität, in modernen Schutzkonzepten Berücksichtigung finden. Diversität ist also nicht nur im Sinne von bloßer Artenvielfalt zu verstehen, sondern meint auch die Vielfalt innerhalb von Arten, d. h. die intraspezifische Diversität. Erst auf Grundlage fundierter Untersuchungen zur genetischen Variabilität der Arten können bestehende Schutzkonzepte modifiziert oder Konzepte mit neu formulierten Zielen erarbeitet werden.

Einzelne Pflanzen können – von klonal wachsenden Pflanzen abgesehen – als Bestandteil einer Population nur einen Ausschnitt des gesamten morphologischen und genetischen Spektrums repräsentieren. Die Ergebnisse des vorliegenden Forschungsprojekts belegen, daß eine Population i. d. R. zwar eine Gruppe relativ ähnlicher Individuen darstellt, daß jedes Individuum aber eigene Charakteristika aufweist, die bei anderen Individuen derselben Population fehlen. Die Ergebnisse zur Mehltaresistenz beim Hopfen belegen, daß wichtige Eigenschaften u.U. nur bei einzelnen Individuen einer Population auftreten. Darüber hinaus konnte gezeigt werden, daß zwischen verschiedenen Populationen derselben Art, eine noch größere genetische Variabilität feststellbar ist. Dies bedeutet, daß die Rolle der Populationen für die Bewahrung genetischer Vielfalt im Rahmen der Erarbeitung moderner Schutzkonzepte verstärkt Berücksichtigung finden muß. Dabei darf nicht vernachlässigt werden, daß auch ganze Populationen ihrerseits jeweils nur einen begrenzten Ausschnitt der gesamten morphologischen und genetischen Bandbreite der betreffenden Art repräsentieren.

Desweiteren muß in Betracht gezogen werden, daß die genetische Variabilität zwischen den Populationen nicht mit der geographischen Distanz der Wuchsorte korreliert sein muß. So ergaben bisher alle im Rahmen des Forschungsprojektes durchgeführten Untersuchungen, daß weder morphologische noch genetische Vielfalt in eindeutigem Zusammenhang mit der geographischen Distanz zwischen den Wuchsorten der Populationen stehen. Das bedeutet einerseits, daß sich unmittelbar benachbarte Populationen in hohem Maße unterscheiden können, während andererseits weit voneinander entfernt siedelnde große Ähnlichkeit zueinander aufweisen können.

Die mitteleuropäische Naturlandschaft hat sich unter dem Einfluß des Menschen zur Kulturlandschaft gewandelt. Elemente der Naturlandschaft finden sich heute nur noch als mehr oder weniger kleinflächige Relikte. Ihnen muß deshalb die besondere Aufmerksamkeit des Naturschutzes gelten. Innerhalb der Kulturlandschaft sind Formationen anzutreffen, die auf das unmittelbar absichtsvolle Eingreifen des Menschen zurückzuführen sind. Hierzu zählen z. B. Äcker, Wiesen und Weiden, deren Schutz das Ziel der Kulturlandschaftsprogramme ist. Neben diesen finden sich andere Formationen, die zwar auch auf anthropogene Eingriffe zurückzuführen sind, aber unbeabsichtigt entstanden (Straßenböschungen, Industriebrachen, Ruderalgesellschaften u. s. w). Sie sind im Gegensatz zu den oft langjährig stabilen, gleichzeitig aber durchaus dynamischen Ökosysteme (z. B. Auwälder für den Hopfen, Felsbänder für den Feldsalat) häufig von Störungen betroffen und können sogar u. U. nach einem gewissen Zeitraum wieder verschwinden.

Ein Teil der im Rahmen des Forschungsprojektes untersuchten Populationen stammt aus der Gruppe von zufällig und unbeabsichtigt geschaffenen Biotoptypen, den infolge menschlichen Handelns entstandenen Sekundärstandorten. Es konnte gezeigt werden, daß auch diese Populationen einen nicht unbeträchtlichen Ausschnitt der genetischen Diversität der jeweiligen Art repräsentieren. So findet sich z. B. Feldsalat genauso häufig auf Äckern wie an Straßenböschungen. Mit Hilfe der morphometrischen und molekulargenetischen Untersuchungen konnte nachgewiesen werden, daß beide Standorte durch individuelle Merkmalsausprägungen zu unterscheiden sind und insofern jeweils einen eigenen Beitrag zur Gesamtvielfalt der Art leisten. So wuchsen z.B. beim Hopfen die meisten mehlauresistenten Individuen in einem "Knick" zwischen zwei Äckern.

Die Folgerung, alle Biotoptypen gleichermaßen zu schützen, um die maximale Diversität zu bewahren, ist im praktischen Naturschutz natürlich nicht umsetzbar. Notwendig ist jedoch die Umsetzung der Erkenntnis, daß auch Besiedler „unattraktiver“, weitverbreiteter, häufig gestörter Wuchsorte Glieder der Gesamtpopulation einer Art sind. Sie sind Teil des gesamten Genpools und stellen einen Ausschnitt der genetischen Variabilität der Arten dar. Vor dem Hintergrund der Ergebnisse des Forschungsprojekts ist es deshalb vor allem notwendig, sich

der Bedeutung wildwachsender Pflanzen dieser Standorte bewußt zu werden. Hierzu gehört auch die Fähigkeit, die zukünftigen Folgen eines Verlustes dieser Populationen einzuschätzen. Fördernde Maßnahmen für die betreffenden Lebensräume sind bekannt und werden z. T. bereits verwirklicht: Verzicht auf Herbizidanwendung an Straßenrändern, Verzicht auf überflüssige Oberflächenversiegelung u. s. w. Zusätzlich ist zu empfehlen, jede neue vegetationsfreie Fläche als potentiell besiedelbaren Wuchsort zu betrachten, da sie zusätzlichen Lebensraum für sich spontan ansiedelnde, wildlebende Arten der Umgebung bietet. Auf Einsaaten und Anpflanzungen – zumindest in der freien Landschaft – sollte deshalb stets verzichtet werden, falls der Schutz der abiotischen Ressourcen dies nicht unbedingt erfordert. Nach Möglichkeit sollten deshalb solche Flächen der freien Sukzession überlassen werden, sofern diese vegetationsdynamischen Prozesse nicht anderen Ansprüchen zuwiderlaufen.

Zusammenfassend scheint deshalb weniger die Entwicklung völlig neuer Naturschutzkonzepte geboten, als vielmehr die Erweiterung des Blickes auf bisher nicht oder wenig beachtete Biotoptypen notwendig. Zudem sollte nicht nur die Art als Einheit, sondern verstärkt auch deren einzelne Populationen in Schutzbemühungen berücksichtigt werden.

3.6 Konsequenzen für die Züchtung

Pflanzen stellen als Primärproduzenten die Lebensgrundlage des Menschen dar. Die Vielfalt der pflanzengenetischen Ressourcen ist die Grundlage ihrer Anpassungsfähigkeit an veränderte Umweltbedingungen, neue Schädlinge und Krankheiten und die Voraussetzung dafür, daß Menschen auch in Zukunft auswählen und züchten können. Für die Pflanzenzüchtung ist die genetische Vielfalt innerhalb der Arten die Voraussetzung für das Erzielen von Zuchtfortschritten. Alte und aktuelle Sorten, Landsorten, Zuchtstämme und verwandte Wildpflanzen sind das Ausgangsmaterial für neue, verbesserte Sorten.

In der Züchtung werden bislang häufig ausschließlich Kreuzungen zwischen unterschiedlichen Elitelinien durchgeführt, da das Einkreuzen von Wildmaterial als zu aufwendig erscheint. Wildmaterial enthält viele züchterisch unerwünschte Eigenschaften, und es bedarf mehrerer Rückkreuzungen, um die Genomteile, die z. B. für eine Resistenz kodieren, in das Elitematerial einzulagern. In jüngster Zeit wurde eine neue Methode, das „advanced line breeding“, entwickelt, die in deutlich kürzerer Zeit die Erstellung von Linien ermöglicht. Ausgang dieser Arbeiten war eine interspezifische Kreuzung zwischen einer Hochleistungssorte der Tomate (*Lycopersicon esculentum*) und einer Wildart (*Lycopersicon peruvianum*) mit kleinen, grünen Früchten. Durch „advanced line breeding“ und dem Einsatz von molekularen Markern gelang es, in vergleichbar kurzer Zeit eine große Anzahl an interessanten neuen Linien zu entwickeln. Eine von ihnen erwies sich sogar als noch leistungsstärker als die in der

Kreuzung eingesetzte Hochleistungssorte (TANKSLEY & NELSON 1996). Diese Arbeiten haben gezeigt, daß die Einbringung (Introgression) von Wildartengenom in leistungsstarke Sorten sich dahingehend auswirken kann, daß Wildallele vor dem Hintergrund der Sorte zu völlig neuen Eigenschaftskombinationen führen können.

Zudem muß bedacht werden, daß – wie auch die Ergebnisse dieses Projektes zeigen - die ausschließliche Kreuzung von Elitelinien zu einer Einengung der genetischen Vielfalt führt und sich die Kombinationsmöglichkeiten letztlich irgendwann erschöpfen. Züchterfolge können nur noch unter Einbeziehung des primären (derselben Art) und sekundären Genpools (von verwandten Arten) erreicht werden.

Überdies sind die Nutzungsmöglichkeiten von Pflanzen gegenwärtig sicherlich noch nicht ausgeschöpft. Manche historische Nutzungen werden heute wiederentdeckt, wie z. B. Flachs und Hanf zur Herstellung von Textilien und Papier. Forschung und Pflanzenzüchtung erschließen neuartige Verwendungsmöglichkeiten von nachwachsenden Rohstoffen, z. B. biologisch abbaubare Kunststoffe. Viele Wildpflanzen, die heute „nutzlos“ erscheinen, können wertvolle, noch unentdeckte Inhaltsstoffe enthalten.

Bei der Einbeziehung von Wildmaterial in die Züchtung wird man dabei zunächst auf den primären Genpool zurückgreifen, wobei jedoch eine sehr viel differenziertere Vorgehensweise notwendig erscheint als bisher üblich.

Die Ergebnisse des Forschungsprojektes zeigen, daß bei allen untersuchten Merkmalen der ausgewählten Arten eine deutlich erkennbare Diversität vorhanden ist. Zudem wurde gezeigt, daß hinsichtlich züchterisch relevanter Merkmale die Wildvorkommen in vielen Fällen nicht nur die Werte heutiger Kultursorten erreichen, sondern in zwei Fällen auch neue, bislang unbekannte Resistenzen gefunden werden konnten. Vor dem Hintergrund dieser Ergebnisse und in Anbetracht der begrenzten Zahl untersuchter Populationen aus einem nur kleinen Ausschnitt des jeweiligen Gesamtareals der Arten, erscheinen weitere Untersuchungen in diesem Bereich sehr vielversprechend.

Sollen Wildherkünfte zur Einkreuzung in bestehende Sorten verwendet werden, ist es jedoch unbedingt zu empfehlen, nicht auf Accessionen unbekannter Eigenschaften und Herkunft zurückzugreifen – bei Material, das von Genbanken angeboten wird, ist dies oft der Fall –, sondern diese möglichst gezielt auszuwählen.

Hierzu muß zum einen bekannt sein, wo die wildwachsenden Stammformen der betreffenden Kultursorten vorkommen. Zum anderen müssen auch die standörtliche, die morphologische (einschließlich züchterisch relevanter Merkmale) und die genetische Variabilität ermittelt und zueinander in Beziehung gesetzt werden. Zusammen mit genauen Angaben zur Lokalisation jedes Fundortes bestände damit die Möglichkeit, jederzeit auf umfassend charakterisierte Populationen mit vielversprechenden Eigenschaften zurückgreifen zu können.

4. Zusammenfassung

Zur Untersuchung der Variabilität von Wildpflanzenpopulationen in Nordrhein-Westfalen – als Grundlage zur Erstellung eines Schutzkonzeptes zur *In-situ*-Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen – wurden exemplarisch vier Arten ausgewählt. Um nach Möglichkeit zu generalisierbaren Aussagen zu kommen, wurden hierzu Arten unterschiedlicher Biologie, insbesondere hinsichtlich des Fortpflanzungstyps und der Lebensform untersucht. Mit dem Kleinfrüchtigen Leindotter (*Camelina microcarpa* ANDRZ.) und dem Echten Feldsalat (*Valerianella locusta* (L.) LATERR.) wurden dabei zwei Einjährige (Therophyten), mit dem Wiesen-Kümmel (*Carum carvi* L.) ein zweijähriger, krautiger Hemikryptophyt und mit dem Hopfen (*Humulus lupulus* L.) ein ausdauernder, verholzender und zudem zweihäusiger Hemikryptophyt gewählt. Während *Camelina* überwiegend und *Valerianella* nahezu ausschließlich selbstbefruchtend sind, handelt es sich bei *Carum* und *Humulus* um Fremdbefruchter.

Zur Beurteilung der innerartlichen Variabilität der verschiedenen Pflanzenarten wurden sowohl morphometrische als auch molekulargenetische (RAPD-PCR) Untersuchungen durchgeführt. Die Untersuchungen verfolgten dabei das Ziel, auf Populationsniveau Unterschiede innerhalb der nordrhein-westfälischen Vorkommen dieser Arten zu ermitteln und zu ordnen. Bei der Auswertung der Ergebnisse standen folgende Fragen im Vordergrund:

- Sind Unterschiede zwischen den untersuchten Individuen der jeweiligen Arten mit den gewählten Methoden feststellbar?
- Lassen sich Populationen mit Hilfe der erhobenen morphologischen Merkmale bzw. der RAPD-Bandenmuster unterscheiden?
- Zeigen Populationen bestimmter geographischer Räume wie z. B. den Großlandschaften Nordrhein-Westfalens Ähnlichkeiten zueinander bzw. bestehen Korrelationen zwischen genetischer Distanz und geographischer Distanz?
- Lassen sich Korrelationen bestimmter Eigenschaften zu bestimmten Standorten feststellen?
- Liefern die morphologischen und die genetischen Untersuchungen vergleichbare Ergebnisse?
- Verhalten sich die vier untersuchten Arten bzgl. der oben genannten Fragen unterschiedlich?

Bei allen erhobenen Merkmalen läßt sich bei den bislang untersuchten Arten **Diversität** feststellen. Im Falle der morphometrischen Untersuchungen zeigten fast alle untersuchten Merkmale unterschiedliche Ausprägungen, die - bisher für *Valerianella* und *Carum* belegt - auch unter gleichartigen Anbaubedingungen erhalten bleiben.

Im Falle der RAPD-Analysen lassen sich in der Regel sogar die Individuen gut voneinander unterscheiden. Beim Hopfen konnten 84 von 100 Individuen sicher unterschieden werden. Insgesamt zeigten hier 54 % aller *bins* Polymorphismen, bei *Valerianella locusta* waren es nur 24 %.

Innerhalb beider bislang ausführlich untersuchten Pflanzenarten *Valerianella locusta* und *Humulus lupulus* ist eine **Differenzierung von Populationen** möglich.

Bei der Differenzierung der Populationen durch morphologische Merkmale sind es in allen Fällen Kombinationen verschiedener Merkmale, die eine Trennung der Populationen erlauben. Anhand einzelner Merkmale gelingt dies i. d. R. nicht. Einige Populationen mit Merkmalsausprägungen im mittleren Wertebereich lassen sich jedoch auch durch Merkmalskombinationen z. T. nur schwer differenzieren.

Mit Hilfe der RAPD-Daten sind fast alle Populationen gut voneinander abgrenzbar. Dies beruht zum einen darauf, daß die genetischen Distanzen der Individuen innerhalb einer Population i. d. R. geringer sind als zwischen Individuen verschiedener Populationen. Zum anderen liegt es aber auch an der Existenz populationspezifischer Banden, also solchen, die bei allen Individuen einer bestimmten Population vorkommen, bei den Individuen aller anderen Populationen jedoch fehlen.

Die mit Hilfe der RAPD-Daten errechnete durchschnittliche genetische Distanz zwischen den Populationen betrug beim Feldsalat 8,5 %, beim Hopfen 13,9 %⁴¹.

Beim Hopfen ließen sich zum Teil auch unterhalb der Populationsebene Gruppierungen feststellen. So konnten im Falle eines sich über mehrere hundert Meter erstreckenden Hopfenbestandes, der im Gelände als eine räumlich kaum gegliederte, große Population aufgefaßt wurde, mit Hilfe der RAPD-Bandenmuster vier gut trennbare Teilpopulationen unterschieden werden.

Gute Korrelationen zu bestimmten geographischen Räumen wie z. B. den **Großlandschaften** Nordrhein-Westfalens konnten weder anhand der morphologischen noch anhand der genetischen Eigenschaften der Populationen gefunden werden. Lediglich bei *Valerianella locusta* scheinen sich die untersuchten Populationen des Niederrheinischen Tieflandes durch früheren Blühbeginn von den übrigen zu unterscheiden.

Eine eindeutige **Korrelation von genetischer und geographischer Distanz** besteht ebenfalls nicht. Benachbarte Populationen können zum Teil größere genetische Distanzen zueinander aufweisen als weit entfernte. Dies gilt in gleicher Weise für die morphologischen Merkmale. Auch hier sind morphologisch ähnliche Populationen nicht unbedingt benachbart.

⁴¹ bezogen auf die Vereinigungsmenge aller Banden einer Population (DNA-Mix)

Korrelationen zu bestimmten Standorten bestehen möglicherweise im Falle des Feldsalates. Hier deuten sowohl die morphologischen als auch die genetischen Ergebnisse darauf hin, daß Populationen von Ackerstandorten – auch über größere Entfernungen hinweg – größere Ähnlichkeit zueinander aufweisen als zu benachbarten Populationen von Nicht-Ackerstandorten. Zur Belegung dieser Hypothese sind jedoch weitere Untersuchungen erforderlich.

Bezüglich der Hauptaussagen, der Differenzierbarkeit von Populationen und dem weitgehenden Fehlen einer Korrelation zu Großlandschaften bzw. zu geographischen Distanzen, läßt sich eine recht gute **Vergleichbarkeit der Ergebnisse** beider Untersuchungsmethoden feststellen. Die RAPD-Bandenmuster liefern meist eine eindeutigere Trennung von Populationen und kleinen Gruppen von Populationen als die morphologischen Merkmale und ermöglichen zudem die Berechnung vergleichbarer genetischer Distanzen. Die morphologischen Merkmale erlauben dagegen in der Regel erst in Kombination eine Differenzierung.

Die bislang untersuchten Arten Feldsalat, Kümmel und Hopfen scheinen insgesamt ein im wesentlichen ähnliches Bild zu zeigen:

- Innerartliche Diversität läßt sich bei allen drei Arten feststellen.
- Die Populationen stellen die Einheiten dar, zwischen denen die größte Diversität ermittelt wurde, während innerhalb der Populationen die Individuen untereinander relativ einheitlich zu sein scheinen.
- Gut definierbare übergeordnete Gruppierungen konnten bislang nicht ermittelt werden (vielleicht mit Ausnahme des Feldsalates auf Acker- und Nicht-Ackerstandorten).
- Es besteht keine Korrelation zwischen genetischer Distanz und geographischer Distanz.
- Die selbstbefruchtende Art *Valerianella locusta* zeigt – bei gleicher Anzahl Primer – nur halbsoviele polymorphe bins wie der Fremdbefruchter *Humulus lupulus*. Die durchschnittliche genetische Distanz des Feldsalates ist mit 8,5 % gegenüber 13,9 % ebenfalls um ca. 40 % geringer als die des Hopfens. Fremdbefruchtete Arten scheinen somit auch zwischen Populationen eine größere Diversität aufzuweisen als Selbstbefruchter. Weitere Untersuchungen zur Belegung dieser These sind jedoch notwendig.
- Zur Untersuchung der morphologischen Diversität von Wildpflanzen innerhalb einer Art sind Anbauversuche unter gleichen Bedingungen (ex situ) notwendig, da genetisch bedingte Unterschiede durch standortbedingte Merkmalsausprägungen (Modifikationen) am Wuchsort (in situ) verdeckt bzw. verfälscht werden können.

Aus den bisherigen Ergebnissen lassen sich folgende **Konsequenzen für den Naturschutz** ableiten:

- Da die größte genetische Diversität zwischen den Populationen der betreffenden Arten ermittelt wurde, während sie zwischen den Individuen einer Population in der Regel geringer ist, sollte die Populationsebene in modernen Schutzkonzepten verstärkt Berücksichtigung finden.
- Angesichts der geringen Korrelation von morphologischer und genetischer Vielfalt mit der geographischen Distanz zwischen den Wuchsorten der Populationen reichen Schutzkonzepte, die allein auf geographischen Mindestentfernungen basieren, nicht aus.
- Populationen repräsentieren unabhängig von ihrem Standort – naturnah oder ruderal – nur einen Teil des gesamten Genpools der jeweiligen Art. Auch „unattraktive“ Wuchsorte müssen daher beim Schutz pflanzengenetischer Ressourcen in die Überlegungen einbezogen werden.
- Eine vollkommen neue Konzeption von Schutzprogrammen zur Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen erscheint nicht notwendig, vielmehr ist eine Erweiterung des Blickes auf bisher nicht oder wenig beachteter Biotoptypen geboten, um so ggf. bestehende Schutzkonzepte zu modifizieren.

Im Hinblick auf Bestrebungen, Wildpflanzenmaterial in die Kulturpflanzenzüchtung einzubeziehen, wurden die Ergebnisse des Forschungsprojektes auch auf **Konsequenzen für die züchterische Praxis** ausgewertet. Zusammenfassend lassen sich folgende Aussagen treffen:

- Alle untersuchten Merkmale der ausgewählten Arten zeigten eine deutlich erkennbare Diversität. Dies betrifft u. a. Merkmale von unmittelbarer züchterischer Relevanz (Hopfenzapfen, Feldsalatblätter).
- Es ist davon auszugehen, daß auch weitere, für die Züchtung relevante Merkmale (Resistenzen, Erträge u. s. w.), die in diesem Zusammenhang nicht erfaßt wurden, in gleicher Weise variieren.
- Bei der Verwendung von Wildmaterial in der Züchtung erscheint es sinnvoll, die Herkunft wildwachsender Stammformen zu klären, ihr derzeitiges Areal zu ermitteln und dort die standörtliche, morphologische und genetische Variabilität der jeweiligen Art zu untersuchen.
- Langfristig ist es wünschenswert, bei der Einkreuzung von Wildmaterial auf genetisch und morphologisch charakterisierte Accessionen bekannter Herkunft zurückgreifen zu können.

5. Schlußfolgerungen für die Umsetzung der Ergebnisse in die Praxis

Erläuterungen hierzu finden sich in den Abschnitten 3.5 und 3.6.

6. Literaturverzeichnis

- AYRES, D.R. & F.J. RYAN (1999): Genetic diversity and structure of the narrow endemic *Wyethia reticulata* and its congener *W. bolanderi* (Asteraceae) using RAPD and allozyme techniques. – *Am. J. Bot.* **86**, 344-353.
- BAYERISCHE LANDESANSTALT FÜR BODENKULTUR UND PFLANZENBAU (2000): Jahresbericht 1999, Sonderkultur Hopfen, 104 S.
- BEGEMANN, F. (1988): Ecogeographic Differentiation of Bambarra Groundnut (*Vigna subterranea*) in the Collection of the International Institute of Tropical Agriculture (I.I.T.A.).- Gießen, Wissenschaftlicher Fachverlag (Dissertation), 153 S.
- BIANCHINI, F. (1978): Der große Heilpflanzenatlas.- BLV Verlagsgesellschaft Wien, 243 S.
- BRADY, J.L., N.S. SCOTT & N.R. THOMAS (1996): DNA typing of hops (*Humulus lupulus*) through application of RAPD and microsatellite marker sequences converted to sequence tagged sites (STS).- *Euphytica* **91**, 277-284.
- BRAUN-BLANQUET, J. (1964): Pflanzensoziologie. 3. Aufl., Springer Verlag Wien New York, 865 S.
- BRUNELL, M.S. & R. WHITKUS (1997): RAPD Markers Variation in *Eriastrum densifolium* (Polemoniaceae): Implications for Subspecific Delimitation and Conservation. - *Systematic Botany* **22(3)**, 543-553.
- BÜHL, A. & ZÖFEL, P. (1998): SPSS für Windows, Version 7.5.- 4. Aufl. Addison Wesley Longman Verlag GmbH Bonn, 669 S.
- BUNDESAMT FÜR NATURSCHUTZ [Hrsg.] (1997): Erhaltung der biologischen Vielfalt. Landwirtschaftsverlag GmbH, Münster, 352 S.
- BUNDESMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG, LANDWIRTSCHAFT UND FORSTEN mit ZENTRALSTELLE FÜR AGRARDOKUMENTATION UND –INFORMATION [Hrsg.] (1997): Globaler Aktionsplan...- Schriften zu Genetischen Ressourcen Sonderband **4**, Intern. Techn. Konferenz der FAO über pflanzen genet. Ressourcen, 24-37.
- BUNDESSORTENAMT (1992): Richtlinie zur Prüfung der Unterscheidbarkeit, Homogenität und Beständigkeit von Hopfen, unveröff. 8 S.
- CONERT, H. J., U. HAMANN, W. SCHULZE-MOTEL & G. WAGENITZ [Hrsg.] (1986): Hegi – Illustrierte Flora von Mitteleuropa.- Bd. IV (1), 3. Aufl., Verlag Paul Parey Berlin, Hamburg, 598 S.
- DARLINGTON, C. D. & A. P. WYLIE (1955): Chromosome Atlas of Flowering Plants.- 2. Aufl. George Allen & Unwin LTD London, 519 S.
- DAVIS, E. (1957): Morphological complexes in hops (*Humulus lupulus* L.) with special reference to the american race.- *Annals of the Missouri Botanical Garden* **44 (4)**, 271-294.

- DICE, L.R. (1945): Measures of the amount of ecologic association between species. - *Ecology* **26**, 297-302.
- DINTER, W. (1986): Naturräumliche Grundlagen zur Regionalisierung der Roten Liste.- In: LÖLF NW (1986): Rote Liste der in Nordrhein-Westfalen gefährdeten Pflanzen und Tiere.- Schr.reihe d. LÖLF **4**, 30-35.
- DÜLL, R. & H. KUTZELNIGG (1994): Botanisch-ökologisches Exkursionstaschenbuch, 5. Aufl., Quelle & Meyer, Wiesbaden, 590 S.
- ERNET, D. (1977 a): Sproßaufbau und Lebensform von *Valerianella* und *Fedia* (Valerianaceae).- *Plant Syst. Evol.* **127**, 243-276.
- ERNET, D. (1977 b): Blütenbau und Fortpflanzungsbiologie von *Valerianella* und *Fedia* (Valerianaceae).- *Plant Syst. Evol.* **128**, 1-22.
- ERNET, D. (1978): Fruchtbau und Verbreitungsbiologie von *Valerianella* und *Fedia* (Valerianaceae).- *Plant Syst. Evol.* **130**, 85-126.
- EXCOFFIER, L., P.E. SMOUSE & J.M. QUATTRO (1992): Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: applications to human mitochondrial DNA restriction data. - *Genetics* **131**, 434-447.
- FELSENSTEIN, J. (1985): Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. - *Evolution* **39**, 783-791.
- FISCHER, M. & D. MATTHIES (1998): RAPD variation in relation to population size and plant fitness in the rare *Gentianella germanica* (Gentianaceae).- *American Journal of Botany* **85** (6), 811-819.
- FLURY, B. (1997): A first course in multivariate statistics.- Springer Verlag New York, 713 S.
- FRANKE, W. (1997): Nutzpflanzenkunde.- 6. Aufl., Thieme Verlag, Stuttgart 509 S.
- GABLER, J. & F. EHRIG (2000): *Phomopsis diachenii* Sacc., ein aggressiver Krankheitserreger an Kümmel (*Carum carvi* L.) - Erstnachweis für Deutschland.- *Z. f. Arznei- und Gewürzpflanzen.* **5**, 36-39.
- GOWER J. C. (1966): Some distance properties of latent root and vector methods used in multivariate analysis. *Biometrika*, **53**, 325-338.
- GREGORIUS, H.-R. & J. H. ROBERDS (1986): Measurements of genetical differentiation among subpopulations. - *Theor. Appl. Genet.* **71**, 826-834.
- HACKBARTH, J. (1944): Die Ölpflanzen Mitteleuropas.- Wiss. Verlagsges. mbH Stuttgart, 378 S.
- HEEGER, E. F. (1956): Handbuch des Arznei- und Gewürzpflanzenbaues.- Deutscher Bauernverlag, Berlin, 776 S.
- HEGI, G. (1926): Illustrierte Flora von Mittel-Europa, Bd. V (2), J. F. Lehmanns Verlag München.
- HEGI, G. (1981): Illustrierte Flora von Mittel-Europa.- Bd. III (1), 3. Aufl., Carl Hanser Verlag München, 504 S.
- HENRION, R. & G. HENRION (1995): Multivariate Datenanalyse.- Springer Verlag Berlin, 261 S.

- HERMY, M (1988): Multivariate Analysis of Biological Data.- Bull. Soc. Roy. Bot., Belg. 121, 127-158.
- HUFF, D.R., R. PEAKALL & P.E. SMOUSE (1993): RAPD variation within and among populations of outcrossing buffalograss – Theor. Appl. Gen. **86**, 927-934.
- HEYWOOD, V. H. [Hrsg.] (1982): Blütenpflanzen der Welt.- Birkhäuser Verlag Basel, 335 S.
- INTERNATIONALER VERBAND ZUM SCHUTZ VON PFLANZENZÜCHTUNGEN (1980): Richtlinien für die Durchführung der Prüfung auf Unterscheidbarkeit, Homogenität und Beständigkeit – Feldsalat.- unveröff. 10 S.
- JACCARD, P. (1908): Nouvelle recherches sur la distribution florale. - Bull. Soc. Vaud. Sci. Nat. **44**, 223-270.
- JAGEL, A. & H. HÄUPLER (1995) [Hrsg.]: Arbeitsatlas zur Flora Westfalens, Arbeitsgruppe Geobotanik, Spezielle Botanik, Ruhr-Universität Bochum, 2. Aufl., 397 S.
- KLEIN, V. (1986): Beitrag zur Chemotaxonomie einheimischer Wildleguminosen.- Decheniana **139**, 214-222.
- KNÖRZER, K.-H. (1978): Entwicklung und Ausbreitung des Leindotters (*Camelina sativa* s. l.).- Ber. Deutsch. Bot. Ges. 91, 187-195.
- KÖHLER, W., J. PONS & A. LANGSDORF (1997): Biometrische Methoden zur Beschreibung genetischer Diversität. - In: Begemann, F. (Hrsg.): Züchterische Nutzung pflanzen-genetischer Ressourcen, Schriften zu Genetischen Ressourcen **8**, 93-109, ZADI, Bonn.
- LANNÉR, C., T. BRYNGELSSON & M. GUSTAFSSON (1996): Genetic validity of RAPD markers at the intra- and inter-specific level in wild *Brassica* species with $n = 9$.- Theor. Appl. Genet. **93**, 9-14
- LEONARDS, C. & H. P. MÜLLER (1990): Populationsgenetik und Artenschutz – Untersuchungen zur genetischen Variabilität in Wildpopulationen der Gattung *Vicia* im Rheinland und in der Eifel.- Decheniana **143**, 196-208.
- LINK, W., C. DIXKENS, M. SINGH & M. SCHWALL, A.E. MELCHINGER (1995): Genetic diversity in European and Mediterranean faba bean germ plasm revealed by RAPD markers. - Theor. Appl. Genet. **90**, 27-32.
- MANTEL, N.A. (1967): The detection of disease clustering and a generalized regression approach. – Cancer Res. **27**, 209-220.
- MIREK, Z. (1981): Genus *Camelina* in Poland – Taxonomy, Distribution and Habitats.- Fragm. Florist. et Geobot. XXVII (**3**), 445-507.
- MÜLLER, TH. (1974): Gebüschgesellschaften im Taubergießengebiet.- In: Das Taubergießengebiet, Natur- und Landschaftsschutzgeb. Bad.-Württ. **7** Ludwigsburg, 400-421.
- MULLIS, K.B. (1990): Scientific American **56**.
- MURRAY, M.G. & W.F. THOMPSON (1980): Nucleic Acids Res. **8**, 4321-4325.
- NEVE, R. A. (1991): Hops.- 1. Aufl., Chapman and Hall, London, 261 S.

- OBERDORFER, E. (1980): Klasse Molinio-Arrhenatheretea.- In: OBERDORFER, E. (1993) [Hrsg.]: Süddeutsche Pflanzengesellschaften: Wirtschaftswiesen und Unkrautgesellschaften.- Bd. III, 3. Aufl. Jena, Gustav Fischer Verlag, 24-32.
- OBERDORFER, E. (1994): Pflanzensoziologische Exkursionsflora. 7. Aufl.- Ulmer, Stuttgart, 1050 S.
- OBERDORFER, E. [Hrsg.] (1992): Süddeutsche Pflanzengesellschaften IV (A Textband) .- 2. Aufl. Gustav Fischer Verlag Jena, 282 S.
- OETMANN, A. (1994): Untersuchungen zur intraspezifischen phänotypischen Variabilität autochthoner Weidelgrasherkünfte (*Lolium perenne* L.) und ihre Bedeutung für die Erhaltung wertvoller Standorte vor Ort (*In situ*). Dissertation, Kassel, 203 S.
- OPITZ, O. (1980): Numerische Taxonomie.- UTB Gustav Fischer Verlag Stuttgart New York, 191 S.
- PALACIOS, C. & F. GONZALEZ-CANDELAS (1997): Analysis of population genetic structure and variability using RAPD markers in the endemic and endangered *Limonium duffourii* (Plumbaginaceae) – Molecular Ecology **6**, 1107-1121.
- PANK, F. (2000): Heil- und Gewürzpflanzen aus der Sicht des Pflanzenzüchters, 3. Mittlg.: Kümmel (*Carum carvi*).- Beiträge zur Züchtungsforschung **6** (2), 31-45.
- PANK, F., GABLER, J. & FORWICK-KREUZER, J. (2001): Schriftenr. des BMVEL, Reihe A: Angewandte Wissenschaft, Münster-Hiltrup. (im Druck)
- PIETREK, G. (2000): Die Wirt-Pathogen-Beziehung von *Valerianella locusta* (L.) Laterr. und *Peronospora valerianellae* Fuckel als Grundlage der Resistenzzüchtung. Dissertation, TU München.
- PILLAY, M. & S.T. KENNY (1996): Random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers in hop, *Humulus lupulus*: level of genetic variability and segregation in F₁ progeny.- Theor. Appl. Genet. **92**, 334-339.
- RADATZ, W & W. HONDELMANN (1981): Samenöhlhaltige Pflanzen der Wildflora als potentielle Nutzpflanzen für die Gewinnung von Industriegrundstoffen – Literaturübersicht und Zielsetzung.- Landbauforsch. Völkerode, **31**. Jg. (4), 227-240.
- ROHLF, F. J. (1972): An empirical comparison of three ordination techniques in numerical taxonomy. Systematic Zool., **21**:271-280.
- ROHLF, F.J. (1998): NTSYSpc, Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis, Version 2.02i, Exeter Software, New York
- ROTHMALER, W. [Begr.] (1990): Exkursionsflora von Deutschland Bd. 4.- 8. Aufl. Berlin, Volk und Wissen Verlag, 811 S.
- SAITOU, N. & M. NEI (1987): The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. - Mol. Biol. Evol. **4**, 406-425.
- SCHLOSSER, S., L. REICHHOFF & P. HANELT [Hrsg.] (1991): Wildpflanzen Mitteleuropas. Nutzung und Schutz.- Deutscher Landwirtschaftsverlag, Berlin.
- SCHÖN, C.C. & W. LINK (1997): Biometrische Methoden zur Beschreibung genetischer Diversität - Fallbeispiele. - In: Begemann, F. (Hrsg.): Züchterische Nutzung pflanzen-

- genetischer Ressourcen, Schriften zu Genetischen Ressourcen **8**, 110-117, ZADI, Bonn.
- SCHUMACHER, W., B. DÜLL-WUNDER, C. VANBERG & J. WUNDER (1996): Atlas der Farn- und Blütenpflanzen des Rheinlandes, Institut f. Landw, Botanik, Landwirtschaftl. Fakultät d. Rhein. Friedr.-Wilh.-Universität Bonn, Forschungsber. (**33**), 355 S.
- SEEFELDER, S., H. EHRMAIER, G. SCHWEIZER, E. SEIGNER (2000): Genetic diversity and phylogenetic relationships among accessions of hop (*Humulus lupulus* L.) – Plant Breeding **119**, 257-263.
- SIEWEK, F. (1990): Exotische Gewürze.- Birkhäuser Verlag Basel, 190 S.
- SNEATH, P.H.A. & R.R. SOKAL (1973): Numerical Taxonomy, W.H. Freeman & Co, San Francisco.
- SOKAL, R. R. (1979): Testing statistical significans of geographic variation patterns. – Systematic. Zool. **28**, 227-231
- STEWART, C.N. & L. EXCOFFIER (1996): Assessing population genetic structure and variability with RAPD data: application to *Vaccinium macrocarpum* (American Cranberry) – Journal Evol. Biol. **9**, 153-171
- STUDIER, J.A. & K.J. KEPPLER (1988): A note on the neighbor-joining algorithm of Saitou and Nei. - Mol. Biol. Evol. **5**, 729-731.
- TANKSLEY, S. D.; NELSON, J. C. (1996): Advanced backcross QTL analysis: a method for the simultaneous discovery and transfer of valuable QTLs from unadapted germplasm into elite breeding lines. – Theor. Appl. Gen. **92/2**; 191-203.
- TITZ, W. (1982): Über die Anwendbarkeit biomathematischer und biostatistischer Methoden in der Systematik (mit besonderer Berücksichtigung multivariater Verfahren).- Ber. Deutsch. Bot. Ges. **95**, 149-154.
- TUTIN, T. G., V. H. HEYWOOD, N. A. BURGESS, D. H. VALENTINE, S. M. WALTERS & D. A. WEBB (1968): Flora Europaea **2**.- Cambridge University Press, S. 354.
- URBANSKA, K. M. (1992): Populationsbiologie der Pflanzen.- UTB Gustav Fischer Verlag Stuttgart Jena, 374 S.
- VAN DE PEER, Y., DE WACHTER, R. (1997): Construction of evolutionary distance trees with TREECON for Windows: accounting for variation in nucleotide substitution rate among sites. – Comput. Applic. Biosci. **13**, 227-230.
- WAGENITZ, G. [Hrsg.] (1970): HEGI – Illustrierte Flora von Mittel-Europa, Bd. VI (**2**), Carl Hanser Verlag München, 97-176.
- WEIR, B.S. (1996): Genetic data analysis II, Sinauer Ass., Massachusetts.
- WELSCH, J. & M. MCCLELLAND (1990): Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. - Nucl. Acid Res. **18, 24**, 7213-7218.
- WILLIAMS, J.G.K., A.R. KUBELIK, K.J. LIVAK, J.A. RAFALSKI & V.S. TINGEY (1990): DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. - Nucl. Acid Res. **18, 22**, 6531-6535.
- WOLFF-STRAUB, R., I. BANK-SIGNON, E. FOERSTER, H. KUTZELNIGG, H. LIENENBECKER, E. PATZKE, U. RAABE, F. RUNGE & W. SCHUMACHER (1988): Florenliste von Nord-

- rhein-Westfalen.- In: LÖLF NRW [Hrsg.]: Florenliste von Nordrhein-Westfalen.- Schr.-R. d. Landesanst. f. Ökol., Landschaftsentwicklung u. Forstplanung NRW (7), Recklinghausen, 7-89.
- WRIGHT, S. (1951): The genetical structure of populations. – *Annals of Eugenetics* **15**: 323-354
- WRIGHT, S. (1965): The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. – *Evolution* **19**: 395-420
- ZAHLHEIMER, W. A. (1979): Vegetationsstudien in den Donauauen zwischen Regensburg und Straubing als Grundlage für den Naturschutz.- *Hoppea* **38** Regensburg, 3-398.
- ZEIDLER, A., S. SCHNEIDER, C. JUNG, A. E. MELCHINGER & P. DITTRICH (1994): The use of DNA fingerprinting in ecological studies of *Phragmites australis* (Cav) Trin. ex Steudel.- *Bot. Acta* **107**, 237-242.
- ZÖFEL, P. (1992): Statistik in der Praxis.- 3. Aufl., UTB Gustav Fischer Verlag Stuttgart Jena, 422 S.

7. Anhang

- Tab. 3,4-9 Genetische Distanzen der Hopfenpopulationen⁴²
- Tab. 7-1 *Valerianella locusta* (Echter Feldsalat): Geographische und standörtliche Angaben zu den Wildherkünften
- Tab. 7-2 *Camelina microcarpa* (Kleinfrüchtiger Leindotter): Geographische und standörtliche Angaben zu den Wildherkünften
- Tab. 7-3 *Carum carvi* (Wiesen-Kümmel): Geographische und standörtliche Angaben zu den Wildherkünften
- Tab. 7-4 *Humulus lupulus* (Hopfen): Geographische und standörtliche Angaben zu den Wildherkünften
- Tab. 7-5 Abkürzungen der erhobenen morphologischen Merkmale
- Tab. 7-6 Vegetationstabelle *Valerianella locusta*⁴²
- Tab. 7-7 Vegetationstabelle *Carum carvi*⁴²
- Tab. 7-8 Artenliste der Begleitvegetation aller untersuchten Fundorte des Hopfens (*Humulus lupulus*)

⁴² Diese Tabelle kann bei Bedarf beim Lehr- und Forschungsschwerpunkt „Umweltverträgliche und Standortgerechte Landwirtschaft“ der Universität Bonn eingesehen bzw. angefordert werden.

Tab. 7-1 *Valerianella locusta* (Echter Feldsalat): Geographische und standörtliche Angaben zu den Wildherkünften

Bezeichnung der Population	TK Rechts-Hochwert	TK Name Großlandschaft NRW	Geologischer Untergrund Bodenart	Höhe ü. NN Ndschl./Jahr Inkl./Exp.	Standortbeschreibung	Populationsgröße und -ausdehnung
F-1 ^{1,M}	5406 / 213	Bad Münstereifel	Mitteldevon	300 m 600-650 mm	Straßengraben, schattig, feucht, Vegetation lückig, moosreich; 2 x Mahd / Jahr	Population klein: wenige Individuen auf ca. 50m ²
	25532 56580	Eifel	Schluff	- / -		
F-2 ^{1,M}	5406 / 213	Bad Münstereifel	Mitteldevon	300 m 600-650 mm	Straßengraben u. Böschung, schattig bis hell, Vegetation lückig; 2 x Mahd / Jahr	Population mittel: ca. 100-200 Ind. auf ca. 100m ² , in kleinen Gruppen
	25532 56580	Eifel	Schluff	50° / SW		
F-4a ^{1,M}	5406 / 312	Bad Münstereifel	Mitteldevon	380 m 700-750 mm	Böschung, sonnig, z. T. trocken, Vegetation heterogen; Mahd	Population mittel: zerstreut oder in Gruppen
	25490 56014	Eifel	Lehm	45° / SW		
F-4b ^{1,2,M}	5406 / 312	Bad Münstereifel	Mitteldevon	380 m 700-750 mm	Ackerrand, 1997 Getreide, ungespritzt, Übergang zu Böschung	Population klein: ca. 100-150 Ind. auf ca. 20m ²
	25490 56014	Eifel	Lehm	- / -		
F-5 ^{1,2}	5606 / 141	Üxheim	Mitteldevon	450 m 800-850 mm	Böschung, rel. trocken, Vegetation lückig	Pop. klein-mittel: <200 Ind. auf ca. 30m ² , kl. Gruppen
	25508 55818	Eifel	Lehm	40 / SO		
F-9 ¹	5306 / 311	Euskirchen	Pleistozän (Quartär)	205 m 550-600 mm	Ackerrand (96 Raps, 97/98 Getreide) und Wegrand, z. T. dicht bewachsen	Population klein: <200 Ind. auf ca. 50m ² , zerstreut
	25480 56126	Eifel	tonig	<10° / SW		
F-10 ¹	5305 / 422	Zülpich	Pliozän (Tertiär)	220 m 550-600 mm	Straßenrand und Böschung, unter Gebüsch, hell, Veget. dicht; Mahd	Pop. klein-mittel: >100 Ind. auf ca. 10m ² , in Gruppen
	25468 56122	Eifel	sandig, kiesig	40° / SO		
F-11 ¹	5305 / 422	Zülpich	Pleistozän (Quartär)	210 m 550-600 mm	Übergang Acker-Böschung (96 Brache, 97/98 Getreide), Vegetation sehr dicht	Population klein: 50-100 Ind. auf 4m ² , rel. dicht
	25470 56121	Eifel	Lehm, kiesig	ca 5° / SO		
F-12 ^{1,2}	5406 / 124	Bad Münstereifel	Mitteldevon	365 m 650-700 mm	Ackerrand, 1997 Raps, rel. lückig	Population groß: 5-10 Ind./m ² auf ca. 200m ²
	25519 56046	Eifel	skelettreicher toniger Lehm	ca. 2° O		
F-17 ¹	4203 / 111	Kalkar	Holozän (Quartär)	20 m 700-750 mm	Weideböschung am Deich, Veget. lückig, Beweidung durch Kühe oder Pferde	Population klein: <50 Ind. auf ca. 40m ² ; vereinzelt
	25121 57402	Niederrhein	sandig	45° / WSW		
F-18 ^{1,2}	4203 / 111	Kalkar	Holozän (Quartär)	20 m 700-750 mm	Weideböschung am Deich, schattig, Vegetation dicht,	Pop. klein-mittel: <200 Ind. auf ca. 100m ² ;

	25121 57402	Niederrhein	sandig	45° / ONO	Beweidung durch Kühe	vereinzelt
Bezeichnung der Population	TK Rechts-Hochwert	TK Name Großlandschaft NRW	Geologischer Untergrund Bodenart	Höhe ü. NN Ndschl./Jahr Inkl./Exp.	Standortbeschreibung	Populationsgröße und -ausdehnung
F-19 ^{1,2}	4706 / 344 25512 56754	Düsseldorf Niederrhein	Holozän (Quartär) sandig	40 m 750-800 mm 35-40° / W	Deichböschung, sonnig, Vegetation lückig, Mahd und Schafbeweidung	Pop. mittel-groß: >500 Ind. auf ca. 100 m Deich
F-22 ^{1,2}	4204 / 112 25249 57400	Rees Niederrhein	Holozän (Quartär) sandig	30 m 700-750 mm 30° / SO	Weide- und Wegrand am Deich, Vegetation z. T. lückig; Beweidung und Mahd	Pop. mittel-groß: 500-1000 Ind. auf ca. 200m ² , z. T. flächendeckend
F-23 ^{1,2}	5507 / 132 25608 55926	Hönningen Eifel	Unterdevon toniger Lehm	390 m 650-700 mm 25-35° / S	Straßenböschung und Weiderand, feucht, Vegetation rel. dicht, Mahd	Population mittel: ca. 500 Ind. auf ca. 50m ² , in Gruppen
F-26a ^{1,2}	5406 / 213 25538 56055	Bad Münstereifel Eifel	Mitteldevon sandiger Lehm	290 m 600-650 mm - / -	Ackerrand, 96 und 97 ungespritzt; Getreide; sehr lückig	Pop. sehr groß: >1000 Ind. auf 5m breitem Ackerrand
F-26b ^{1,2}	5406 / 213 25538 56055	Bad Münstereifel Eifel	Mitteldevon sandiger Lehm	290 m 600-650 mm - / -	Ackerrand (Raps, Getreide) an F-26a grenzend, lückig, 97 ungespritzt	Population mittel: ca. 200 Ind. auf ca. 100 m Ackerrand
F-27 ^{1,2}	5506 / 444 25580 56855	Aremberg Eifel	Unterdevon Lehm	360 m 600-650 mm 45-70° / SW	Straßenböschung, Vegetation dicht; Mahd	Pop. sehr groß: >1000 Ind. auf ca. 500m Böschung, z.T. flächendeckend
F-28 ¹	5406 / 211 25532 56058	Bad Münstereifel Eifel	Mitteldevon Schluff	305 m 600-650 mm - / -	Wegrand, z. T. unter Gebüsch, schattig; Mahd	Pop. klein-mittel: ca. 150 Ind. auf 5m ²
F-29 ¹	4022 / 333 35235 57526	Ottenstein Weserbergland	Keuper (Trias) Lehm	200 m 800-850 mm 0-5° / SO	Acker- und Wegrand, Getreide, Randbereich lückig	Population klein: ca. 50 Ind. auf 4m ²
F-30 ^{1,2}	4022 / 333 35235 57526	Ottenstein Weserbergland	Keuper (Trias) Lehm	205 m 800-850 mm ca. 2° / SO	Ackerecke, auch am Wegrand, lückig, z. T. offener Boden	Population mittel: >200 Ind. auf ca. 6m ² , einzeln
F-31b-loc _M ^{1,2}	4022 / 333 35233 57526	Ottenstein Weserbergland	Keuper (Trias) Toniger Lehm	215 m 800-850 mm 50-70° / SO	Böschung am Feldweg, z. T. unter Gebüsch, z. T. offener Boden; Mahd	Population mittel: >200 Ind. auf ca. 20m Böschung, in Gruppen
F-33 ^{1,2}	5606 / 121 25842 55512	Üxheim Eifel	Mitteldevon	400 m 650-700 mm - / -	Ackerrand 96-98 Getreide, ungespritzt, lückig, artenreich	Population groß: zahlreiche Ind. auf mehreren 100 m.

Bezeichnung der Population	TK Rechts-Hochwert	TK Name Großlandschaft NRW	Geologischer Untergrund Bodenart	Höhe ü. NN Ndschl./Jahr Inkl./Exp.	Standortbeschreibung	Populationsgröße und -ausdehnung
F-36 ^{1,2}	4420 / 433	Peckelsheim	Muschelkalk (Trias)	230 m 650-700 mm	Gesamte Ackerfläche, 96 u. 97 Getreide; sehr lückig	Population mittel: zerstreut über gesamte Fläche
	35069 57075	Weserbergland		- / -		
F-39 ^{1,2}	4612 / 112	Iserlohn Süderbergland (Sauerland)	Pleistozän (Quartär)	200 m 900-1000 mm	Weiderand (Pferde) und Böschung, Vegetation heterogen, niedrigwüchsig	Population mittel: ca. 200 Ind. auf ca. 100m ² , in Gruppen
	34096 56969			- / -		

Tab. 7-2 *Camelina microcarpa* (Kleinfrüchtiger Leindotter): Geographische und standörtliche Angaben zu den Wildherkünften

Bezeichnung der Population	TK Rechts-/Hochwert	TK Name Großraum NRW	Geologischer Untergrund	Höhe üNN Ndschl./Jahr Inkl./Exp.	Standortbeschreibung	Populationsgröße und - ausdehnung
L-2	5606 / 121	Üxheim	Mitteldevon	400 m 650-700 mm	Ungespritzter Ackerrand 96- 98 Getreide, lückig, artenreich	Population rel. groß: ca. 30 Individuen auf ca. 200 m ²
	25842 55512	Eifel		1-2° / SW		
L-3a	5306 / 443	Euskirchen	Mitteldevon	255 m 600-650 mm	Ungespritzter Eckbereich eines Ackers 96-97 Getreide 98 Raps	Population klein: ca. 10 Individuen auf ca. 30 m ²
	25577 56080	Eifel		- / -		
L-3b	5306 / 443	Euskirchen	Mitteldevon	255 m 600-650 mm	Böschung zwischen Straße u. Acker, Mahd nicht jährlich	Population klein: ca. 10 Individuen auf ca. 30 m ²
	25577 56080	Eifel		50° / S		
L-4	5406 / 312	Bad Münstereifel	Mitteldevon	380 m 650-700 mm	Böschung mit Gebüsch, Mahd u. Gehölzschnitt	Population mittel: ca. 25 Individuen auf ca. 40 m ²
	25489 56012	Eifel	mergelig	60-70° / SO		

Tab. 7-3 *Carum carvi* (Wiesen-Kümmel): Geographische und standörtliche Angaben zu den Wildherkünften

Bezeichnung der Population	TK Rechts-/Hochwert	TK Name Großraum NRW	Geologischer Untergrund	Höhe üNN Ndschl./Jahr Inkl./Exp.	Standortbeschreibung	Populationsgröße und - ausdehnung
K-1	4606 / 323 25498 56882	Düsseldorf- Kaiserswerth Niederrhein	Holozän (Quartär) sandig	45 m 750-800 mm 25° / NO	Deichböschung, schattig, Vegetation dicht, hochwüchsig; Mahd	Population sehr klein: 5-10 blühende oder nichtblühende Individuen auf ca. 30m ²
1. K-2	4406 / 343 25495 57071	Dinslaken Niederrhein	Holozän (Quartär) Sand	25 m 750-800 mm - / -	Deichaufschüttung, Übergang zu Streuobstwiese; Mahd und Beweidung	Population mittelgroß: zweigeteilt mit jeweils ca. 30 blüh. Individuen auf ca. 50m ²
K-3	5406 / 312 25490 56014	Bad Münstereifel Eifel	Mitteldevon mergelig	380 m 650-700 mm 1-2° / N	Straßenrand, Wendeplatz f. Traktoren Mahd	Population klein: ca. 10 blühende Individuen auf ca. 40m ²
K-4	5506 / 114 25490 55944	Aremberg Eifel		535 m 750-800 mm ca. 2° / NO	Wiese, zweischürige Mahd	Population mittel: ca. 30 blüh. Individuen auf ca. 50m ²
K-5	5506 / 132 25492 55920	Aremberg Eifel	Mitteldevon mergelig	550 m 750-800 mm - / -	Wiese an Autobahn-abfahrt, Mahd	Population mittel bis groß: >50 blüh. Ind. auf ca. 100m ²
K-6	5606 / 121 25512 55835	Üxheim Eifel		410 m 650-700 mm 1-10-20° / SO	Wiese, vor allem im Randbereich Mahd	Population mittel: ca. 40 blüh. Individuen auf ca. 100m ²
K-7	4816 / 211 34590 56738	Girkhausen Sauerland	Holozän (Quartär)	550 m 1200-1400 - / -	Randbereich einer Wiese Mahd	Population sehr klein: 3-4 nichtblühende Individuen
K-8	5506 / 123 25506 55942	Aremberg Eifel		530 m 700-750 mm 5-10° / SO	Wiese, Weide und Wegrand; Mahd und Beweidung	Population groß: >100 blüh. Ind. auf ca. 300m ²
K-9	5605 / 2 25458 55817	Stadtkyll Eifel	Mitteldevon	500 m 600-650 mm - / -	Fettwiese Mahd	Population klein bis mittel: ca. 20 blüh. Ind. auf ca. 80m ²

Bezeichnung der Population	TK Rechts-/Hochwert	TK Name Großraum NRW	Geologischer Untergrund	Höhe üNN Ndschl./Jahr Inkl./Exp.	Standortbeschreibung	Populationsgröße und -ausdehnung
K-9a	5605 / 2 25458 55817	Stadtkyll Eifel	Mitteldevon	500 m 600-650 mm 2-5° / WSW	Weide Schafbeweidung	Population klein bis mittel: ca. 20 blüh. Ind. auf ca. 80m ²
K-10	4612 / 412 34160 56905	Iserlohn Sauerland	Holozän (Quartär) sandig. Lehm	320 m 1000-1100mm - / -	Weiderand und Schotterplatz; Beweidung bzw. Mahd	Population klein bis mittel: ca. 20 blüh. Ind. auf ca. 60m ²
K-11	4612 / 143 34103 56925	Iserlohn Sauerland		360 m 900-1000 mm - / -	Waldlichtung, vermutl. eingeschlepptes Vorkommen	Population sehr klein, 4 blühende Individuen
K-12	5406 / 332 25497 55987	Bad Münstereifel Eifel	Mitteldevon mergelig	425 m 700-750 mm 45° / NO	Wiese, Mahd, Teile beweidet	Population groß: >100 blüh. Ind. auf ca. 300m ²
K-13	5505 / 111 25356 55957	Blankenheim Eifel	Unterdevon Sandstein	530 m - / -	Wiese Mahd	Population klein: ca. 15 blüh. Individuen auf ca. 30m ²
K-14a	5015 / 241 34510 56480	Erndtebrück Sauerland	Mitteldevon	500 m 1000-1100mm 10-15° / O	Zwischen Ginstergebüsch	Population klein: ca. 10 blüh. Individuen auf ca. 30m ²
K-14b	5015 / 241 34510 56480	Erndtebrück Sauerland	Mitteldevon	500 m 1000-1100mm 5-10° / SO	Wiese (Mahd) und Wegrand	Population mittel: ca. 20 blüh. Individuen auf ca. 50m ²
K-15	5015 / 234 34495 56461	Erndtebrück Sauerland	Unterdevon	470 m 1000-1100mm 5-10° / N	Wiese, Mahd	Population klein bis mittel: ca. 15-20 blüh. Individuen auf ca. 50m ²
K-16	4120 / 111 35018 57492	Steinheim Weserbergland	Keuper (Trias)	150 m 750-800 mm - / -	Wegrand, Mahd	Population klein: < 10 blühende Ind. auf ca. 15m ²
K-17	4612 / 222 34179 56959	Iserlohn Sauerland	Oberdevon	320 m 900-1000 mm 2-5° / SO	Truppenübungsplatz, Schafbeweidung	Population sehr groß: >150 blüh. Ind. auf ca. 500m ²
K-19	4806 / 1	Neuss Niederrhein	Pleistozän (Quartär) sandig-tonig	< 50 m 750-800 mm - / -	Wegrand, vermutlich Wieseneinsaat (Saatgut- mischung); Mahd	Population klein bis mittel: ca. 20 blüh. Ind. auf ca. 50m ²

Tab. 7-4 *Humulus lupulus* (Hopfen): Geographische und standörtliche Angaben zu den Wildherkünften

Bezeichnung der Population	TK Rechts-/Hochwert	TK Name Großraum NRW	Geologischer Untergrund	Höhe üNN Ndschl./Jahr Inkl./Exp.	Standortbeschreibung, Flächengröße der Probennahme*	Populationsgröße und – ausdehnung, Geschlechteranteile**
H-4 ^{1,2}	5306 / 434 25555 56084	Euskirchen Eifel	Holozän (Quartär)	200 m 600-650 mm - / WSW	Bachufer (Mersbach), sonnig 40m x 20m	Pop. mittel bis groß: mehrE als Γ Pfl.
H-5 ¹	5306 / 434 25555 56084	Euskirchen Eifel	Holozän (Quartär)	200 m 600-650 mm - / -	Erlenbruch / Erlen-Pappel- Anpflanzung auf ehemaligem Niedermoor 10m x 10m	Population klein: wenige Pflanzen, nicht blühend
H-6 ¹	5305 / 423 25445 56110	Zülpich Eifel	Holozän (Quartär)	240 m 600-650 mm - / -	Wegrand in Bachnähe, schattig 10m x 10m + 1 E Pfl. in ca. 50m Entfernung	Population klein, 5-10 Ind., zerstreut oder in Gruppen, je 1 blüh. E und Γ Pfl.
H-7 ^{1,2}	5405 / 431 25423 55978	Mechernich Eifel	Mitteldevon	450 m 800-850 mm 0-75° / S	Weg- und Waldrand, oberhalb Urft, Erlen-Eschen- Bestand, schattig 20m x 10m	Population klein, ca. 5 Individuen an Bäumen, junge Türebe am Boden, keine blüh. Pfl.
H-8 ^{1,2}	5406 / 312 25498 56004	Bad Münstereifel Eifel	Holozän (Quartär)	340 m 650-700 mm - / -	Bachufer (Hornbach), an Parkplatz, überwiegend sonnig 15m x 5m	Pop. klein bis mittel, in 2 Gruppen, dicht, nur Γ Pfl.
H-9 ^{1,2}	5407 / 332 25644 55975	Altenahr Eifel	Holozän (Quartär)	290 m 650-700 mm - / -	Bachufer, an Weide grenzend, überwiegend sonnig 100m x 10m	Pop. mittel bis groß, mehr Γ als E Pflanzen
H-10 ^{1,2}	5407 / 343 25660 55974	Altenahr Eifel	Holozän (Quartär)	290 m 650-700 mm - / -	Bachufer, an Weide grenzend, ca. 2 km südlich H- 9, durch Viehtritt und Gehölzentnahme stark gestört 75m x 5m	Population klein, <10 Individuen, keine blühenden Γ Pflanzen.
H-11 ^{1,2}	4012 / 133 34095 57586	Telgte Westfälische Bucht	Pleistozän (Quartär)	55 m 700-750 mm - / -	Waldweg am Bahndamm, schattig 50m x 3m	Population mittel bis groß, etwa gleich viele E und Γ Pfl.

Bezeichnung der Population	TK Rechts-/Hochwert	TK Name Großraum NRW	Geologischer Untergrund	Höhe üNN Ndschl./Jahr Inkl./Exp.	Standortbeschreibung, Flächengröße der Probennahme*	Populationsgröße und – ausdehnung, Geschlechteranteile**
H-12 ¹	4103 / 441 25155 57426	Emmerich Niederrhein	Holozän (Quartär)	15 m 650-700 mm - / -	In Straßenbepflanzung an B220, durch Gehölz-entfernung stark gestört, sonnig 100m x 3m	Population klein bis mittel, nur E Pflanzen, Γ Pflanzen an gegenüberliegender Straßenseite
H-13 ^{1,2}	4203 / 441 25213 57318	Kalkar Niederrhein	Holozän (Quartär)	15 m 700-750 mm - / -	Uferstaudensaum, Straßen- und Bachnähe (Leybach), sonnig 100m x 5m	Population sehr groß, mehr E als Γ Pfl.
H-14	4304 / 244 25343 57240	Xanten Niederrhein	künstliche Aufschüttung	20 m 750-800 mm - / -	Inselbereich um Rhein-Altarm, schattig	Population klein, gleich viele E und Γ Pfl., überw. Jungwuchs
H-15 ^{1,2}	4304 / 244 25343 57241	Xanten Niederrhein	künstliche Aufschüttung	20 m 750-800 mm 60-70° / S	Inselbereich um Rhein-Altarm, sonnig 30m x 15m	Population mittel, dicht, nur E Pflanzen
H-16 ^{1,2}	4011 / 324 34014 57554	Münster Westfälische Bucht	Pleistozän (Quartär)	65 700-750 mm - / -	Wald- und Straßenrand an feuchtem Graben 50m x 5-8m	Population mittel, dicht, nur E Pflanzen
H-17 ¹	4011 / 334 33987 57553	Münster Westfälische Bucht	Pleistozän (Quartär)	60 m 700-750 mm - / -	Waldrand und Graben, schattig	Population klein bis mittel, nur 1 junge E Pflanze
H-18 ^{1,2}	4110 / 442 26016 57434	Buldern Westfälische Bucht	Pleistozän (Quartär)	65 m 750-800 mm - / -	„Knick“ zwischen zwei Äckern Probennahme aus 4 Bereichen, je 50m x 4m	Population groß, etwa gleich viele E und Γ Pflanzen
H-19 ¹	4010 / 124 25952 57613	Nottuln Westfälische Bucht	Pleistozän (Quartär)	90 m 800-850 mm - / -	An Nadelholzbestand, an Erlenbruch grenzend, sonnig 50m x 40m	Population mittel, sehr dicht, etwa gleich viele E und Γ Pflanzen
H-21 ^{1,2}	3808 / 234 25770 57805	Heek Westfälische Bucht	Pleistozän bis Holozän (Quartär)	45 m 750-800 mm - / -	Bachufer (Hellingbach) und angrenzende „Knicks“ Probennahme aus 5 Bereichen, je 50m x 5m	Population sehr groß, etwa gleich viele E und Γ Pflanzen
H-22	3808 / 223 25785 57830	Heek Westfälische Bucht	Pleistozän bis Holozän (Quartär)	45 m 750-800 mm - / -	Bachufer im Auwald, schattig	Population klein, nur 1-2 E Pflanzen

Bezeichnung der Population	TK Rechts-/Hochwert	TK Name Großraum NRW	Geologischer Untergrund	Höhe üNN Ndschl./Jahr Inkl./Exp.	Standortbeschreibung, Flächengröße der Probennahme*	Populationsgröße und – ausdehnung, Geschlechteranteile**
H-23 ^{1,2}	3712 / 411 34160 57900	Ibbenbüren Westfälische Bucht	Holozän (Quartär)	70 m 700-750 mm - / -	Bachufer (Ibbenbürener Aa) und Waldrand (Eichen), meist schattig 50m x 10m + Einzelpfl.	Population groß, nicht sehr dicht, etwa gleich viele E und Γ Pflanzen
H-24 ^{1,2}	3817 / 233 34724 57800	Bünde Weserbergland	Holozän (Quartär)	80 m 750-800 mm - / -	Wegrand mit Waldstück u. Bachufer (Brandbach) 30m x 5m	Population klein, 1 größerer u. 3 kleinere Bestände, nur 1 E Pfl.
H-25 ^{1,2}	3917 / 122 34709 57725	Bielefeld Weserbergland	Pleistozän (Quartär)	110 m 900-1000 mm - / -	Waldrand (Eichen-Birken- Eschen) und Wegrand 50m x 5m	Population mittel, dicht, mehr E als Γ Pflanzen
H-26 ¹	3916 / 341 57682 34611	Halle/Westf. Weserbergland		170 m 1000-1100mm - / -	Bachufer (Hasbach), durch Gehölzschnitt stark gestört, schattig 80m x 3m	Population klein, Pfl. vereinzelt, nur 1 E Pflanze
H-27 ^{1,2}	4408 / 241 25785 57160	Gelsenkirchen Westfälische Bucht		55 m 800-850 mm - / -	Parkplatz an A2, AS Herten, Nähe Ewaldsee, sonnig 50m x 3m + Einzelpfl.	Population groß, dicht, mehr E als Γ Pflanzen
H-28	4408 / 241 25785 57157	Gelsenkirchen Westfälische Bucht		55 m 800-850 mm - / -	Westufer Ewaldsee, durch Freizeitaktivitäten rel. stark gestört, schattig	Population sehr groß, gesamter Uferbereich, mehr E als Γ Pflanzen
H-29 ^{1,2}	4711 / 141 33991 56830	Lüdenscheid Süderbergland (Sauerland)	Holozän (Quartär)	290 m 1200-1400mm 50-60° / SSW	Wegrand in Bachnähe (Everingshauser Bach), schattig 10m x 3m	Population sehr klein, nur 1 E Pflanze
H-30 ¹	4611 / 241 34049 56931	Hohenlimburg Süderbergland (Sauerland)	Mitteldevon	900-1000 mm 50-60° /	Hang vor Felswand, dicht bewachsen, sonnig 50m x 4m	Population groß, E und Γ Pflanzen
H-31 ²	4712 / 142 34121 56820	Altena Süderbergland (Sauerland)	Holozän (Quartär)	200 m 900-1000 mm 20° / S	Uferböschung (Lenne), und Straßenrand 30m x 3m	Population klein, Pflanzen einzeln, nur Γ Pflanzen
H-32 ¹	4712 / 142 34121 56820	Altena Süderbergland (Sauerland)	Holozän (Quartär)	200 m 900-1000 mm 20° / S	Uferböschung (Lenne), und Straßenrand 100m x 3m	Population mittel bis groß, Pflanzen einzeln, mehr E als Γ Pflanzen

Bezeichnung der Population	TK Rechts-/Hochwert	TK Name Großraum NRW	Geologischer Untergrund	Höhe üNN Ndschl./Jahr Inkl./Exp.	Standortbeschreibung, Flächengröße der Probennahme*	Populationsgröße und - ausdehnung, Geschlechteranteile**
H-33 ¹	5208 / 112 25731 56285	Bonn Eifel/Siebengeb.	Holozän (Quartär)	45 m 650-700 mm 2-5° / SW	Flußufer (Rhein), auf Kiesbank, sonnig 5m x 5 m	Population klein, zwei E Pflanzen
H-34 ^{1,2}	5208 / 124 25765 56271	Bonn Eifel/Siebengeb.	Holozän (Quartär)	45-50 m 650-700 mm 60-70° / SO	Wegrand und Uferböschung (Rhein-Altarm) 50m x 20m	Population mittel, E und Γ Pflanzen
H-35 ^{1,2}	5209 / 322 25877 56239	Siegburg Eifel/Siebengeb.	Holozän (Quartär)	80 m 700-750 mm - / -	Bachufer (Pleisbach), sonnig 50m x 20 m	Population mittel, zweigeteilt, keine Γ Pflanzen
H-37 ^{1,2}	4519 / 241 34975 57039	Marsberg Weserbergland	Holozän (Quartär)	240 m 700-750 mm - / -	Flußufer (Orpe), an Weide grenzend, sonnig 100m x 5m	Population mittel, einzeln an Ufergehölzen, E und Γ Pflanzen

* Die angegebene Flächengröße bezieht sich auf die Fläche, aus der die Proben genommen wurden. Die Gesamtgröße der Population kann u. U. größer sein. Diese Ausmaße sind den Ausschnitten der topographischen Karten zu entnehmen, die für jede Population vorliegen.

** Die angegebenen weiblichen oder männlichen Individuen sind lediglich die, die sicher anhand der Blüten als solche identifiziert werden konnten. Bei alle nichtblühenden Pflanzen konnte das Geschlecht nicht bestimmt werden.

1 Morphologische Untersuchung 2 Molekulargenetische Untersuchung

Tab. 7-5 Abkürzungen der erhobenen morphologischen Merkmale**I. *Valerianella locusta* (L.) Laterr. (Echter Feldsalat)**

Länge Keimblatt, incl. Stiel (cm)	[L_KB_ges]
Länge Keimblattstiel (cm)	[L_KB_Stiel]
Breite Keimblatt (cm)	[B_KB]
Längen der ersten drei Rosettenblattpaare (cm)	[L_1, L_2, L_3]
Breiten der ersten drei Rosettenblattpaare (cm)	[B_1, B_2, B_3]
Breite bei 25 % bzw. 50 % der Gesamtlänge des 2. und 3. Rosettenblattpaars	[B_25_2, B_50_2, B_25_3, B_50_3]
Keimblattlänge zu –breite (Blattspreite)	[L/B_KB]
Blattlänge zu –breite der ersten drei Rosettenblattpaare	[L/B_1, L/B_2, L/B_3]
Anteil der Breite bei 25 % bzw. 50 % der Gesamtlänge an der Gesamtbreite des 2. bzw. 3. Rosettenblattes	[pro25_2, pro50_2, pro25_3, pro50_3]
Länge des 1. Internodiums, „a“ (cm)	[L_1a]
Länge des 1. Internodiums, „b“ (cm)	[L_1b]
Länge des 2. bis 5. längeren Internodiums, „a“ (cm)	[Ll_2a bis Ll_5a]
Länge des 2. bis 5. kürzeren Internodiums, „a“ (cm)	[Lk_2a bis Lk_5a]
Länge des 2. bis 5. längeren Internodiums, „b“ (cm)	[Ll_2b bis Ll_5b]
Länge des 2. bis 5. kürzeren Internodiums, „b“ (cm)	[Lk_2b bis Lk_5b]
Durchmesser des 1. Internodiums, „a“ (cm)	[Dl_1a]
Durchmesser des 1. Internodiums, „b“ (cm)	[Dl_1b]
Durchmesser des 2. bis 5. längeren Internodiums, „a“ (cm)	[Dl_2a bis Dl_5a]
Durchmesser des 2. bis 5. kürzeren Internodiums, „a“ (cm)	[Dk_2a bis Dk_5a]
Durchmesser des 2. bis 5. längeren Internodiums, „b“ (cm)	[Dl_2b bis Dl_5b]
Durchmesser des 2. bis 5. kürzeren Internodiums, „b“ (cm)	[Dk_2b bis Dk_5b]
Winkel über der 1., 2. und 3. Verzweigung (°)	[W_1 bis W_3]
Höhe der Pflanze zum Blütezeitpunkt (cm)	[Höhe_ges]
Länge des Tragblattes an der 1. bis 5. Verzweigung (cm)	[L_tr1 bis L_tr5]
Breite des Tragblattes an der 1. bis 5. Verzweigung (cm)	[B_tr1 bis B_tr5]
Länge zu Durchmesser aller vermessenen Internodien	[L/D_1a, L/D_1b] [Ll/Dl_2a bis Ll/Dl_5a] [Lk/Dk_2a bis Lk/Dk_5a] [Ll/Dl_2b bis Ll/Dl_5b] [Lk/Dk_2b bis Lk/Dk_5a]
Länge des längeren zu Länge des kürzeren Internodiums für jeden Abschnitt	[L_1a/L_1b] [Ll_2a/Lk_2a bis Ll_5a/Lk_5a] [Ll_2b/Lk_2b bis Ll_5b/Lk_5b]
Länge des 3. längeren zur Länge des 2. längeren Internodiums, „a“	[Ll_3a/Ll_2a]
Länge des 4. längeren zur Länge des 3. längeren Internodiums, „a“	[Ll_4a/Ll_3a]
Länge zu Breite der 5 Tragblätter	[L/B_tr1 bis L/B_tr5]
Länge Kronröhre (mm)	[L_röhre]
Länge Blütensaum (mm)	[L_saum]
Breite Blütensaum (mm)	[B_saum]
Länge des mittleren Blütenzipfels (mm)	[L_mK]
Breite des mittleren Blütenzipfels (mm)	[B_mK]
Länge zu Breite Blütensaum	[L/B_saum]
Länge zu Breite mittlerer Blütenzipfel	[L/B_mK]
Länge Blütensaum zu Länge mittlerer Blütenzipfel	[L_saum/L_mK]
Breite Blütensaum zu Breite mittlerer Blütenzipfel	[B_saum/B_mK]
Länge der Frucht (mm)	[L_frucht]
Breite der Frucht (mm)	[B_frucht]
Dicke der Frucht (mm)	[D_frucht]
Länge zu Breite der Frucht	[L/B_frucht]
Länge zu Dicke der Frucht	[L/D_frucht]
Breite zu Dicke der Frucht	[B/D_frucht]

II. *Carum carvi* L. (Wiesen-Kümmel)

Gesamthöhe der Pflanze zum Blütezeitpunkt (cm)	[Höhe_1]
Höhe der Pflanze bis zur Dolde I (cm)	[Höhe_2]
Länge der letzten 5 Internodien unter der Dolde I (cm)	[Int_1 bis Int_5]
Anteil Höhe_2 an Höhe_1 (s. o.) (%)	[Höhe_1/2]
Anteil letztes Internodium vor der Dolde I an Höhe_2 (%)	[pro1_Höhe_2]
Anteil 2 letzte Internodien vor der Dolde I an Höhe_2 (%)	[pro2_Höhe_2]
Anteil 5 Internodien (Summe) vor der Dolde I an Höhe_2 (%)	[pro5_Höhe_2]
Anzahl Dolden an gesamter Pflanze	[Anz_Dolden]
Anzahl Dolden im Knospenstadium	[Anz_Kno]
Anzahl Dolden in Blüte	[Anz_Blü]
Anzahl Dolden mit Fruchtansatz	[Anz_Fru]
Anzahl Strahlen der Dolde 1. Ordnung	[Anz_Str]
Strahlen des Döldchens über längstem Strahl der Dolde I	[Anz_Dö1]
Strahlen des Döldchens über kürzestem Strahl der Dolde I	[Anz_Dö2]
Anzahl Hüllblätter an der Primärdolde	[Hüll]
Länge des Doldenstiels (Dolde I)	[L_Stiel]
Länge des längsten Doldenstrahls der Dolde I	[L1_str]
Länge des kürzesten Doldenstrahls der Dolde I	[Lk_str]
Länge längster zu Länge kürzester Doldenstrahl (Dolde I)	[L1/Lk_str]
Länge der äußeren (längeren) Fruchtseite	[L1_fru]
Länge der inneren (kürzeren) Fruchtseite	[L2_fru]
Breite (quer)	[B1_fru]
Breite (längs)	[B2_fru]
Länge der äußeren Fruchtseite zu Länge der inneren Fruchtseite	[L1/L2_fru]
Breite quer zu Breite längs	[B1/B2_fru]
Durchschnittl. Länge (aus L1_fru und L2_fru) zu Breite quer	[L/B_1_fru]
Durchschnittl. Länge (aus L1_fru und L2_fru) zu Breite längs	[L/B_2_fru]

III. *Humulus lupulus* L. (Hopfen)

Blattlänge (cm)	[L_Bl_ges]
Blattbreite (cm)	[B_Bl_ges]
Länge des mittleren Blattlappens (cm)	[L_mbl]
Breite des mittleren Blattlappens (cm)	[B_mbl]
Länge des zentralen Blattspreitenabschnitts (cm)	[L_zen]
Länge der Diagonalen vom Blattstiel zu den seitlichen Blattlappen (cm) [L_dia1, L_dia2, L_dia3, L_dia4]	[L_dia1, L_dia2, L_dia3, L_dia4]
Länge der Überlappung am Übergang Blattstiel – Blattspreite	[Ü_1, Ü_2]
Länge Blattstiel	[L_Stiel]
Länge zu Breite Gesamtblatt	[L/B_ges]
Länge zu Breite mittlerer Blattlappen	[L/B_mbl]
Länge mittlerer Blattlappen zu Länge zentr. Blattspreitenabschnitt	[L_mbl/L_zen]
Länge Blattstiel zu Länge gesamte Blattspreite	[L_Stiel/L_ges]
Länge weibliche Infloreszenz (cm)	[L_Infl_ges]
Breite weibliche Infloreszenz (cm)	[B_Infl_ges]
Länge der Spindel (cm)	[L_Spindel]
Brakteenlänge (cm)	[L_Brak]
Brakteenbreite (cm)	[B_Brak]
Anzahl Nerven 1. und 2. Brakteenpaar im oberen Blattdrittel	[Nerv_1, Nerv_2]
Anzahl Brakteenpaare pro Infloreszenz	[Anz_Brak]
Anzahl Blüten pro Infloreszenz	[Anz_Blüten]
Anzahl befruchteter Blüten pro Infloreszenz	[Anz_befr_Blü]
Brakteenlänge zu –breite	[L/B_Brak]
Anzahl Brakteenpaare pro cm Spindel	[Anz_Brak/cm_Spin]
Anteil befruchteter Blüten an der Gesamtzahl der Blüten	[Blü_befr/Blü_ges]

8. Konsequenzen für eventuelle weitere Forschungsaktivitäten

Die Ergebnisse des Forschungsprojektes lassen folgende weiterführende Untersuchungen notwendig bzw. sinnvoll erscheinen:

- Erhärtung der bisher ermittelten Ergebnisse durch die Untersuchung weiterer ausgewählter Populationen;
- Vertiefende Untersuchungen zur Bestäubungs- und Ausbreitungsbiologie sowie zur lokalen Siedlungsgeschichte der untersuchten Arten;
- Vertiefende Untersuchungen zur Populationsdynamik und –struktur der untersuchten Arten;
- Auf das Gesamtareal der Arten bezogene Untersuchungen zur Einschätzung der Bedeutung der nordrhein-westfälischen Populationen für den Gesamtgenpool der Art;
- Durchführung analoger Untersuchungen an weiteren Wildpflanzenarten mit gleicher Biologie zur Einschätzung der Übertragbarkeit der gewonnenen Erkenntnisse auf andere Arten;
- Durchführung analoger Untersuchungen an Wildpflanzen mit anderer Biologie (v. a. Fortpflanzungsart und Lebensform);
- Aufbau einer nutzerorientierten Datenbank zur Bereitstellung der Daten (in Absprache mit ZADI).

9. Vorträge

FORWICK-KREUZER, J., B.M. MÖSELER, R. WINGENDER & J. WUNDER: Zur Bedeutung der Diversität von Wildpflanzen für Naturschutz und Landwirtschaft.- 3. gemeinsame Fachtagung „Grünlandmanagement nach Umsetzung der Agenda 2000 – Probleme und Perspektiven aus der Sicht von Landwirtschaft und Naturschutz“ der Arbeitskreise „Naturschutz in der Agrarlandschaft“ und „Agrarökologie“ der Gesellschaft für Ökologie, 14.-16. Juni 2001, Neumünster.

SCHNABL, H., J. FORWICK, B.M. MÖSELER, R. WINGENDER & J. WUNDER: Vielfalt von Wildpflanzen als genetische Ressourcen für die Züchtung.- 11. wissenschaftliche Fachtagung „Innovationen bei der Beurteilung landwirtschaftlicher Produktionssysteme und Produkte“, 28. Mai 1997, Bonn, Veranstalter: Lehr- und Forschungsschwerpunkt „Umweltverträgliche und Standortgerechte Landwirtschaft“.

WINGENDER, R & J. WUNDER (1999): Genetic diversity of selected species in Northrhine-Westfalia, Germany.- In: GASS, T., L. FRESE, F. BEGEMANN, E. LIPMAN, compilers: Implementation of the Gobar Plan of Action in Europe - Conservation and Sustainable Utilization of Plant Genetic Resources for Food and Agriculture. Proceedings of the European Symposium - 30 June - 3 July 1998 Braunschweig, Germany, IPGRI (Rome), 46-48.

- WINGENDER R. & J. WUNDER (2000): Investigating genetic diversity in natural plant populations: the case for hop - Expertengespräch „Erfassung und Schutz der genetischen Vielfalt von Wildpflanzenpopulationen“ 19. - 22. Oktober 1998, Vilm, Veranstalter: BFN. – Schriftenreihe für Vegetationskunde **32**, S. 73-77, Bonn.
- WUNDER, J., J. FORWICK, B. M. MÖSELER, R. WINGENDER (1999): Intraspecific diversity of wild plant populations in NRW: morphological and genetic investigations.- In: Manitz, H. & F. H. Hellwig: 14. Symposium Biodiversität und Evolutionsbiologie der Deutschen Botanischen Gesellschaft vom 5. - 11. September 1999 in Jena, 215
- WUNDER, J., J. FORWICK, B.M. MÖSELER, & R. WINGENDER: Intraspecific diversity of natural plant populations in NRW as genetic resources – RAPD-PCR based genetic investigations. – Vavilov-Seminar-Reihe des IPK Gatersleben, 8. Dezember 1999, Gatersleben

10. Posterpräsentationen

- FORWICK, J., B.M. MÖSELER, R. WINGENDER & J. WUNDER: Diversität von Wildpflanzen als genetische Ressourcen.- Symposium „Vergleichende Aspekte der Nutzung und Erhaltung pflanzen- und tiergenetischer Ressourcen“, 7.-9. Oktober 1996, Mariensee, Veranstalter: ZADI: In: BEGEMANN, F., C. EHLING, R. FALGE: [Hrsg]: Vergleichende Aspekte der Nutzung und Erhaltung pflanzen- und tiergenetischer Ressourcen, Schriften zu Genetischen Ressourcen, ZADI, IGR (Bonn) **5**, 328-331.
- FORWICK, J. & B.M. MÖSELER: Identification of genetic diversity in plant genetic resources - morphometrical investigations.- VIIth International Symposium „Plant Evolution in Man-made Habitats“, 10.-15. August 1998, Amsterdam, Veranstalter: IOPB (International Organization of Plant Biosystematists).
- FORWICK, J. & B.M. MÖSELER: (1999): Intraspecific diversity of wild plant populations in NRW: Morphological investigations.- In: Manitz, H. & F. H. Hellwig: 14. Symposium Biodiversität und Evolutionsbiologie der Deutschen Botanischen Gesellschaft vom 5. - 11. September 1999 in Jena, 56
- PANK, F., GABLER, J. & FORWICK-KREUZER, J.: Ergebnisse der Evaluierung einheimischer Populationen des Wiesen-Kümmels (*Carum carvi* L.).- Symposium „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?“, 15.-17. Mai 2001, Braunschweig (FAL). In: PANK, F., GABLER, J. & FORWICK-KREUZER, J. (2001): Schriftenr. des BMVEL, Reihe A: Angewandte Wissenschaft, Münster-Hiltrup. (im Druck)
- WUNDER, J. & R. WINGENDER: Identification of genetic diversity and plant genetic resources - genetical investigation of hop (*Humulus lupulus* L.).- VIIth International Symposium „Plant Evolution in Man-made Habitats“, 10. - 15. August 1998, Amsterdam, Veranstalter: IOPB (International Organization of Plant Biosystematists).
- WUNDER, J., R. WINGENDER (1999): Intraspecific diversity of wild plant populations in NRW: RAPD-PCR based genetic investigations.- In: Manitz, H. & F. H. Hellwig: 14. Symposium Biodiversität und Evolutionsbiologie der Deutschen Botanischen Gesellschaft vom 5. - 11. September 1999 in Jena, 216.

11. Kurzfassung

Zur Beurteilung der Variabilität von Wildpflanzenpopulationen in Nordrhein-Westfalen – als Grundlage für die Erstellung eines Schutzkonzeptes zur *In-situ*-Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen – wurden exemplarisch drei Arten untersucht: Echter Feldsalat (*Valerianella locusta* (L.) LATERR.), Wiesen-Kümmel (*Carum carvi* L.) und Hopfen (*Humulus lupulus* L.). Um nach Möglichkeit zu generalisierbaren Aussagen zu kommen, wurden Arten mit unterschiedlichen Fortpflanzungstypen und Lebensformen ausgewählt. Während *Valerianella* einjährig und nahezu ausschließlich selbstbefruchtend ist, handelt es sich bei *Carum* und *Humulus* um Fremdbefruchter, die zweijährig bzw. ausdauernd sind.

Die Fundorte aller ausgewählten Vorkommen wurden punktgenau lokalisiert und standörtlich dokumentiert. Zur Beurteilung der innerartlichen Variabilität der verschiedenen Pflanzenarten wurden sowohl morphometrische als auch molekulargenetische (RAPD-PCR) Untersuchungen durchgeführt. Zur Bewertung ihrer Eignung als genetische Ressource für die Pflanzenzüchtung wurden die Arten zudem - in Kooperation mit Züchtern - auf relevante Inhaltsstoffe und auf ihr Verhalten gegenüber Pathogenen geprüft. Um das Verhältnis zwischen den natürlichen Populationen und Kultursorten zu klären, wurden von jeder Art auch zehn derzeit im Anbau befindliche Sorten untersucht.

Die Untersuchungen zur morphologischen Diversität wurden *in situ* und *ex situ* durchgeführt.

Bei allen erhobenen Merkmalen ließ sich Diversität sowohl hinsichtlich der morphologischen und genetischen Merkmale als auch hinsichtlich der züchterischen Qualitäten feststellen.

Die größte Variabilität fand sich dabei i.d.R. zwischen den Populationen, während die Individuen innerhalb einer Population meist einander relativ ähnlich waren. Während bei den drei untersuchten Arten die 'Variabilität insgesamt' beim Kümmel am größten und beim Feldsalat am geringsten war, war der 'Anteil der Variabilität' zwischen den Populationen beim selbstbefruchtenden Feldsalat am größten, während der zweijährige, fremdbefruchtende Kümmel eine etwa gleich große Variabilität zwischen den Populationen wie innerhalb von ihnen aufwies.

Die Ergebnisse aus beiden Disziplinen – Morphologie und Genetik - ermöglichten eine Unterscheidung der verschiedenen Populationen. Bei den morphologischen Untersuchungen war dafür jedoch ein Anbau unter gleichartigen Bedingungen erforderlich, da standortbedingte Merkmalsausprägungen (Modifikationen) die trennenden Eigenschaften – meist Kombinationen mehrerer Merkmale - i.d.R. verdeckten.

Eindeutige Korrelationen zwischen genetischer Distanz und geographischer Distanz konnten nicht nachgewiesen werden. Gleiches gilt für Korrelationen zwischen genetischer und morphologischer Ähnlichkeit und der Zugehörigkeit zu bestimmten Großlandschaften oder zu bestimmten Standortfaktoren.

Die genetischen und die morphologischen Ergebnisse stimmten bezüglich der meisten Aussagen gut überein. Dies zeigt, daß molekulargenetische Untersuchungen zur Variabilität von Pflanzen – wenngleich überwiegend im nicht kodierenden Teil des Genoms lokalisiert – Aussagen zur Variabilität des Phänotyps liefern.

Hinsichtlich züchterisch relevanter Eigenschaften zeigten alle drei Arten interessante Ergebnisse: Die Inhaltsstoffanalysen bei Kümmel und Hopfen ergaben für viele der Wild-Populationen ähnlich gute Werte wie die der Kultursorten. Die Tests zum Verhalten der Wildvorkommen gegenüber Pathogenen zeigten, daß es auch hier bei allen drei Arten Populationen gibt, die ähnlich gute Eigenschaften wie die Sorten aufweisen. Beim Hopfen konnte darüber hinaus eine bislang unbekannte Resistenz gegen ein wichtiges artspezifisches Pathogen gefunden werden.

Der genetische Vergleich der natürlichen Populationen mit den Kultursorten ergab für die drei Arten ein differenziertes Bild: Bei *Valerianella* und *Carum* wiesen die Kultursorten kaum eigene Eigenschaften auf, die die natürlichen Populationen nicht auch zeigten. Andererseits fehlten den Sorten eine ganze Reihe von Markern (*bins*), die bei den natürlichen Populationen vorkamen. Die Variabilität der Sorten war somit insgesamt geringer als die der natürlichen Populationen und stellte nur eine relativ kleine Teilmenge des untersuchten Genpools dar (der wiederum auch nur ein kleiner Teil des Gesamtgenpools der jeweiligen Art ist).

Die Ergebnisse beim Hopfen spiegeln die längere und intensivere Züchtung bei dieser Art wider. So umfassen die Sorten auch hier nur einen geringen Teil des insgesamt vorhandenen Genpools, doch war die genetische Distanz zwischen den Sorten größer, und es zeigten sich zudem eine Reihe sortenspezifischer Eigenschaften. Im Gegensatz zu den beiden anderen Arten steht daher die Gruppe der Hopfensorten genetisch deutlich abseits der natürlichen Populationen.

Aus den Ergebnissen lassen sich verschiedene Konsequenzen für den Naturschutz ableiten. Da die größte genetische Diversität zwischen den Populationen der betreffenden Arten ermittelt wurde, sollte die Populationsebene in modernen Schutzkonzepten verstärkt Berücksichtigung finden. Einzelne Populationen repräsentieren jeweils unabhängig von ihrem Standort – naturnah oder ruderal – nur einen Teil des gesamten Genpools einer Art. Neue Konzeptionen zur Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen sollten deshalb auch bisher nicht oder wenig beachtete Biotoptypen berücksichtigen.

Von Bedeutung für die züchterische Praxis ist, daß die auf allen Ebenen ermittelte Diversität auch züchterisch relevante Eigenschaften betrifft. Die Existenz solcher Daten ermöglicht es, bei der Einkreuzung von Wildmaterial in Kultursorten auf genetisch und morphologisch charakterisierte Accessionen bekannter Herkunft zurückzugreifen und gezielter vorzugehen zu können.