©Naturwissenschaftlicher Verein Osnabrück e.V.

Osnabrücker Naturwissenschaftliche Mitteilungen
Band 25, S. 109–122, 1999

Fingerprinting an natürlichen und angepflanzten Schilf-Beständen *(Phragmites australis)* Nordwestdeutschlands

Barbara Neuffer, Doriana Lehmann & Michael Spitzer

Kurzfassung: In Folge der Erweiterung des Bremer Flughafens mußte der Flußlauf der Ochtum (Alte Ochtum) verlegt werden (Neue Ochtum). Im Mittelpunkt des Projektes stehen natürliche und artifizielle Schilfbestände der Alten und Neuen Ochtum westlich von Bremen. Mit Hilfe der RAPD-Fingerprinting Methode wurden 13 *Phragmites australis* Bestände Nordwestdeutschlands untersucht.

Die angepflanzten jungen Bestände der Neuen Ochtum unterscheiden sich nicht wesentlich von den spontan angesiedelten Populationen. Die neuen Bestände (Neue Ochtum) sind genetisch variabler als die älteren natürlichen Bestände (Alte Ochtum, sowie zum Vergleich Dümmer, Rubbenbruchsee). Einzelne Stichproben aus den angepflanzten Beständen können eindeutig Ancestorpopulationen (Alte Ochtum) zugeordnet werden. In manchen Beständen der Neuen Ochtum kann ein bedeutender Prozentsatz (bis zu 13%) an Merkmalen identifiziert werden, die in den Beständen der Alten Ochtum nicht vertreten sind. Es muß zu einem Neueintrag von außerhalb gekommen sein, der durch Anschwemmung von Saatgut erfolgt sein könnte. Möglicherweise erfolgte die artifizielle Bepflanzung mit Material, das nicht, wie angegeben, aus autochthonen Beständen der Alten Ochtum stammte. Innerhalb der Populationen sind Stichproben terrestrischer Bereiche von denen überfluteter Bereiche zu unterscheiden. Die Dümmerpopulationen sowie die Rubbenbruchpopulation sind deutlich verschieden von den Ochtum Populationen. Die Bestände der Neuen Ochtum und der Alten Ochtum bilden keine getrennten Cluster.

Abstract: Subsequent to the airport extension near Bremen the course of the river Ochtum (Alte Ochtum) has been moved to another place (Neue Ochtum). Our task was to compare the artificial and natural new stands (Neue Ochtum) with the natural old stands (Alte Ochtum) at the river Ochtum west of Bremen. With RAPD fingerprinting we studied the relationships within and between 13 reed stands of north-west Germany.

The planted new stands do not differ essentially from the spontaneous new stands. The new stands (Neue Ochtum) are generally more variable than the old stands (Alte Ochtum, in comparison with Dümmer, Rubbenbruchsee). Single probes from the planted stands have nearly the same RAPD pattern as old stands (Alte Ochtum, ancestral genotypes). Some stands of the Neue Ochtum developed new RAPD markers (up to 13%) which do not occur in the Alte Ochtum populations. This is explained by an input of new genotypes from outside by washed up seeds or air borne pollen. The artificially planted material of the Neue Ochtum is possibly not an outcome of autochthonous stands of the Alte Ochtum as stated in the literature. Within some populations terrestrial and flooded genotypes can be determined. Populations from the Dümmer and the Rubbenbruchsee are clearly distinct from Ochtum populations. Neue Ochtum and Alte Ochtum stands do not create distinct clusters.

Key words: *Phragmites australis*, RAPD-fingerprinting, inter- and intrapopulation variability, biotope management, ancestral genotypes

Autoren:
PD Dr. Barbara Neuffer, Dipl.-Biol.in Doriana Lehmann, Dipl.-Biol. Michael Spitzer,
Arbeitsgruppe Spezielle Botanik der Universität Osnabrück, Barbarastr. 11,
D-49076 Osnabrück, Germany. e-mail: neuffer@biologie.uni-osnabrueck.de

©Naturwissenschaftlicher Verein Osnabrück e.V.

1 Einleitung

Die Schilfgürtel heimischer Gewässer sind im Laufe der letzten 30 Jahre zum Teil sogar dramatisch im Rückgang begriffen. Die Gründe hierfür sind bislang nicht eindeutig geklärt. Die steigende Stickstoffbelastung wird als ein Faktor für die Instabilität der *Phragmites*-Bestände angesehen (Kohl & Hennig 1987, Kühl & Kohl 1993), jedoch scheint neben einem steigenden Stickstoffeintrag generell jegliche Schwankung der Umweltfaktoren eine Rolle zu spielen (Kühl & Neuhaus 1993, Zeidler & al. 1994).

Das Schilf *Phragmites australis* (Cav.) Trin. ex Steudel gehört zur Familie der Süßgräser (Poaceae) und ist weltweit verbreitet. Allerdings meidet es die extrem arktischen bzw. antarktischen Regionen und gelangt in Skandinavien bis zu 70 nördlicher Breite. Jeder Sproß kann eine hohe Anzahl fertiler Samen produzieren (Koppitz & al. 1997). Diese Samen können mit dem Gewässer an unbesiedelte Uferbereiche gespült werden und so eine neue Population gründen. Innerhalb eines Bestandes erfolgt die Propagation weitgehend vegetativ über horizontal wachsende Rhizome, sogenannte „expansion rhizomes" (Woitke & al. 1997). Die „stand rhizomes" sind Verankerungs- und Speicherorgane. Das Schilf gilt als Verlandungspflanze stehender oder langsam fließender Gewässer, auf schlammigen, torfigen, nährstoffreichen bis nährstoffarmen Böden (Hürlimann 1951 in Hess & al.).

An Schilf-Beständen aus Gewässern Süddeutschlands wurde begonnen, die genetische Variabilität mit DNA-Untersuchungen und Fingerprinting-Methoden zu analysieren (Neuhaus & al. 1993, Zeidler & al. 1994, Kühl & Neuhaus 1993, Koppitz & al. 1997). Die Aufklärung der klonalen Strukturen sowie der verwandtschaftlichen Beziehungen innerhalb und zwischen den Herkünften zeigt vielversprechende Ergebnisse. So erscheinen Herkünfte aus ungestörten Habitaten mehr oder weniger homogen, Herkünfte aus künstlichen bzw. neu entstandenen Habitaten variabel (RFLPs, Zeidler & al. 1994). Homogene Bestände, die sich in einem stabilen Habitat entwickelten, scheinen gegenüber Umweltveränderungen extrem anfällig zu sein.

In der vorliegenden Untersuchung werden angepflanzte Schilf-Bestände mit schlechter Wüchsigkeit mit natürlichen Beständen aus dem Raum Nordwestdeutschlands verglichen. Der Einsatz molekularer Merkmale soll Informationen über die Populationsstrukturen liefern, mit deren Hilfe dynamische Prozesse erklärbar werden können. Untersuchungen dieser Art liefern wertvolle Hinweise für die Interpretation des Erfolges einer Pflanzung oder Schutzmaßnahme, aber auch für die Planung weiterer Maßnahmen. Die Arbeit im Naturschutz könnte dadurch möglicherweise noch effektiver gestaltet werden.

1.1 Die Methode

Das RAPD-Fingerprinting (**R**andom **A**mplified **P**olymorphic **D**NA = zufällig vervielfältigte polymorphe DNA, Welsh & McClelland 1990, Williams & al. 1990) ist ein Verfahren, das die Möglichkeiten der PCR nutzt (**P**olymerase **C**hain **R**eaction = Polymerase Ketten Reaktion). Bei dieser Technik werden zufällig ausgewählte individuen- oder artspezifische Stücke genetischen Materials gezielt vermehrt und sichtbar gemacht. In einem Arbeitsschritt können ungefähr zehn charakteristische verschieden große Stücke (=Merkmale) erkannt und ausgewertet werden. Die Komposition der verschieden großen Stücke ist individuenspezifisch. Jede Probe erhält so einen genetischen Fingerab-

©Naturwissenschaftlicher Verein Osnabrück e.V.

druck. Das Verfahren ist technisch einfach und schnell. Fingernagelgroße Stücke Pflanzenmaterials sind ausreichend für eine vollständige Analyse. Eine Analyse besteht allerdings aus zahlreichen der oben erwähnten Arbeitsschritte. RAPDs gelten als Kernmerkmale zur Aufdeckung innerartlicher Variabilität auf molekularem Niveau.

1.2 Die Untersuchungsgebiete

Ochtum

Die Ochtumniederung bei Bremen ist ein Flußmarschgebiet im Südwesten von Bremen mit einer Fläche von ca. 24 km^2. Sie gehört zum Naturraum Wesermarsch und liegt nur ca. 1-2,5m über dem Meeresspiegel. Die Mündung der Ochtum in die Weser wird durch eine Sturmflutsperre geschützt (Stomer Stau, Abb.1). Die Ochtum ist ein tidebeeinflußtes Fließgewässer. Bei hohem Oberwasseranfall kommt es zu hohen Strömungsgeschwindigkeiten. In diesem Bereich wird die Ochtum durch die Stauhaltung am Stromer Stau wesentlich beeinflußt (Kundel 1990).

Die Start- und Landebahn des Flughafens im Osten der Ochtum wurde 1990 verlängert. Der Lauf der Ochtum mußte entsprechend mit seinen Deichen aus dem Gebiet des Flughafens nach Osten verlegt werden und wird desweiteren als „Neue Ochtum" bezeichnet. Uferstrecken der Ochtum, die im alten Flußbett blieben, werden „Alte Ochtum" genannt.

Mitunter kam es zu einer Spontanbesiedlung der neugeschaffenen Uferbereiche (vgl. Tab. 1). Um die gesamten Uferbereiche der Neuen Ochtum zu befestigen, wurden Pflanzungen vorgenommen. Das Material zu dieser Bepflanzung stammte nach Bücken (1991) aus dem Bereich der verfüllten Ochtum. Die Wüchsigkeit der angepflanzten Schilfpopulationen der Neuen Ochtum entsprach nicht den Erwartungen. Zentrales Thema unserer Untersuchung sind die Schilfbestände der Alten Ochtum, sowie spontan siedelnde und angepflanzte Bestände der Neuen Ochtum. Zum Vergleich werden Bestände des Dümmers und des Rubbenbruchsees herangezogen.

Dümmer

Der Dümmer ist ein natürlicher See im niedersächsischen Tiefland (Abb. 1). Seit der Eindeichung vor 35 Jahren zur Gewinnung landwirtschaftlicher Nutzflächen hat sich der Grundwasserspiegel gesenkt. Dies verursachte eine Drosselung der Freizügigkeit des Wassers und damit zusammenhängend mächtige Schlammablagerungen sowie die Verlandung des Gewässers. Das Gewässer eutrophierte stark durch landwirtschaftlichen Eintrag. Große Flächen des Schilfröhrichts starben ab (Seehafer 1980).

Rubbenbruchsee

Hierbei handelt sich um ein kleines 1970 künstlich angelegtes Gewässer im Nordwesten Osnabrücks (Abb.1). Die Pflanzendekke im Bereich des Sees war eine Zeitlang starken Veränderungen ausgesetzt. Heute liegen weite Flächen brach und können sich natürlich entwickeln.

2. Material und Methode

2.1 Material

Untersucht wurden 13 Bestände (Tab. 1). Die Aufsammlungen erfolgten im Sommer bis Herbst 1995 (Pop. 1-10) sowie im April 1996 (Pop. 20-26). Die Stichproben hatten einen Abstand von 4-7 m.

©Naturwissenschaftlicher Verein Osnabrück e.V.

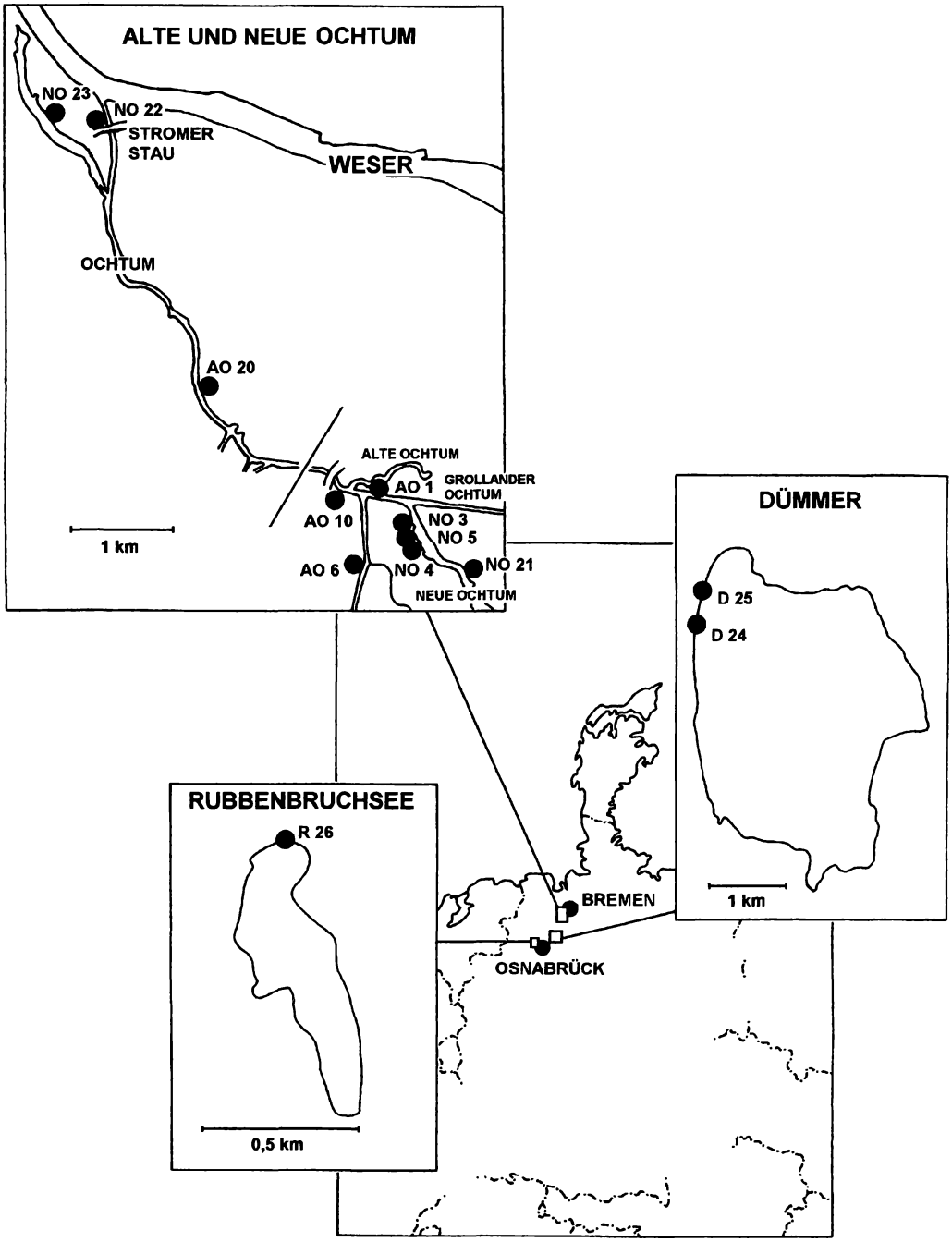


Abb. 1: Fundorte der Schilfbestände.

©Naturwissenschaftlicher Verein Osnabrück e.V.

Tab. 1: Fund- und Standorte der untersuchten Schilfbestände.

Pop.-Nr.	Stichprobe (n Individuen)	Datum Ernte	Fundort	Standort-Kurzbeschreibung
AO1	5	6-7/95	Polder Alte Ochtum, Ochtumaltarm	spontan, alt, wüchsig, ausgedehnt.
NO3	4	6-7/95	Flutmulde Neue Ochtum	angepflanzt, 5 Jahre, zurückgehend; Probe 1-3 Feuchtgrünland; Probe 7 überflutet.
NO4	4	6-7/95	westliches Ufer Neue Ochtum	angepflanzt, 5 Jahre, Feuchtgrünland.
NO5	5	6-7/95	westliches Ufer Neue Ochtum	angepflanzt, 5 Jahre, Feuchtgrünland bis Flachwasser.
NO6	4	6-7/95	Entwässerungsgraben Neue Ochtum	spontan, 20 Jahre, Grabenröhricht; Probe 1 direkt am Wasser; Probe 2-4 ca. 4-6 m vom Ufer entfernt.
AO10	6	11/95	westliches Ufer Alte Ochtum, 100 m südlich Köhlerbrücke	spontan, alt; Feuchtgrünland.
AO20	6	4/96	Strom östlich Alte Ochtum	spontan, alt, groß (ca. 600 m²); isoliert, Senke im Feuchtgrünland; Probe 6 Wasserrand eines Baches.
NO21	6	4/96	östliches Ufer Neue Ochtum; Beginn des Erweiterungsbereiches östlich der ersten Flachwasserzone	angepflanzt, 5 Jahre; Uferbereich Feuchtgrünland.
NO22	6	4/96	Hafen nördlich des Sperrwerkes, westliches Ufer Neue Ochtum	spontan, stark anthropogen beeinflußt, da Ochtum hier schiffbar; großer Bestand, Ind. 5 direkt am Ufer; Probe 1-4, 6 ca. 5-7 m vom Ufer entfernt.
AO23	6	4/96	östliches Ufer Alte Ochtum	spontan, alt, klein (ca. 100 m²); ausgezäunt, Feuchtgrünland, ungestört.
D24	6	4/96	nordöstliches Ufer Dümmer	spontan, alt, schmaler Streifen; Bootsanleger, anthropogen gestört.
D25	6	4/96	nordöstliches Ufer Dümmer	spontan, alt; gemäht für Schilfwerbung.
R26	6	4/96	Nordufer Rubbenbruchsee nordwestlich Osnabrück	spontan, alt, entlang eines Bachlaufes; Probe 4 aus Mitte des Bachlaufes; Probe 1-3, 5, 6 oberhalb, terrestrisch.

©Naturwissenschaftlicher Verein Osnabrück e.V.

Für die DNA-Extraktion sollte junges Blattmaterial verwendet werden. Bei Gräsern (Poaceae) ein fingernagelgroßes Stück aus der meristematischen Zone an der Basis der Blattscheide. Die Aufarbeitung der im Frühjahr 1996 gesammelten Proben (28 auswertbare Proben) war wesentlich erfolgreicher als die des 1995 gesammelten Materials (42 auswertbare Proben). Die gegenüber äußeren Bedingungen sehr sensitive Methode des RAPD-fingerprinting erlaubt leider eine gleichzeitige Evaluation der beiden Datensätze nicht.

2.2 Methode

Zur Analyse der genetischen Variabilität wurde die RAPD-fingerprinting Methode eingesetzt (zur Methode siehe Neuffer 1996, Neuffer & Jahncke 1997). Nach der Überprüfung von 60 Primern aus den Primer-Kits B, H und R der Firma Operon, Alameda, Kalifornien wurden 12 Primer für die Analyse ausgewählt (Tab. 2). Die Auswertung erfolgte über eine Hauptkomponentenanalyse mit dem SPSS-Statistik- Programmpaket sowie durch eine Distanzanalyse mit dem TREECON Programm-Paket (Copyright Yves van de Peer, Universitat Antwerpen, 1996). Die Berechnung der paarweisen Distanzen erfolgte nach Nei & Li (1979, GDxy=1-(2Nxy)/(Nx+Ny)). Die Distanzen wurden durch das Neighbor-Joining Verfahren in einem Netzwerk graphisch dargestellt (Swofford & Olsson 1990). Eine klare Gruppenbildung wurde durch die Distanzen selbst, sowie durch das Bootstrapverfahren wiedergegeben (100 Wiederholungen, Felsenstein 1985). Hohe Werte (über 70%) sprechen für eine gesicherte Topologie des Distanznetzwerkes.

3 Ergebnisse

In Abb. 3 wird der prozentuale Anteil gemeinsamer und variabler Merkmale aus jedem Bestand verglichen. Die variabelsten Bestände sind die der Neuen Ochtum (NO). Innerhalb der Rubbenbruchsee-Population (R26) sind fünf Stichproben völlig identisch, während sich Stichprobe R26/4 durch 27 Merkmale von diesen fünf Stichproben unterscheidet (vgl. Abb 2).

Generell sind die Bestände der Alten Ochtum (AO) sowie des Dümmer Sees (D24 und 25) und des Rubbenbruchsees (R26) genetisch wesentlich einheitlicher. Berücksichtigt werden muß, daß die Intrapopulationsvariabilität bei geringerer Stichprobenzahl abnimmt. So ist zu erklären, daß die Bestände NO3, 4, 5, und 6 absolut und prozentual weniger Variabilität aufweisen, als die Bestände NO21 und 22.

Die Distanznetzwerke (Abb. 2a und b) geben darüberhinaus Auskunft über die Beziehungen der Bestände zueinander. So können Klone erkannt werden, die innerhalb der Bestände (z.B. AO10, zwei Klone), als auch populationsübergreifend (z.B. NO4/4 und NO5/4, bzw. NO4/2 und NO6/1) auftreten. Die einzelnen Klone unterscheiden sich auf molekularer bzw. genotypischer Ebene deutlich.

Einige Individuen der Neue Ochtum Bestände scheinen sich aus dem Genpool der Alten Ochtum zu rekrutieren (NO3 aus AO10; NO22/5 und 6 aus AO20). Tab 3a und 3b demonstrieren, daß vor allem die Individuen NO3/1 und NO3/2 nur ein einziges Merkmal aufweisen, das in der Alte Ochtum Population (AO10) nicht auftritt. Die Hauptkomponentenanalysen veranschaulichen die Ähnlichkeit bzw. Unähnlichkeit der Proben (Abb. 4 und 5). Bei den im Frühjahr gesammelten Beständen (z.B. Pop. NO22 und AO20) wird die Ähnlichkeit in Abb. 4b

©Naturwissenschaftlicher Verein Osnabrück e.V.

Tab. 2: Sequenzen der ausgewählten Primer.

Primer	Sequenz	eingesetzt für
OP-B03	CATCCCCCTG	A01, N03, N04, N05, N06, A010
OP-B04	GGACTGGAGT	alle
OP-B05	TGCGCCCTTC	alle
OP-B06	TGCTCTGCCC	alle
OP-B10	CTGCTGGGAC	alle
OP-B12	CCTTGACGCA	alle
OP-H04	GGAAGTCGCC	alle
OP-H08	GAAACACCCC	alle
OP-R04	CCCGTAGCAC	alle
OP-R09	TGAGCACGAG	alle
OP-R10	CCATTCCCCA	A020, N021, N022, A023, D24, D25, R26
OP-R19	CCTCCTCATC	alle
OP-R20	ACGGCAAGGA	alle

Tab. 3a: Gemeinsame Merkmale eines Alte Ochtum Bestandes und eines Neue Ochtum Bestandes.
Die Matrize umfaßte 115 ausgewertete Merkmale, von denen 103 in dem Bestand N03 vertreten sind, und 92 in dem Bestand AO10.

Individuen-Nr.	Merkmale, die in der Pop. AO10 vorkommen, und *nicht* in:	Merkmale, die *nicht* in der Pop. AO10 vorkommen, aber in:
NO3/1	3	1
NO3/2	2	1
NO3/3	8	4
NO3/3	8	4
NO3/7	10	10

Tab. 3b: Gemeinsame Merkmale von Individuen eines Neue Ochtum Bestandes mit einem Alte Ochtum Bestand.
Die Matrize umfaßte 151 ausgewertete Merkmale, von denen 131 in dem Bestand NO22 vertreten sind, und 99 in dem Bestand AO20.

Individuen-Nr.	Merkmale, die in der Pop. AO20 vorkommen, und *nicht* in:	Merkmale, die *nicht* in der Pop. AO20 vorkommen, aber in:
NO22/5	9	13

Tab. 4: Merkmale, die in den Beständen der Neuen Ochtum vorkommen, und nicht in den Beständen der Alten Ochtum.

Bestand	Anzahl Merkmale	Anteil Merkmale
NO3	9	8 % von 115 Merkmalen
NO4	15	13 % von 115 Merkmalen
NO5	15	13 % von 115 Merkmalen
NO6	15	13 % von 115 Merkmalen
NO21	8	2 % von 151 Merkmalen
NO22	13	5 % von 151 Merkmalen

zwar unterstützt, jedoch in Abb. 4a sind Alte und Neue Ochtum Bestände sehr klar durch den Faktor 2 getrennt. Die Ähnlichkeit zweier Neuer Ochtum Stichproben mit Alte Ochtum Stichproben wird in Abb. 5a und 5b ohne jede Einschränkung deutlich: Bei diesen zwei Neue Ochtum Stichproben handelt es sich um NO3/1 und NO3/2, die bereits erwähnt wurden (vgl. auch Tab. 3a), was leider in der graphischen Darstellung der Hauptkomponentenanalyse nicht ausgewiesen werden kann. Die vergleichende Betrachtung der Neighbor-Joining Analyse (Abb. 2b) bringt hier Aufklärung.

Andere Bestände weisen eine durchaus beträchtliche Anzahl Merkmale auf, die in den Alte Ochtum Beständen nicht vorkommen (Tab. 4). Diese „neuen" Merkmale betragen immerhin bis zu 13% der verwendeten Datenmatrix.

4 Diskussion

Der Ausbau des Flughafengeländes bei Bremen machte eine Verlegung der Ochtum notwendig. Das Gewässer fließt nun, zumindest stellenweise, im Bett der Neuen Ochtum. Zur Befestigung der Ufer der Neuen Ochtum erfolgte eine Initialbepflanzung, wobei entsprechend der offiziellen Mitteilung

©Naturwissenschaftlicher Verein Osnabrück e.V.

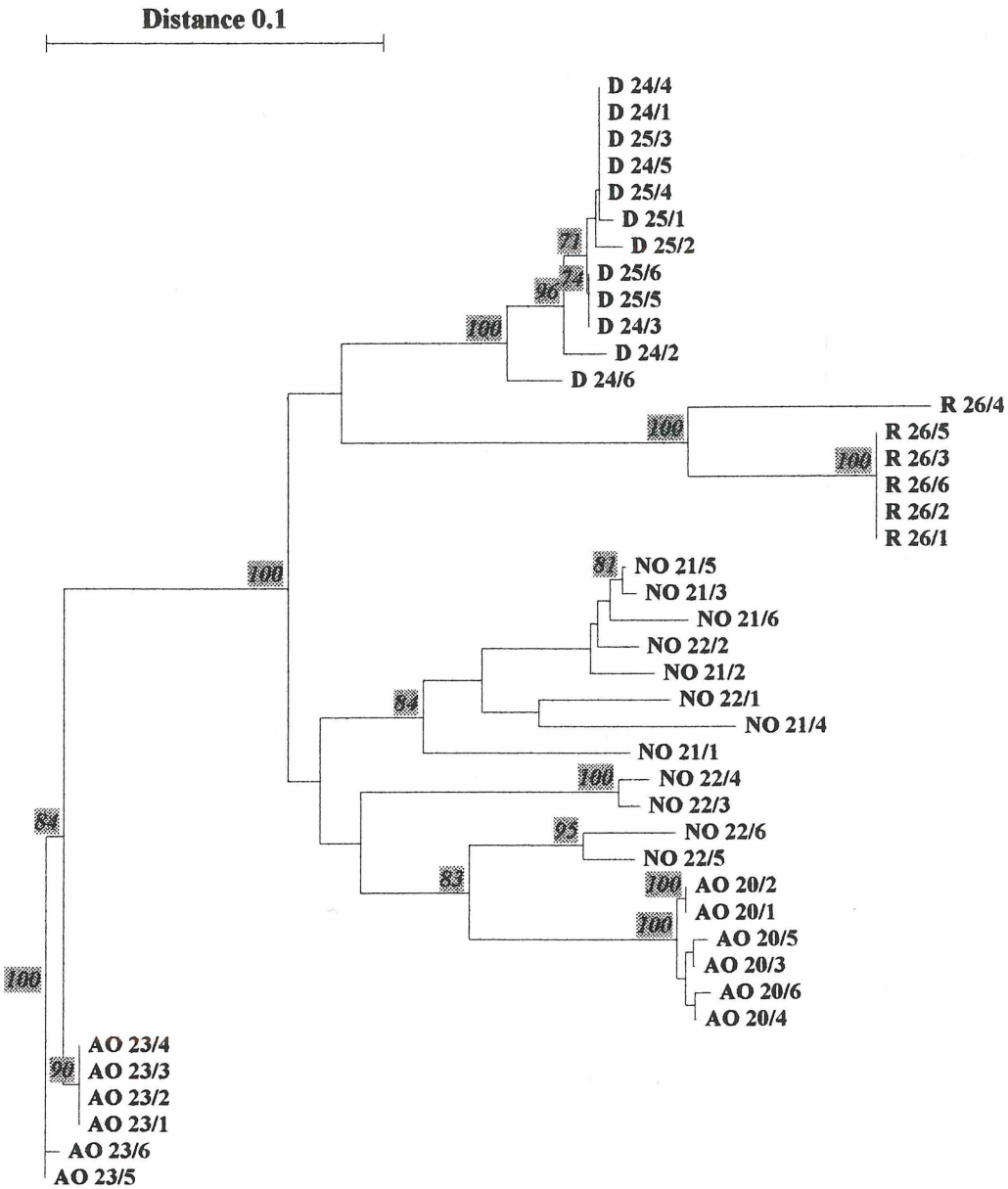


Abb. 2a

Abb. 2: Distanzanalyse der RAPD-Merkmale;
2a): Datensatz der im Frühjahr gesammelten Stichproben. 42 Proben, 108 variable, 43 gemeinsame Merkmale;
2b) (siehe nächste Seite): Datensatz der im Herbst gesammelten Stichproben. 28 Individuen, 56 variable, 59 gemeinsame Merkmale.

©Naturwissenschaftlicher Verein Osnabrück e.V.

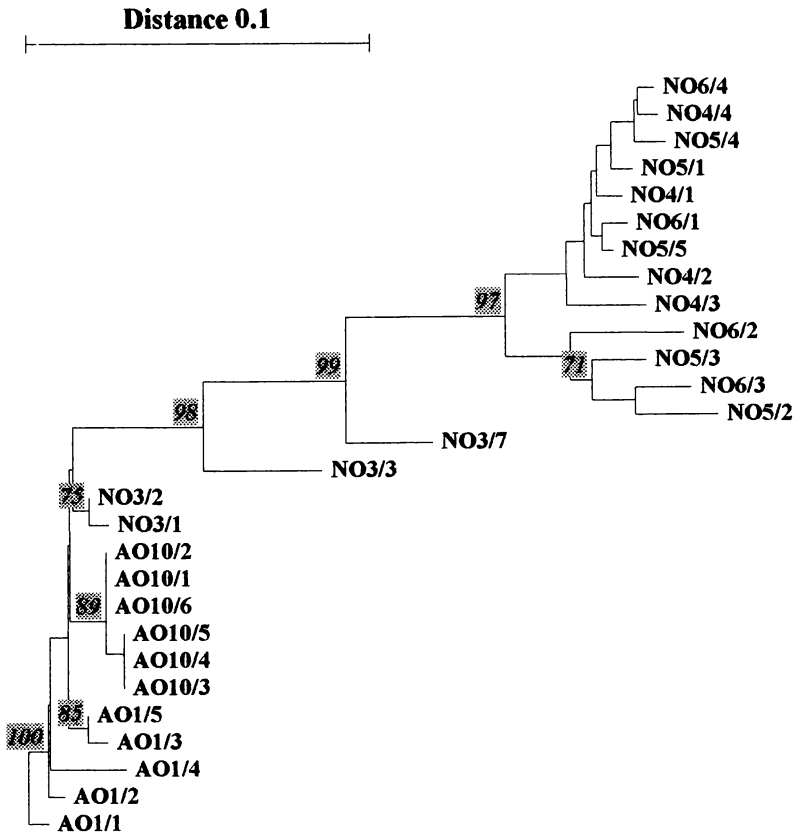


Abb. 2b

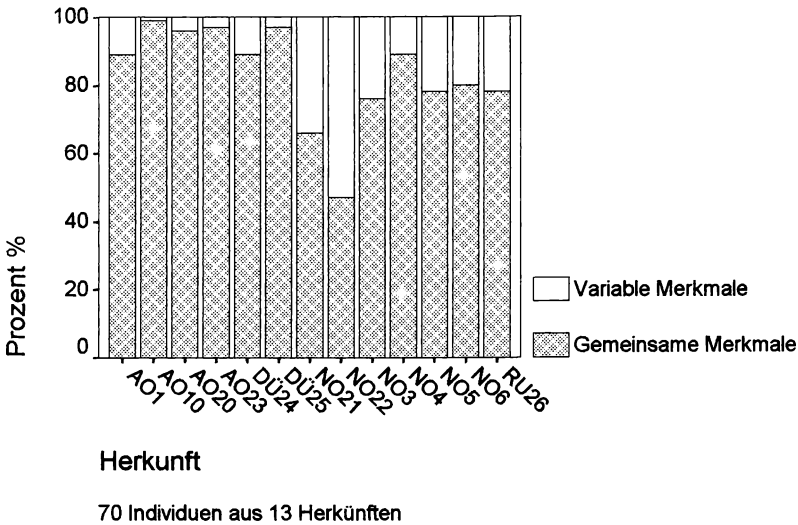


Abb. 3: Prozentualer Anteil gemeinsamer und variabler RAPD-Merkmale innerhalb der einzelnen Bestände.

©Naturwissenschaftlicher Verein Osnabrück e.V.

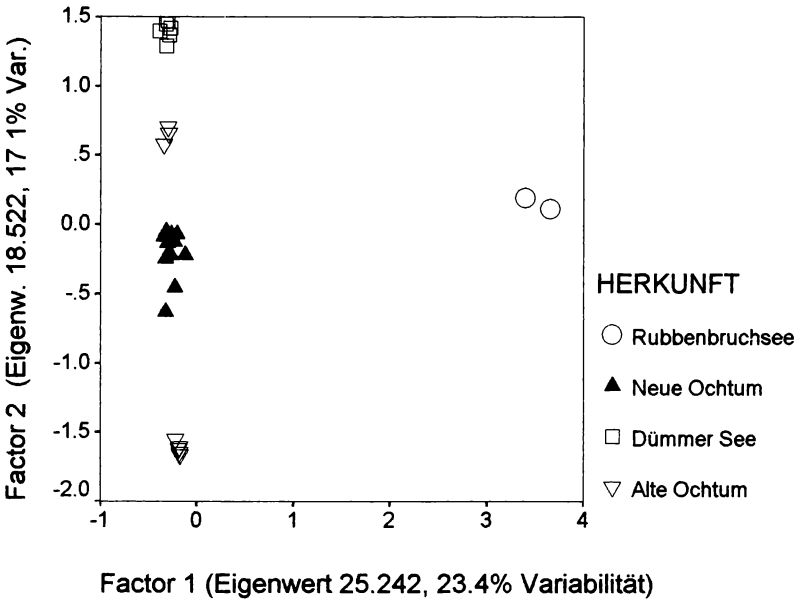


Abb. 4a

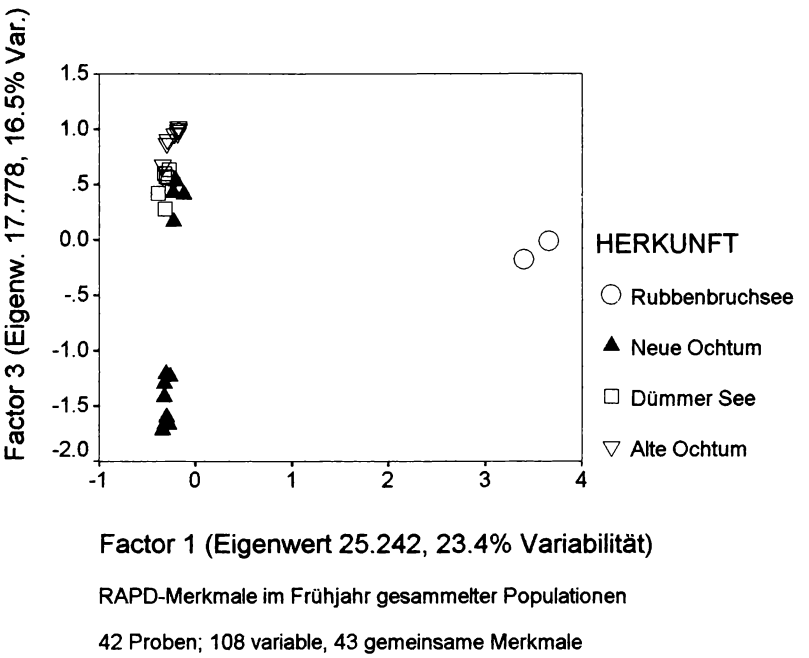


Abb. 4b

Abb. 4a und 4b: Hauptkomponentenananlyse der RAPD-Merkmale der im Frühjahr gesammelten Stichproben. 3 Faktoren erklären 57% der Gesamtvariabilität.

©Naturwissenschaftlicher Verein Osnabrück e.V.

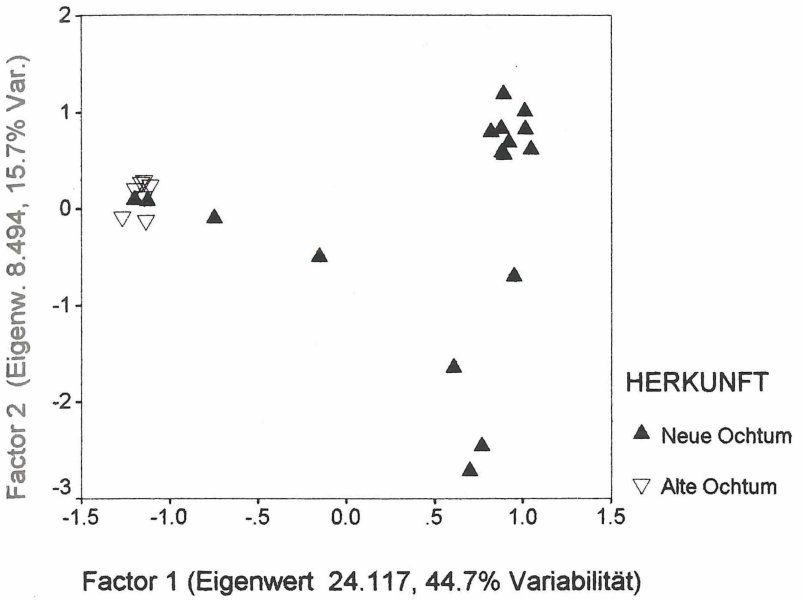
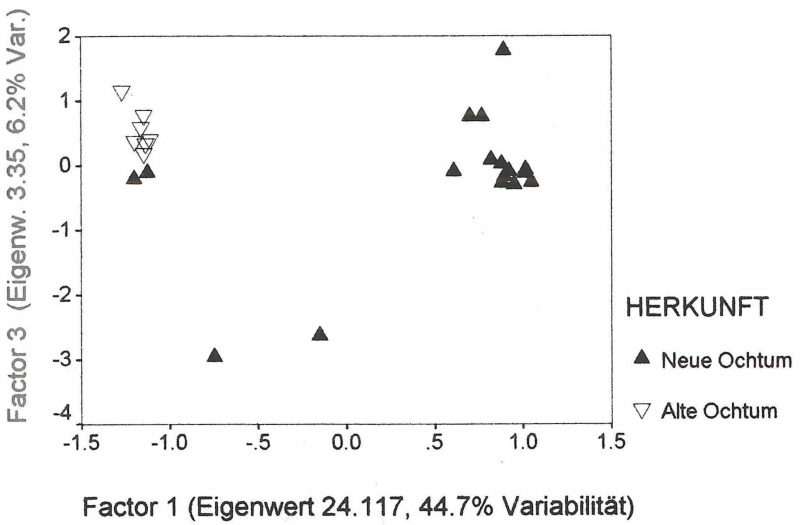


Abb. 5a



RAPD-Merkmale im Herbst gesammelter Populationen

28 Proben, 56 variable, 59 gemeinsame Merkmale

Abb. 5b

Abb. 5a und 5b: Hauptkomponentenanalyse der RAPD-Merkmale der im Herbst gesammelten Stichproben. 3 Faktoren erklären 66,6% der Gesamtvariabilität.

©Naturwissenschaftlicher Verein Osnabrück e.V.

(Bücken 1991) Material aus dem Bereich der verfüllten Ochtum genutzt wurde. Während einige Bestände der Neuen Ochtum somit aus einer artifiziellen Bepflanzung hervorgingen (NO3-5, NO21), rekrutieren sich andere Bestände aus einer spontanen natürlichen Besiedlung (NO6, NO22, vgl. Tab. 1).

4.1 Genpool für die Bestände der „Neuen Ochtum“

Die beiden spontan angesiedelten Bestände unterscheiden sich nicht wesentlich von den angepflanzten Beständen. Interessanterweise sind bis zu 13% der gefundenen Merkmale der Neue Ochtum Bestände nicht in den Alte Ochtum Beständen vorhanden (Tab. 4). Dieser hohe Prozentsatz könnte daraufhinweisen, daß zumindest ein Teil der Initialbepflanzung nicht aus dem angegebenen Areal stammte. Es könnte andererseits jedoch ein Hinweis darauf sein, daß ein natürlicher und nicht unbeträchtlicher Eintrag von außerhalb hinzukommt. Dieser Eintrag kann durch Anschwemmung von Samen erfolgt sein. Schilf-Samen können beträchtliche Entfernungen mit fließenden Gewässern zurücklegen (Bittmann 1953). Für die Besiedlung neuer Standorte wird von Koppitz & al. (1997) der Eintrag von Saatgut vermutet. Diese Autoren nehmen an, daß die Propagation in einer frühen Phase der Besiedlung generativ stattgefunden hat, während nach der Etablierung des Standortes fast ausschließlich vegetative Fortpflanzung angenommen wird. Wahrscheinlich ist in einem dichten Bestand eine Keimung der *Phragmites*-Samen nicht möglich. Wijte & Gallagher (1996a und b) konnten nachweisen, daß die Keimlingsentwicklung von *Phragmites* auch durch niedrige Sauerstoffkonzentrationen nicht gestört wird, jedoch unter Sauerstoffabschluß bzw. bei Konzentrationen unter 2,5% vollständig unterdrückt wird.

Für zwei Stichproben der Neuen Ochtum (NO3/1 und 2) ist der Bestand AO10 der Alten Ochtum als Ancestorgenpool anzusehen.

4.2 Klonale Strukturen und Intra-/ Interpopulationsvariabilität

Neben den bereits genannten gemischten Clustern der Ochtum zeigen sich reine Alte Ochtum Gruppen (z.B. Population AO23), reine Neue Ochtum Gruppen (Pop. NO 4,5 und 6), sowie Übergangsformen zwischen Alte und Neue Ochtum Gruppen, die für eine Durchmischung des genetischen Materiales durch Genfluß sprechen (NO3/3 und 7). Innerhalb der Bestände treten klonale Strukturen zutage: So z.B. fünf Stichproben vom Rubbenbruchsee, neun Stichproben aus zwei Populationen vom Dümmer, sowie verschiedene Klone innerhalb der Bestände Alte Ochtum. Innerhalb der Neue Ochtum Bestände sind klonale Strukturen erkennbar (z.B. NO21, 3 und 5), jedoch weit weniger stark ausgeprägt als bei den bereits genannten Gruppen. Allerdings gibt es hier bestandsübergreifende Verbindungen (z.B. NO4/2 und NO6/1). Diese beiden letztgenannten Stichproben stammen aus völlig verschiedenen Gebieten (Abb. 1). Der Genfluß kann in diesem Fall nicht durch im Wasser transportierte Samen erfolgt sein. Ein möglicher Vektor wäre durch Wind übertragener Pollenflug, der die relativ kurze Entfernung zwischen beiden Beständen überbrückt haben könnte. Andererseits könnte sich die Pop. NO6 spontan (vgl. Tab. 1) aus Saatgut der Pop. AO1 rekrutiert haben.

Die Stichproben 5 und 6 der Pop. NO22 haben die meiste Ähnlichkeit mit der Pop. AO20. NO22 ist eine spontan angesiedelte

©Naturwissenschaftlicher Verein Osnabrück e.V.

Population. Hier ist ein Genfluß durch Anschwemmung von Saatgut ausgehend von der Pop. AO20 denkbar.

4.3 Die Vergleichsstandorte Dümmer und Rubbenbruchsee

Die molekulare Analyse weist die Bestände vom Dümmer und vom Rubbenbruchsee als deutlich verschieden von allen Ochtumer Beständen aus. Die Bestände der Alten Ochtum sowie der Dümmerbestände sind genetisch wesentlich weniger variabel, als die Bestände der Neuen Ochtum. Dies entspricht den Ergebnissen von Koppitz & al. (1997), Kühl & Neuhaus (1993), Zeidler & al (1994): Sich neu ansiedelnde Schilfpopulationen sind genetisch variabel, dagegen sind etablierte Bestände in einem stabilen Habitat genetisch invariabel. Durch die vorwiegend durch Rhizome stattfindende vegetative Propagation setzen sich schließlich nur wenige an das stabile Habitat gut angepaßte Klone durch. Die Rekrutierung durch Keimlinge, die in einer etablierten Population nahezu vollkommen unterdrückt ist, kann somit kaum Neueintrag bewirken (Neuhaus & al. 1993).

Die Struktur der Rubbenbruchsee-Population ist folgendermaßen zu erklären: Die fünf Stichproben des Klons stammen von einem als terrestrisch bezeichneten Habitat, während das Individuum R26/4 direkt aus dem Bachbett stammt und zumindest große Teile des Jahres im Wasser steht. Zeidler & al. (1994) konnten deutliche genetische Unterschiede zwischen an Land wachsenden und von Wasser überspülten Stichproben finden. Ähnliches trifft zu für die Population NO3, bei der die Stichproben 1-3 aus dem Feuchtgrünland stammten, während die Stichprobe 7 aus dem Flachwasserbereich kam. In anderen Beständen können allerdings die „terrestrischen" Genotypen nicht von den „überfluteten" Genotypen unterschieden werden.

Die klonale Struktur und außerordentliche genetische Ähnlichkeit der Stichproben Dümmer See spricht für eine Genotypenverarmung des Standortes. Der Rückgang des Schilfgürtels am Dümmer See wäre somit erklärbar, denn die wenigen Genotypen konnten sich möglicherweise nicht auf die dort herrschenden Umweltveränderungen einstellen. Für eine eindeutige Aussage wären wesentlich mehr Untersuchungen nötig. Die Untersuchung des Dümmers war jedoch nicht Gegenstand der vorliegenden Arbeit.

5 Schlußfolgerungen

Die Untersuchung von Populationsstrukturen durch molekulare Methoden, z.B. Fingerabdruckverfahren, liefert wertvolle Hinweise für das Verständnis dynamischer Prozesse in der Vegetationsentwicklung. Die Möglichkeiten der modernen Methoden der Molekularbiologie sollten in Zukunft Landschaftsschutzmaßnahmen, Ausgleichsmaßnahmen oder ähnliche Vorhaben begleiten. Dies würde die Interpretation auftretender Probleme erleichtern, sowie eine bessere Planung für ein mögliches weiteres Vorgehen zulassen.

Dank

Für die kompetente Hilfe im Labor möchten wir uns bei Herrn Rudi Grupe bedanken. Das Projekt wurde finanziell unterstützt durch die Freie Hansestadt Bremen im Rahmen des Projektes „Vegetationsökologische und populationsbiologische Untersuchungen zur Ermittlung vegetationslenkender Maßnahmen zur Ansiedlung von Makrophyten in und an neu angelegten Gewässern"

©Naturwissenschaftlicher Verein Osnabrück e.V.

Literatur

Bittmann, E. (1953): Das Schilf (*Phragmites australis* Trin.) und seine Verwendung im Wasserbau. – Arbeiten Zentralstelle Vegetationskartierung, Stolzenau/Weser: 5-45.

Bücken. H.-D. (1991): Die Verlegung der Ochtum. – Wasser Boden 11: 684-690.

Hürlimann, H. (1951): Zur Lebensgeschichte des Schilfs an den Ufern der Schweizer Seen. – Beitr. Geobot. Landesaufn. Schweiz 30: 1-232.

Felsenstein, J. (1985): Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. – Evolution 39: 783-791.

Kohl, J.-G. & Henning, M. (1987): Amino acid content and pattern as an indicator of the hyperfertilization of regressive stands of common reed (*Phragmites australis* (Cav.) Trin. ex Steudel). – Arch. Hydrobiol. Beih. 27: 203-210.

Koppitz, H., Kühl, H., Hesse, K. & Kohl, J.-G. (1997): Some aspects of the importance of genetic diversity in *Phragmites australis* (Cav.) Trin. ex Steudel for the development of reed stands. – Bot. Acta 110: 217-223.

Kühl, H. & Kohl, J.-G. (1993): Seasonal nitrogen dynamics in reed beds (*Phragmites australis* (Cav.) Trin. ex Steudel) in relation to productivity. – Hydrobiologia 251: 1-12.

Kühl, H. & Neuhaus, D. (1993): The genetic variability of *Phragmites australis* investigated by Random amplified polymorphic DNA. – In: Ostendorp/ Krumscheid-Plankert (eds.), Seeuferzerstörung und Seeuferrenaturierung in Mitteleuropa, Gustav Fischer: Stuttgart – Jena – New York: 9-18.

Kundel, W. (1990): Übersicht und Bewertung der Planungsvorhaben im Zusammenhang mit Ausgleichs- und Ersatzmaßnahmen zu Erschließungsprojekten in NV II sowie der Ochtumverlegung. – Unveröffentlichter Bericht der Landschaftsökologischen Forschungsstelle Bremen, 7 Seiten + Anlage.

Nei, M. & Li, W.-H. (1979): Mathematical model for studying genetic variation in terms od restriction endonucleases. – Proc. Natl. Acad. Sci. USA 76: 5269-5273.

Neuffer, B. (1996): RAPD analyses in colonial and ancestral populations of *Capsella bursa-pastoris* (L.) Med. (Brassicaceae). – Biochem. Syst. Ecol. 24: 1-11.

Neuffer, B. & Jahncke, P. (1997): RAPD analyses of hybridization events in *Cardamine* (Brassicaceae). – Folia Geobot. Phytotax. 32: 57-67.

Neuhaus, D., Kühl, H., Kohl, J.-G., Dörfel, P. & Börner, T. (1993): Investigation on the genetic diversity of *Phragmites* stands using genomic fingerprinting. – Aquatic Botany 45: 357-364.

Seehafer, K. (1980): Der Dümmersee in Farbe. Kosmos Gesellschaft für Naturfreunde. 96 S. – Frankh'sche Verlagsbuchhandlung: Stuttgart.

Swofford, D.L. (1990): PAUP: Phylogenetic analysis using parsimony. Version 3.0. – Illinois Natl. Hist. Surv.: Champaign, Illinois, USA.

Van de Peer, Y. & de Wachter, R. (1994): TREECON for windows: a software package for the construction and drawing of evolutionary trees for the Microsoft Windows environment. – Comput. Applic. Biosci. 10: 569-570.

Welsh, J. & McClelland, M. (1990): Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. – Nucleic Avids Research 18(24): 7213-7218.

Wijte, A.H.B. & Gallagher, J.L. (1996a): Effect of oxygen availability and salinity on early life history stages of salt marsh plants. I. Different germination strategies of *Spartina alterniflora* and *Phragmites australis* (Poaceae). – Amer. J. Bot. 83 (10): 1337-1342.

Wijte, A.H.B. & Gallagher, J.L. (1996b): Effect of oxygen availability and salinity on early life history stages of salt marsh plants. II. Early seedling development advantage of *Spartina* alterniflora over *Phragmites australis* (Poaceae). – Amer. J. Bot. 83 (10): 1343-1350.

Williams, J.G.K., Kubelik, A.R., Livak, K.J., Rafalski, J.A. & Tingey, S.V. (1990): DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. Nucleic Acids Research 18 (22): 6531-6535.

Woitke, P., Kiehl, A., Kühl, H. & Kohl, J.-G. (1997): Nitrogen and Carbohydrate pools of two rhizome types of *Phragmites australis* (Cav.) Trin. ex Steudel. – Int. Revue Ges. Hydrobiol. 82: 161-168.

Zeidler, A., Schneider, S., Jung, C., Melchinger, A.E. & Dittrich, P. (1994): The use of DNA-fingerprinting in ecological studies of *Phragmites australis* (Cav.) Trin. ex Steudel). – Bot. Acta 107: 237-242.

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: Osnabrücker Naturwissenschaftliche Mitteilungen

Jahr/Year: 1999

Band/Volume: 25

Autor(en)/Author(s): Neuffer Barbara, Lehmann Doriana

Artikel/Article: Fingerprinting an natürlichen und angepflanzten Schilf-Beständen (Phragmites australis) Nordwestdeutschlands 109-122