

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

von

Maren Oelke

Kurzfassung

Zusammenfassung

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Summary

Genetic diversity within species and populations is considered a prerequisite for the adaptability of species to changing environmental conditions, the long-term evolution ability of species, and the higher fitness of individuals or populations.

In this study, genetic variability was exposed as an important aspect of biodiversity and transferred to a political context.

The genetic diversity of arable weed populations was investigated using the annual plant *Euphorbia exigua* L. (dwarf spurge). Based on a vegetation survey and a characterization of soil parameters of seven arable sites, the influence of geographical distance and field management on the genetic diversity and variability was examined.

For the differentiation of the individuals of *Euphorbia exigua* L. AFLP (amplified fragment length polymorphism) technology was used and established successfully. The analyses with one primer combination yielded stable AFLP pattern. Almost all of 128 individuals were differentiated. Out of 101 DNA fragments detected 67 were polymorphic (polymorphism degree of 66 %). The polymorphism degree indicated differences in the genetic diversity of the seven spatially separate populations in the regions of Uckermark, Schorfheide and Märkische Schweiz. The population at Müncheberg in Märkische Schweiz showed a very high value of genetic diversity. These results were confirmed by the Shannon's index, which varies for the populations of Uckermark and Schorfheide from 0.10 to 0.14. The Shannon's index of the Müncheberg population is above the other values with approx. 0.19.

Furthermore, the calculation of the Shannon's index proved that a number of 20 individuals seems to be sufficient to determine the genetic diversity of a *Euphorbia exigua* L. populations. A stable value of the genetic diversity was already obtained using 10 to 15 individuals per population.

The UPGMA cluster analysis of the AFLP data of the examined individuals resulted in clearly separated branches for the different populations. That means, that directly neighboring individuals were genetically more related than individuals of different populations. Furthermore, all three populations from Schorfheide formed a region-specific cluster. However, the sites of Müncheberg Mü and Uckermark Gs being located far away from each other showed a high genetic similarity of their populations. The principal coordinate analysis and a second cluster analysis on population level

confirmed these results. The Mantel test indicated that genetic distance between individuals may not be correlated with geographical distance.

These results point out that beside the geographical distance other factors like site parameters have an impact on the genetic diversity of the arable weed populations. The analysis of soil parameters and vegetation surveys showed differences between sites which were, however, not classifiable. Thus, neither the soil parameters nor the vegetation composition of the sites explained the genetic similarity of Mü and Gs.

In contrast to other sites, Gs and Mü were similar in the field management. This could contribute to genetic similarity of the individuals within both populations.

An integration of the results into the total genetic variability of the species *Euphorbia exigua* L. is not yet possible, since no molecular genetic data are available. However, the results of this study can be considered a methodological basis for more detailed research on the influence of field management and cropping intensity on the genetic diversity of arable weed populations.