

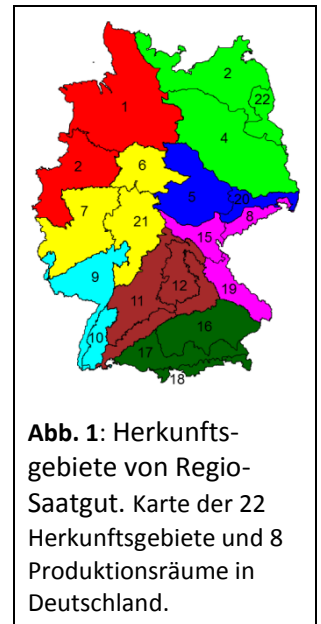
Genetische Analysen unterstützen das Regiosaatgut-Konzept

Für die Rekultivierung von Wiesen oder die Neuanlage im privaten Bereich wird häufig Saatgut von einheimischen Wildpflanzen verwendet. Anders als bei der Verwendung von einheitlichen Zuchtsorten soll so die regionale biologische Vielfalt verschiedener Herkunftsgebiete erhalten werden.

Das Regiosaatgut-Konzept in Deutschland dient dem Ziel, regional angepasstes Saatgut zu erzeugen, um die vorhandene Biodiversität zu erhalten und optimale Rekultivierungsergebnisse zu erzielen. Das Konzept geht davon aus, dass sich Pflanzen in verschiedenen Regionen an die jeweils herrschenden Standortbedingungen (Klima, Boden, biotische Interaktionen) angepasst haben und sich genetisch unterscheiden. Allerdings wurden die Regionen festgelegt, ohne dass Informationen über tatsächlich vorhandene regionale Anpassung oder genetische Unterschiede vorlagen. Diese Wissenslücke sollte teilweise geschlossen werden.

Wir untersuchten 7 Pflanzenarten aus 8 Herkunftsgebieten mit genetischen Markern (AFLP-Marker), wobei je ein Herkunftsgebiet in einem der 8 Produktionsräume lag (Abb. 1). Wir wollten wissen:

- Wie groß sind die genetischen Unterschiede zwischen Herkunftsgebieten?
- Ist die genetische Differenzierung abhängig von räumlicher Distanz oder Unterschieden im Klima der Herkunftsregionen?
- Zeigen verschiedene Arten übereinstimmende oder art-spezifische Muster?



Genetische Differenzierung von Herkunftsregionen ist artabhängig

In allen Arten waren die Regionen genetisch voneinander differenziert, d.h. sie unterscheiden sich voneinander in ihren genetischen Eigenschaften (Abb. 2). Wie zu erwarten war, unterschieden sich die Arten in der Stärke dieser Differenzierung. Ein Gras, der weitverbreitete und windbestäubte Glatthafer, zeigte die geringsten Unterschiede, während Arten wie die weniger häufige und von Insekten bestäubte Kuckucks-Lichtnelke starke Unterschiede zwischen allen Regionen aufwies.

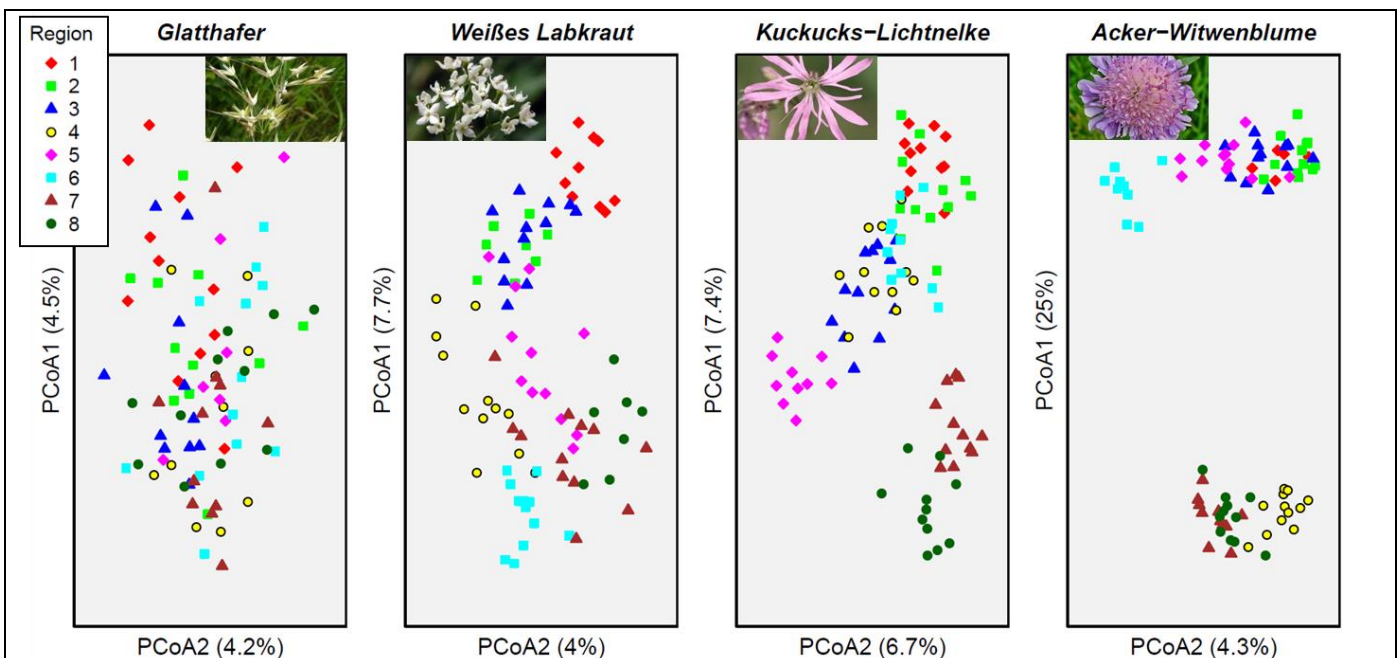


Abb. 2 Ordinationsdiagramme der genetischen Ähnlichkeit unterschiedlicher regionaler Herkünfte von 4 der untersuchten Pflanzenarten. Punkte repräsentieren einzelne Pflanzen. Die Abstände zwischen den Punkten entsprechen ihrer genetischen Distanz. Genetisch ähnelichere Pflanzen liegen enger beieinander. Es ist gut zu erkennen, dass jede Art ein anderes Muster aufweist, wobei der Glatthafer die geringsten und die Acker-Witwenblume die stärksten Unterschiede zwischen den Herkünften zeigt. Oft ist auch zu erkennen, dass jede Herkunft eine Gruppe bildet und relativ stark von anderen getrennt ist.

Klima und räumliche Distanz beeinflussen die genetische Differenzierung

Bei einigen der Arten war der genetische Unterschied zwischen den Herkünften abhängig von der räumlichen Distanz und von den klimatischen Unterschieden: je weiter entfernt voneinander und je unterschiedlicher das Klima der Herkunftsregionen, umso stärker die genetischen Unterschiede (Abb. 3). Dies ist ein starkes Indiz dafür, dass diese Herkünfte regional angepasst sind, d.h. unter den jeweiligen regionalen Lebensbedingungen besser wachsen als anderswo.

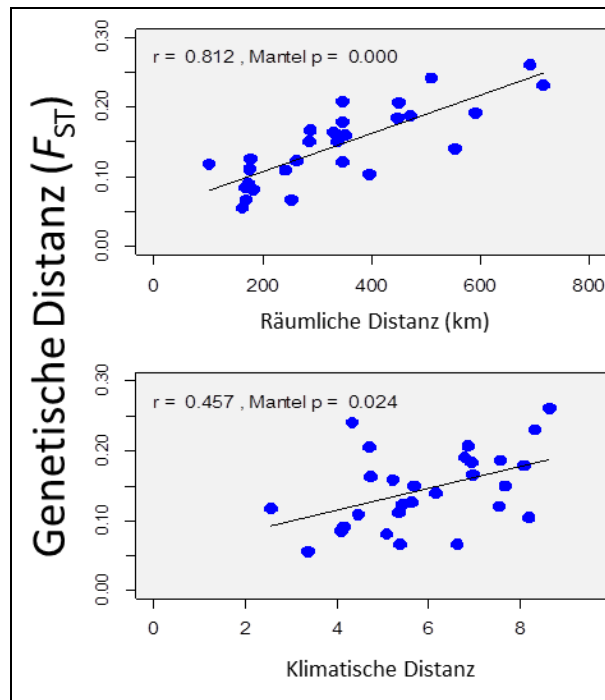


Abb. 3 Beziehung zwischen paarweisen genetischen und räumlichen und klimatischen Distanzen zwischen Herkünften des Weißen Labkrautes. Jeder Punkt zeigt die genetische Distanz zwischen zwei Herkünften des Weißen Labkrautes als Funktion der geographischen bzw. Klima-Distanz. Wir finden: je weiter entfernt voneinander und je unterschiedlicher das Klima zwischen Herkunftsregionen, umso stärker sind auch die genetischen Unterschiede.

Die Untersuchung erlaubt keine Beurteilung der Zahl oder der räumlichen Abgrenzung der Herkunftsgebiete, da nur ein Teil der 22 Herkunftsgebiete und eine kleine Zahl von Arten untersucht wurden. Um zu klären, wie viele Regionen nötig sind um artübergreifend die regionale Biodiversität zu erhalten, sind weitere Analysen notwendig.

Fazit

Herkünfte von Regiosaatgut sind häufig genetisch unterschiedlich und diese Unterschiede wachsen mit räumlicher und klimatischer Distanz, was auf regionale Anpassung hinweist. Weitere Untersuchungen zeigen, dass auch das Wachstumsverhalten und der Blühzeitpunkt regionale Unterschiede aufweisen. Somit sind viele Herkünfte regional angepasst. Dies unterstützt eindeutig ein Regiosaatgut-Konzept: **Pflanzen sind oft an ihre Herkunft angepasst, so dass ein besserer Rekultivierungserfolg zu erwarten ist, wenn sie innerhalb ihrer jeweiligen Herkunftsregion verwendet werden.**

Quelle: Durka W, Michalski SG, Berendzen KW, Bossdorf O, Bucharova A, Hermann JM, Hölzel N, Kollmann J. Genetic differentiation within multiple common grassland plants supports seed transfer zones for ecological restoration. *Journal of Applied Ecology*. (Accepted)

Kontakt: Walter Durka, Department Biozönoseforschung, Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung GmbH – UFZ, walter.durka@ufz.de / <http://www.ufz.de/index.php?en=798>

Weiterführende Literatur

Einführung in das Regiosaatgut-Konzept: <http://www.regionalisierte-pflanzenproduktion.de/>

Prasse R, Kunzmann D, Schröder R (2010) *Entwicklung und praktische Umsetzung naturschutzfachlicher Mindestanforderungen an einen Herkunftsnachweis für gebietseigenes Wildpflanzensaatgut krautiger Pflanzen* Abschlußbericht zum Forschungsprojekt (DBU FKZ: 23931), Hannover. https://www.dbu.de/projekt_23931/01_db_2409.html

Michalski SG, Durka W (2012) Assessment of provenance delineation by genetic differentiation patterns and estimates of gene flow in the common grassland plant *Geranium pratense*. *Conservation Genetics* 13, 581-592.

Bucharova A, Michalski SG, Hermann JM, Heveling K, Durka W, Hölzel N, Kollmann J, Bossdorf O. Genetic differentiation and regional adaptation among seed origins used for grassland restoration: lessons from a multi-species reciprocal transplant experiment. *Journal of Applied Ecology* (In revision)