Decheniana (Bonn) 143, 196–208 (1990)

Populationsgenetik und Artenschutz – Untersuchungen zur genetischen Variabilität in Wildpopulationen der Gattung *Vicia* im Rheinland und in der Eifel

Christiane Leonards und Hermann P. Müller

Mit 1 Tabelle und 11 Abbildungen

(Eingegangen am 18. 7. 1989)

Kurzfassung

In Wildpopulationen der Art *Vicia sepium* (Zaun-Wicke) wurde die genetische Variabilität untersucht. Hierzu wurden verschiedene Fundorte der Eifel und des Rheinlandes ausgewählt. Neben der Bestimmung wichtiger quantitativer phänotypischer Merkmale dienten Isoenzymmusterfrequenzen als Maß für die genetische Variabilität. Ihr Vorhandensein ist die Voraussetzung für die Entwicklung und den Fortbestand einer Population.

Abstract

Wild populations of *Vicia sepium* were examined with regard to their genetic variation. Therefore, different finding sites of the Eifel and the Rhineland were chosen. Genetic variability was measured by determining some important quantitative traits and by detecting isoenzyme pattern frequencies. Genetic variability is an essentail prerequisite for the development and the existence of a population.

1. Einleitung

Immer mehr Wildpflanzen, die z. T. als „Unkräuter" bekämpft und mißachtet werden, gelangen auf die „Rote Liste" verschwundener und existenzgefährdeter Arten. Natur- und Artenschutz gewinnen aufgrund zunehmenden öffentlichen Interesses an Bedeutung in der Umwelt- und Naturschutzpolitik. So wurde 1987 der fünfte Abschnitt des Bundesnaturschutzgesetzes, der sich mit Schutz und Pflege wildlebender Tier- und Pflanzenarten befaßt, deutlich erweitert. „Naturschutz in der Offensive" lautete der Titel der Rede, die Bundesumweltminister Töpfer anläßlich des 19. Deutschen Naturschutztages (Mai 1988) in Berlin vortrug. Darin sagte er u. a., daß es leichtsinnig und unverantwortlich sei, die Existenzgefährdung einer Art zu tolerieren, denn jede Art sei einmalig. Er fügte hinzu, daß das Aussterben einer Art ein endgültiger Verlust, ein irreversibler Vorgang sei. Es ginge nicht nur um die Art als solche, sondern auch um die genetische Vielfalt innerhalb einer Art. Unabhängig, ob eine Pflanzen- oder Tierart, die vielleicht heute noch leichtsinnig als nutzlos bezeichnet wird, in Zukunft doch einen direkten Nutzen, zum Beispiel in der Pflanzenzüchtung oder Arzneimittelgewinnung haben kann, sei aus ethischen Gründen die Gefährdung der Existenz von Pflanzen und Tierarten nicht hinnehmbar (Töpfer 1988). Bislang ist der Artenschutz als biologische Disziplin schwerpunktmäßig der Ökologie zugeordnet. In den letzten Jahren allerdings werden zunehmend auch populationsgenetische Aspekte bei der Planung und Durchführung von Artenschutzmaßnahmen berücksichtigt. Will man eine langfristige Bewahrung von bedrohten Arten erreichen, so müssen die Voraussetzungen dafür geschaffen werden, daß diese „Zielarten" aufgrund ihrer genetischen Ausstattung das Potential zur Anpassung und Entwicklung an sich verändernde Umweltbedingungen behalten (Loeschke 1988).

Bekanntlich besitzen Wildpflanzen eine große Variabilität in vielen Merkmalen. Sie manifestiert sich sowohl in den polygen gesteuerten quantitativen Eigenschaften, wie der Frucht- und Samenproduktion, dem Proteingehalt der Samen als auch in qualitativen Merkmalen. Letztere lassen sich u. a. auf der Ebene der Samenproteine erfassen. Sie eignen sich, als primäre Genprodukte, dazu insofern, als sie als Reservestoffe für die Entwicklung einer neuen Pflanze nach ihrer Einlagerung in die Samen kaum verändert und deshalb als Merkmale für eine Identifizierung verwendet werden können. Als zuverlässige Nachweismethode hat sich die elektrophoretische Trennung von Proteinen erwiesen. Die nach Anfärbung der

Gele erhaltenen Proteinmuster sind gewissermaßen ein „Spiegel" der Genotypen (BOULTER, THURMAN & TURNER 1966, LADIZINSKY 1979, MÜLLER 1980). Das belegen auch zahlreiche Arbeiten sowohl auf dem Sektor kultivierter Leguminosen (MÜLLER 1983) als auch auf dem von Wildleguminosen (GEPTS 1988, KLEIN 1986, LEONARDS 1989). Die hier beschriebene Anfärbung der Proteine ist unspezifisch, da alle im Gel getrennten Proteinfraktionen unabhängig von ihrer Funktion sichtbar gemacht werden. Demgegenüber sind Enzymnachweise spezifisch, da jeweils nur eine Proteinart in den Gelen nachgewiesen wird. Dabei werden die multiplen Formen der Enzyme, die Isoenzyme, sichtbar gemacht. Die Isoenzyme sind direkte Genprodukte. Als solche geben sie direktere Auskunft über die genetische Vielfalt als dies Proteinprofile erlauben (BROWN & MARSHALL 1978, BROWN 1979, MÜLLER 1987). Sie sind Indikatoren des Genoms und ermöglichen somit eine Diskriminierung zwischen individuellen Genotypen nahe der DNA-Ebene. Nach BROWN & MARSHALL (1973) ist die Expression der Allele meist kodominant und frei von epistatischen oder umweltbedingten Einflüssen. Allelunterschiede machen sich in der nativen Elektrophorese als Unterschiede in der Mobilität der Isoenzyme bemerkbar. Durch Enzymaktivitäts-Farbnachweise werden diese Mobilitätsunterschiede, d. h. die veränderten Lagen der Enzymbanden auf dem Trenngel, erkannt. Existieren verschiedene Genloci mit unterschiedlichen Allelen, so ergibt sich ein spezifisches Isoenzymmuster. Voraussetzung für den Einsatz von Enzymsystemen zur Charakterisierung von Genotypen ist, daß die Isoenzymmuster nicht einheitlich, sondern polymorph sind. Die Bandenmuster verschiedener Enzymtypen müssen sich hinsichtlich der Anzahl, aber auch der Mengen einzelner Isoenzyme unterscheiden. Darin kommt die Variation dieses biochemischen Merkmales zum Ausdruck (MÜLLER 1987).

Ziel der auf breiter Basis angelegten Untersuchung (LEONARDS 1989) war es, die inter- und intraspezifische Variabilität von 6 *Vicia*-Arten (*V. angustifolia*, *V. cracca*, *V. hirsuta*, *V. sativa*, *V. sepium*, *V. tenuifolia*) in 20 Wildpopulationen des Rheinlandes und der Eifel zu ermitteln. Neben den Isoenzymmustern, bzw. der Häufigkeit ihres Auftretens innerhalb verschiedener Populationen wurden phänotypische Merkmale bestimmt. Die Samenproduktion pro Pflanze ist ein wichtiges quantitatives Merkmal, das für den Fortbestand einer Population entscheidend ist. Desweiteren wurde die Anzahl der Hülsen pro Pflanze bestimmt, die nicht immer mit der Samenproduktion korreliert ist, die Hülsenlänge und das Tausendkorngewicht (TKG), das die Variabilität der Samengröße zeigt. Ebenfalls untersucht wurde der Proteingehalt des Samens, der u. a. von Standortbedingungen wie Nährstoffangebot und -Konkurrenz abhängt. Auch die phänotypischen Merkmale geben die intraspezifische Variabilität wieder.

Die Auswahl der Fundorte erfolgte nach pflanzensoziologischen Gesichtspunkten. Es sollte untersucht werden, ob sich Fundortkriterien, wie z. B. die Pflanzensoziologie und die Populationsgröße auf die genetische Variabilität auswirken, d. h. wie fundortspezifisch die genetische Variabilität ist.

Im folgenden sind die Befunde für *Vicia sepium* an zwei Fundorten exemplarisch dargestellt.

2. Material und Methoden

Das Samenmaterial wurde im Juli 1987/88 von *Vicia sepium* an acht verschiedenen Fundorten der Eifel und des Rheinlandes gesammelt. Gleichzeitig wurden die vegetationskundlichen Untersuchungen durchgeführt. Die Bestimmung der vorgefundenen Pflanzenarten erfolgte nach SCHMEIL & FITSCHEN (1976), die Benennung und Klassifizierung der Gesellschaften nach OBERDORFER (1983). Die Vegetationsaufnahmen wurden nach der Methode von BRAUN-BLANQUET (1964), ELLENBERG (1956), KNAPP (1971) und WILLMANNS (1973) erstellt.

Zur Bestimmung der Hülsenzahl pro Pflanze wurden aus jeder Population 60 Pflanzen willkürlich ausgewählt und die zur Zeit der Ernte gebildeten und mindestens zu 2/3 der Endgröße herangewachsenen Hülsen gezählt. Die Samenproduktion pro Pflanze wurde für 50 Pflanzen einer Population durch Auszählen der äußerlich intakten Samen ermittelt. Verkümmerte oder von Saatkäfern befallene Samen wurden bei diesen Werten nicht berücksichtigt. In 50 Pflanzen einer Population wurden jeweils 10 Hülsen gemessen. Das Tausend-

Korn-Gewicht wurde über Auswiegen von jeweils 10 Stichproben à 30 Samen (d. h. 300 Samen pro Fundort) ermittelt. Aus den Daten der Stichproben wurden die Mittelwerte bestimmt.

Zur biochemischen Untersuchung wurden die Einzelsamen nach Entfernen der Samenschale in einem Achatmörser zu einem sehr feinen Samenmehl zermörsert. Zu 10 mg Samenmehl wurden 200 µl 0,1 M Phosphatpuffer mit 0.005 M L-Cystein und 0.005 M Ascorbinsäure, pH 7.8, gegeben und für dreißig Minuten unter Schütteln extrahiert. Nach der Proteinextraktion wurde der Überstand mit den löslichen Proteinen durch eine Zentrifugation (10000 UPM bei 4 °C) vom Pellet getrennt und als Rohextrakt für die quantitative Proteinbestimmung sowie für die native Elektrophorese verwendet. Die quantitative Proteinbestimmung erfolgte nach der photometrischen Methode von BRADFORD (1976). Zur Untersuchung der Samenproteine im nativen Zustand wurde die basische Gelelektrophorese nach ALTLAND, HACKLER und KNOCHE (1980) durchgeführt. Die enzymatischen Farbnachweisreaktionen erfolgten leicht modifiziert nach TANKESLY und ORTON (1983).

Die Gelauswertung wurde z. T. mit Hilfe des Ultro-Scan-XL-Laser-Densitometers und des angeschlossenen Programmes „Gel-Scan-GSXL, Vers. 2.0“ durchgeführt.

Nummer der Aufnahme:	1	2
Aufnahmefläche (m^2):	6	10
Exposition:	NW	NW
Deckung (%):	85	95
Artenzahl:	19	17
Assoziations- und Verbandkennarten:		
Aegopodium podagraria	1	2
Ordnungs- und Klassenkennarten:		
Urtica dioica	2	2
Ranunculus repens	2	+
Rumex crispus	2	r
Geum urbanum	+	r
Lamium album	+	1
Galium aparine	+	+
Begleiter:		
Vicia sepium	1	1
Agropyron repens	+	1
Lolium perenne	+	1
Arrhenatherum elatius	+	+
Dactylis glomerata	+	+
Taraxacum officinale	+	+
Trifolium repens	+	+
Plantago major	+	r
Cirsium arvense	r	r
Anthriscus sylvestris	1	.
Heracleum sphondylium	+	.
Matricaria inodora	+	.
Potentilla erecta	.	+

Tabelle 1. Urtico-Aegopodietum TX. 1963.
Aufnahmeort: 1–2: Wachendorf (Bad Münstereifel).

3. Ergebnisse

3.1. Fundortbeschreibungen

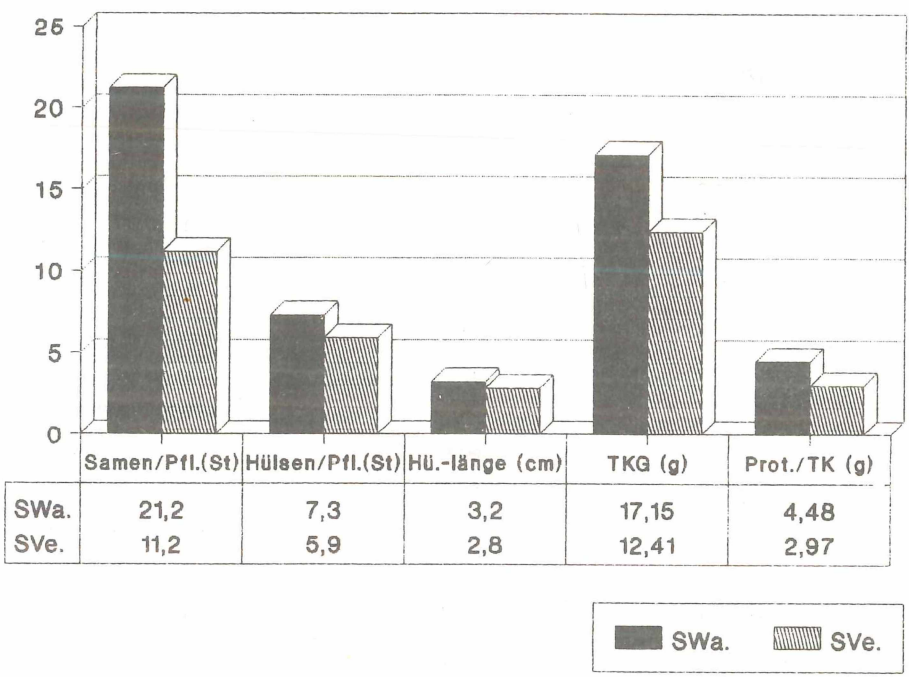
Am Fundort Wachendorf bei Bad Münstereifel, SWa, kommt *Vicia sepium* als Begleiter in einer stickstoffliebenden, längerlebenden Ruderalgesellschaft, einem Urtico-Aegopodietum (Brennessel-Giersch-Gesellschaft), vor. In Tabelle 1 sind einige Vegetationsaufnahmen dieser Gesellschaft aufgeführt.

Am Fundort Venusberg Bonn, SVe, in der Nähe der Anlagen des Sportwissenschaftlichen Institutes, kommt *Vicia sepium* ebenfalls als Begleiter vor. Die hier vorliegende Gesellschaft gehört in die Ordnung der Fagetalia sylvaticae, Pawl. 28 (frische Sommerwälder). Klassenkennart der Querco-Fagetea ist hier *Convallaria majalis*. Hier vorkommende Ordnungskennarten sind *Fagus sylvatica*, *Viola reichenbachiana*, *Epipactis helleborine*, *Arum maculatum*, *Mercurialis perennis*, *Polygonatum multiflorum*. Differentialart feuchter Fagetalia-Gesellschaften ist *Circaea lutetiana*. Weitere vorkommende Arten sind: *Avenella flexuosa*, *Galium pumilum*, *Galium harzynicum*, *Campanula rotundifolia*, *Rosa canina*, *Quercus petraea*, *Carpinus betulus*, *Hypericum maculatum*, *Impatiens noli-tangere*, *Sorbus aucuparia* u. a. m. *Vicia sepium* kommt hier mit einem Deckungsgrad von 1 vor.

3.2. Fundortvergleich anhand phänotypischer, quantitativer Merkmale

Die beiden *Vicia sepium*-Populationen weisen hinsichtlich quantitativer Merkmale deutliche Fundortunterschiede auf. In Abbildung 1 sind Mittelwerte für 5 Merkmale dargestellt.

Hinsichtlich der Samenproduktion pro Pflanze treten die größten Unterschiede auf. So liegt am Fundort SWa, wo *Vicia sepium* als Begleiter in einem Urtico-Aegopodietum vorkommt, die Samenproduktion fast doppelt so hoch wie am Fundort SVe, einer Laubwaldgesellschaft der Ordnung Fagetalia. In Bezug auf das Merkmal Hülsen pro Pflanze sind die Unterschiede weniger deutlich. Die Korrelation der beiden Merkmale ist u. a. auch deshalb geringer als angenommen werden könnte, da am Fundort SVe die Zahl der verküm-



	Samen/Pfl.(St)	Hülsen/Pfl.(St)	Hü.-länge (cm)	TKG (g)	Prot./TK (g)
SWa.	21,2	7,3	3,2	17,15	4,48
SVe.	11,2	5,9	2,8	12,41	2,97

Abbildung 1. Fundortvergleich zwischen *Vicia sepium*-Populationen anhand phänotypischer, quantitativer Merkmale.

merten oder von Saatkäfern befallenen Samen größer war. Bezüglich der Hülsenlängen tritt zwischen den beiden Fundorten eine Differenz von 0.4 cm auf. Das Tausend-Korn-Gewicht liegt in SWa ca. 5 g höher. Die Samen dieser Population sind deutlich größer. Die Proteingehalte der Samen verhalten sich ähnlich wie die der Samenproduktion. Am Fundort SWa ist er mit 4.48 g (in 1000 Samen) ca. 1.5 mal so hoch wie am Fundort SVe mit 2.97 g (in 1000 Samen). Die Fundorte unterscheiden sich demnach deutlich bezüglich dieser quantitativen Merkmale.

3.3. Fundortvergleich anhand von Isoenzymuntersuchungen

Folgende zehn Isoenzymnachweise wurden durchgeführt: Leucinaminopeptidase (LAP), Malic-Enzyme (ME), Glutamat-Dehydrogenase (GDH), unspezifische Aryl-Esterasen (EST), Diaphorase (DIA), Glucose-6-Phosphat-Dehydrogenase (GPDH), Malat-Dehydrogenase (MDH), Alkohol-Dehydrogenase (ADH), Glutamat-Oxalacetat-Transaminase (GOT) und Isocitrat-Dehydrogenase (IDH). Die Ergebnisse der LAP, des ME, der GDH, der EST, der DIA und der GPDH sollen im Folgenden dargestellt werden.

In Abb. 2 sind die acht LAP-Isoenzymmuster-Typen dargestellt, die in *Vicia sepium*-Populationen gefunden wurden (Polymorphismen). Hierbei besitzt jeder Typ eine oder zwei (Typ D und H) Banden.

In Abb. 3 ist die Häufigkeit des Vorkommens der verschiedenen Typen innerhalb einer Population als LAP-Isoenzymmusterfrequenz dargestellt.

Die Isoenzymmusterfrequenzen ergeben jeweils für die Gesamtpopulation den Wert 1. Am Fundort SWa findet man alle Isoenzymmustertypen, den höchsten Wert weist der Typ G auf. Am Fundort SVe hingegen konnten nur fünf Typen nachgewiesen werden. Die Typen E und H herrschen vor. Sie treten zusammen in 82.4% der Population auf. In ihr fehlt die Bande 1, die Banden 2 und 5 sind sehr selten.

Ein weiteres Enzymsystem, das auf eine geringere genetische Variabilität der Population am Fundort SVe hindeutet sind die Esterasen (Abb. 4).

Hierbei konnten auf dem Gel zwei verschiedene Aktivitätszonen unterschieden werden.

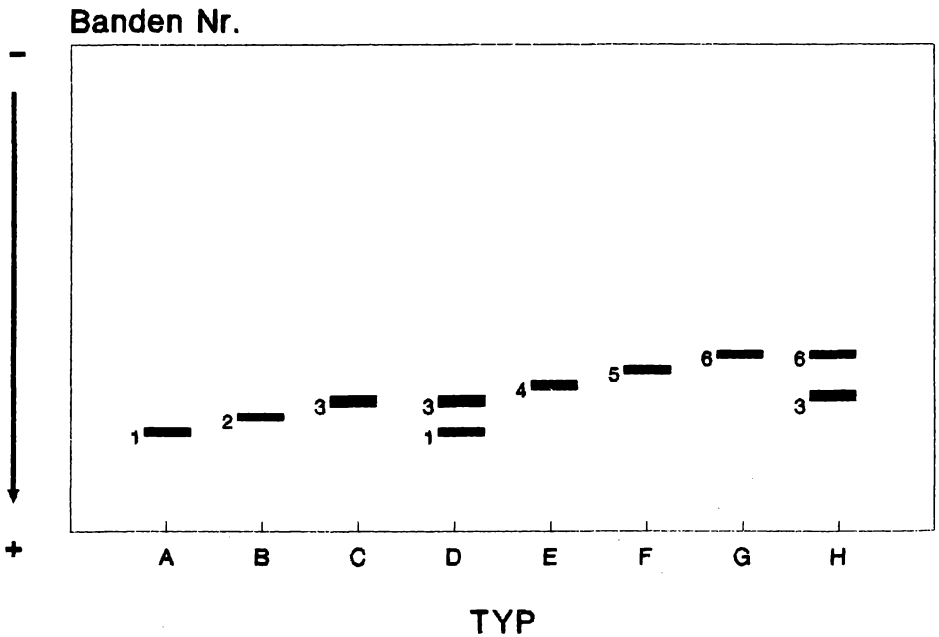


Abbildung 2. LAP-Isozymmuster-Typen in *Vicia sepium*-Populationen.

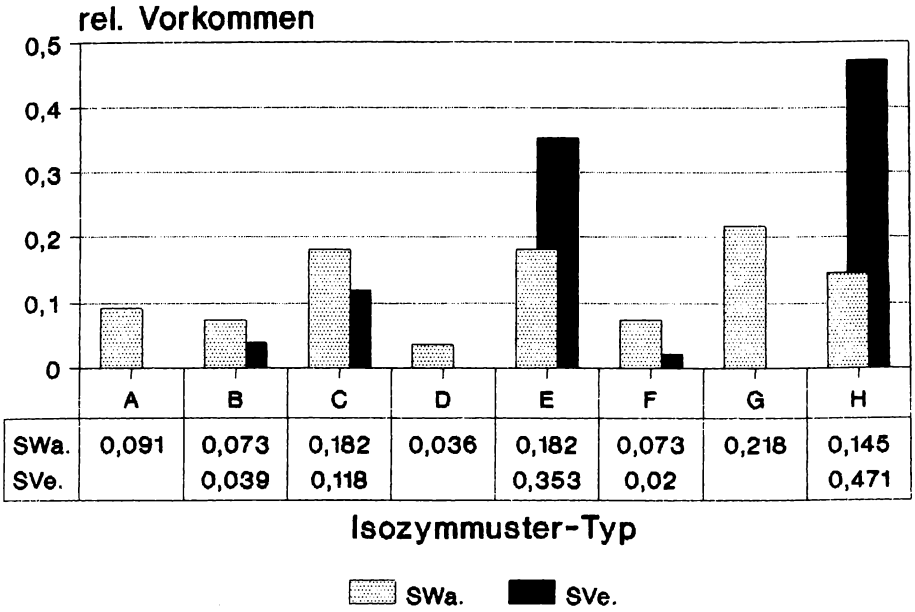


Abbildung 3. Isozymmusterfrequenz der LAP, Vergleich zwischen *Vicia sepium*-Populationen.

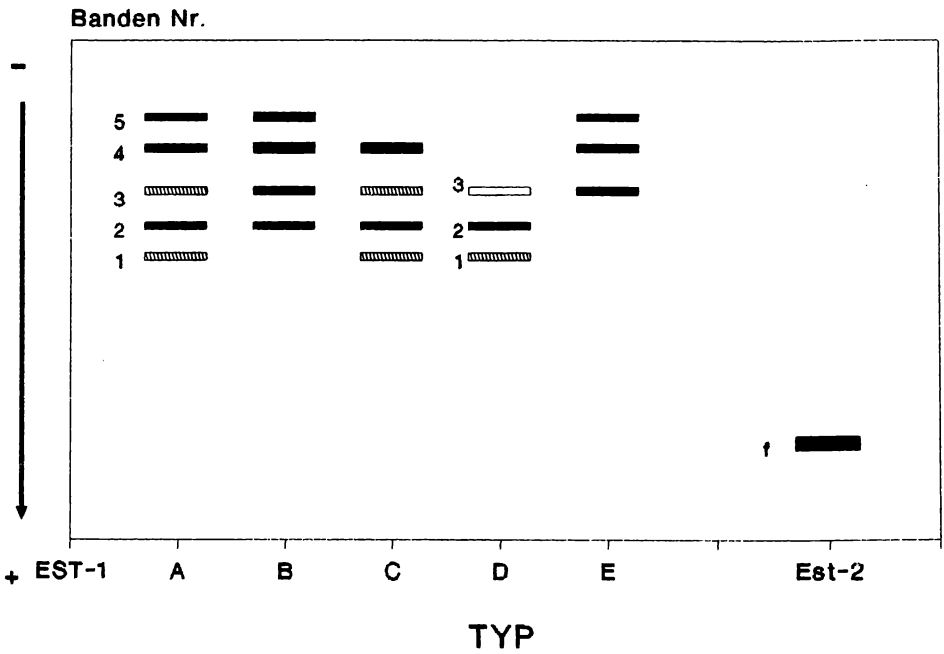


Abbildung 4. EST-Isozymmuster-Typen in *Vicia sepium*-Populationen.

Sie werden als Est-1 und Est-2 bezeichnet: die Zone in der Nähe der Kathode ist Est-1. Hier konnten fünf Isoenzymmustertypen (A bis E) mit maximal 5 und minimal 3 Banden in verschiedenen Kombinationen nachgewiesen werden. Die zweite, weiter zur Anode gelegene Aktivitätszone zeigte in allen untersuchten Samen die gleiche Bande (f = fast migrating).

In Abb. 5 sind die Isoenzymmusterfrequenzen der Est-1 im Vergleich der beiden *Vicia sepium*-Populationen dargestellt.

Die Population am Fundort SWa weist alle 5 Typen auf, während in der anderen Population der Typ D nicht auftritt. Die Bande 1 ist relativ selten. Gleichzeitig fällt das starke Hervortreten des Typs E in dieser Population auf, der in 52.7% der Individuen nachweisbar ist.

Der Glutamat-Dehydrogenase-Isoenzymnachweis ließ zwei verschiedene Typen erkennen (Abb. 6).

Jeder Typ besteht aus fünf verschiedenen Banden. Die beiden Isoenzymmustertypen unterscheiden sich dahingehend, daß die Banden des Typs A näher an der Kathode liegen, die des Typs B leicht zur Anode hin verschoben sind.

Abb. 7: Der Fundort SVe zeichnet sich durch eine besonders niedrige Frequenz des Typs A aus. 96.1% der Population besitzen das B-Muster. Am Fundort SWa ist ebenfalls der Typ B vorherrschend, doch ist das Verhältnis zueinander weniger deutlich ausgeprägt. Die Individuen mit dem GDH-A-Typ stellen ca. ein Drittel der Population dar, d. h. an diesem Fundort ist eine vergleichsweise größere Variabilität feststellbar.

Abb. 8: Das Enzymsystem des ME zeigt zwei verschiedene Banden. Eine davon liegt nahe der Kathode (S = slow migrating), die andere darunter (F = fast migrating). Es kommen auch Zymogramme mit beiden Banden vor. In diesem Fall ist ihre Intensität deutlich geringer.

Abb. 9: Vergleicht man die Isoenzymmusterfrequenzen in den beiden Populationen, so lassen sich wiederum fundortspezifische Frequenzen feststellen. Am Fundort SVe ist der Typ ME-b mit einer Frequenz von 0.565 etwa so häufig, wie der Typ ME-a am Fundort SWa. Das Verhältnis der beiden Mustertypen innerhalb der beiden Populationen ist entgegengesetzt. Der Typ ME-c ist am Fundort SVe höher.

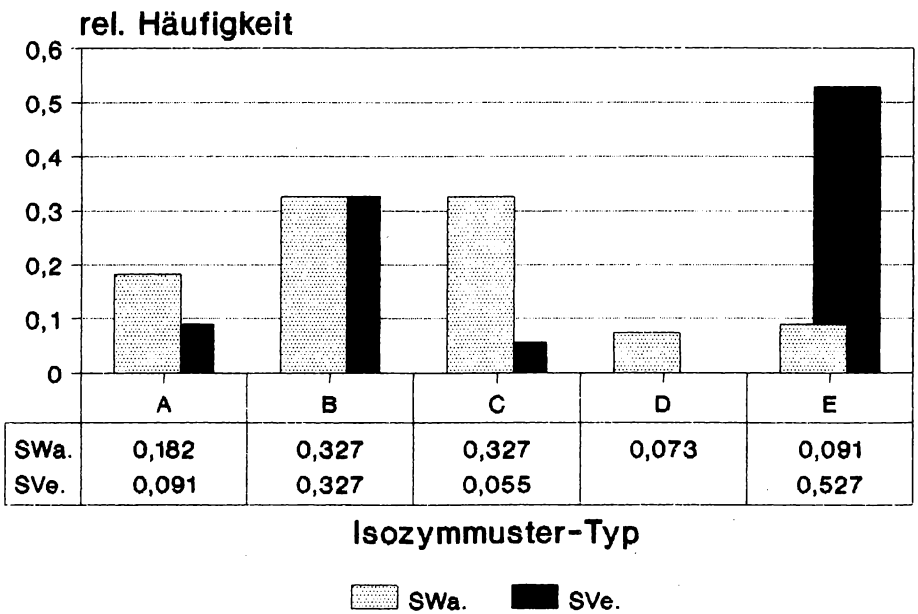


Abbildung 5. Isozymmusterfrequenz der EST-1 in zwei *Vicia sepium*-Populationen.

Es soll jedoch auch auf ein Enzymsystem hingewiesen werden, dessen Auftreten zu keinen fundortspezifischen Frequenzen führt: die Diaphorase (DIA). Es treten drei verschiedene Muster auf (DIA- , -B, -C).

Abb. 10: Sowohl am Fundort SWa als auch am Fundort SVe konnte der Typ C nicht nachgewiesen werden.

Abb. 11: Die Frequenzen der Typen A und B sind einander sehr ähnlich. Eine Ausnahme in den Isoenzymuntersuchungen stellt die Glucose-6-Phosphat-Dehydrogenase dar. Bei allen untersuchten Samenproteinen konnte nur eine Enzymbande gefunden werden, die keine Variationen in der Lage aufwies.

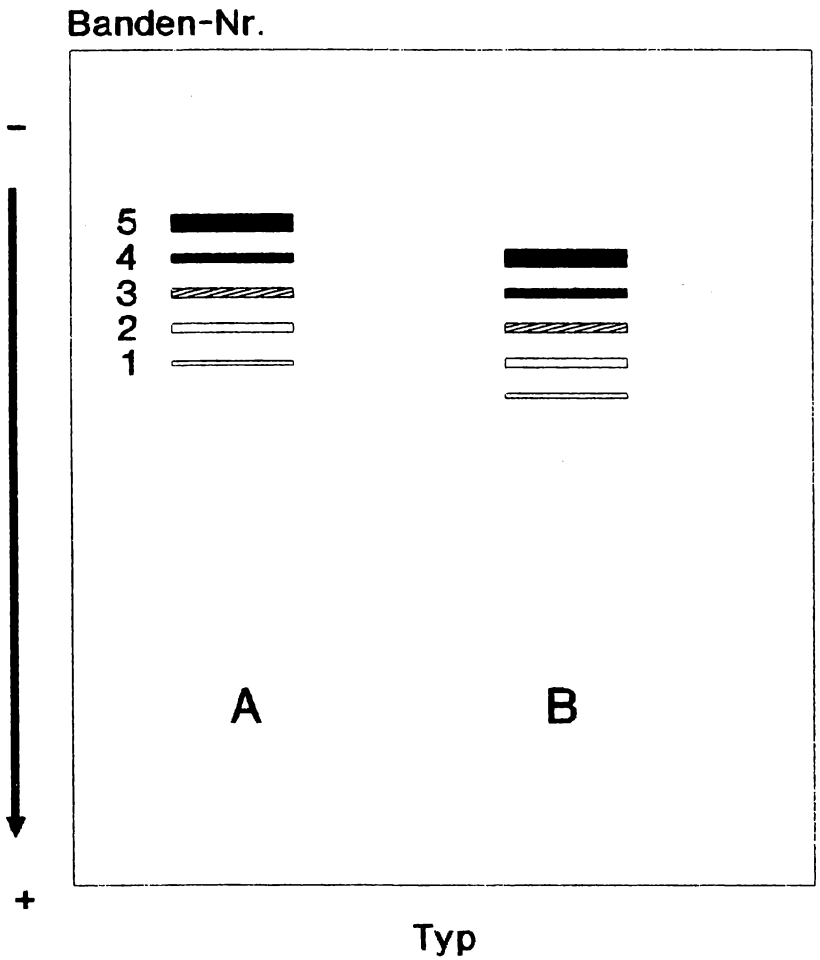


Abbildung 6. GDH-Isozymmustertypen in *Vicia sepium*-Populationen.

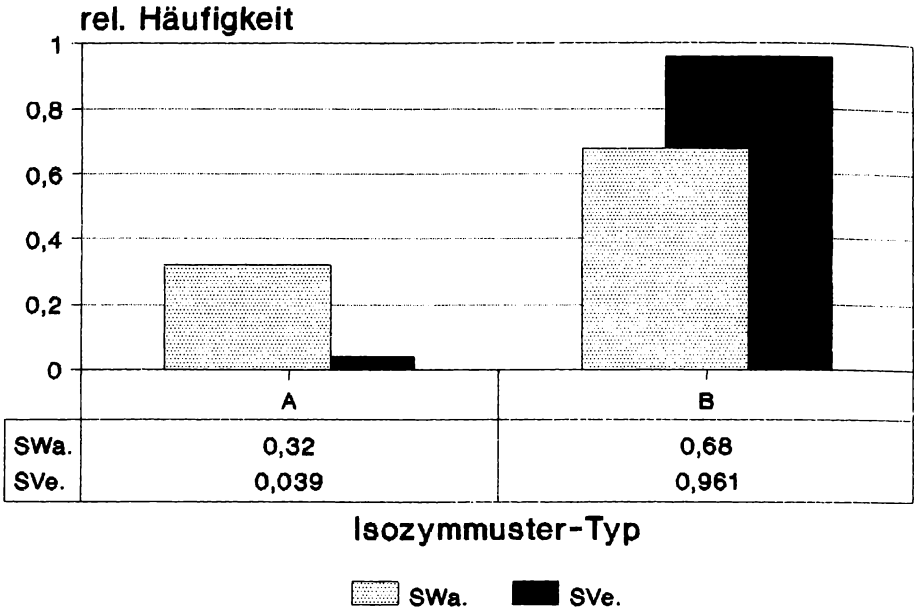


Abbildung 7. Isozymmusterfrequenz der GDH, Vergleich zwischen *Vicia sepium*-Populationen.

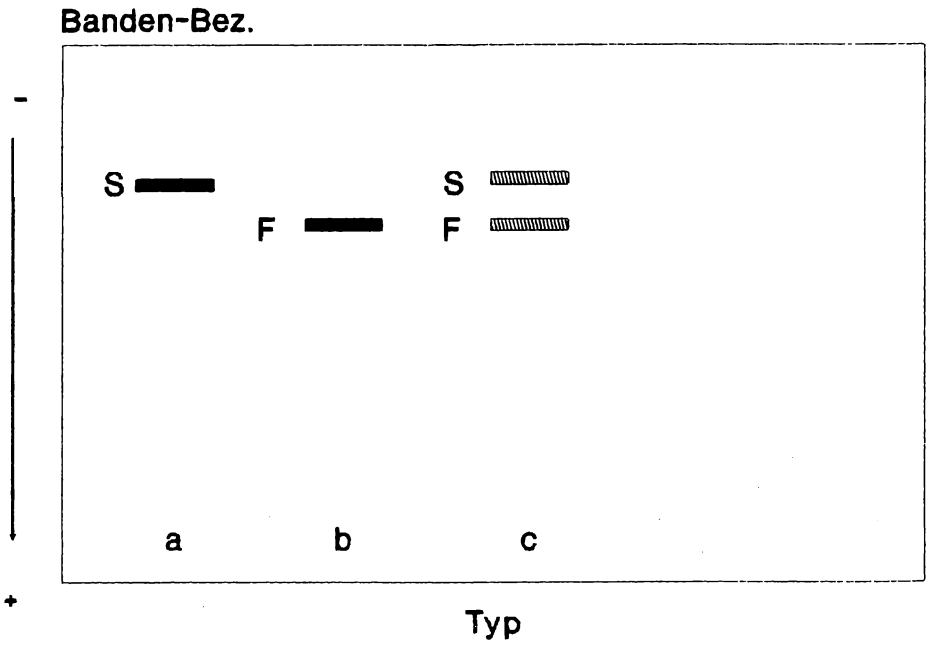


Abbildung 8. ME-Isozymmustertypen in *Vicia sepium*-Populationen.

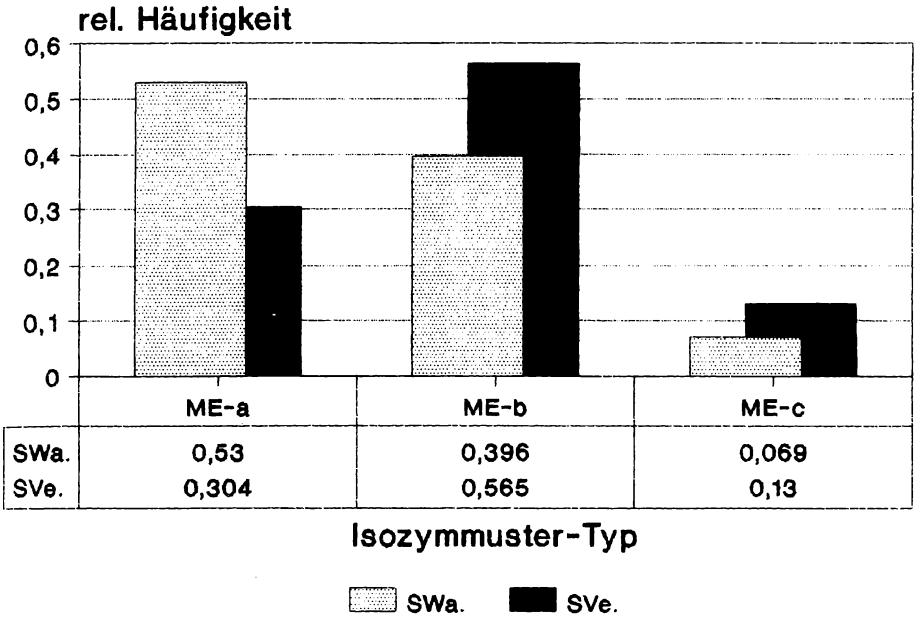


Abbildung 9. Isozymmusterfrequenz des ME, Vergleich zwischen *Vicia sepium*-Populationen.

4. Diskussion

Der Vergleich der beiden *Vicia sepium*-Populationen zeigt, daß mit den eingesetzten Methoden fundortspezifische Unterschiede erfaßt werden können. Die beiden Populationen unterscheiden sich sowohl hinsichtlich ihrer pflanzensoziologischen Umgebung als auch bezüglich phänotypischer morphologischer Merkmale sowie fast aller Isoenzymmusterfrequenzen.

Es muß allerdings auf einige Probleme hingewiesen werden, die sich bei Untersuchungen der erstgenannten quantitativen Merkmale ergeben. Bei der Befunderhebung für die Merkmale Hülse pro Pflanze bzw. Samen pro Pflanze tritt als Schwierigkeit auf, den Zeitpunkt ihrer Erfassung festzulegen. Während bei den Kulturleguminosen durch die Züchtungsarbeit die Merkmale Platzfestigkeit der Hülsen, kurze Blühperiode und damit verbunden eine definierte Erntezeit erreicht worden sind, besitzen die Wildleguminosen diese Merkmale nicht (LECHNER 1959). Die Blühzeit für *Vicia sepium* liegt zwischen April und September. An einer Einzelpflanze können somit gleichzeitig reife Hülsen sowie wachsende noch grüne Hülsen und Blüten gefunden werden. Um jedoch einen Vergleich bezüglich der genannten Merkmale ziehen zu können, war es notwendig, einen Erntezeitpunkt zu wählen, an dem maximal viele Hülsen reif und noch nicht geöffnet waren. Gezählt wurden die dann gebildeten und mindestens zu 2/3 der Endgröße herangewachsenen Hülsen. Bei der Bestimmung der Samenproduktion pro Pflanze trat bei *Vicia* die Schwierigkeit auf, daß die Hülsen gerade bei dieser Art wenig platzfest sind. Dieses Merkmal des frühzeitigen Aufspringens der Hülse hat sich auch als eine Hauptschwierigkeit bei der züchterischen Bearbeitung erwiesen (LECHNER 1959). Das Problem der Probenahme wurde durch eine Markierung der Pflanzen und durch mehrmaliges Ernten gelöst.

Nach OBERDORFER (1983) ist *Vicia sepium* ein Nährstoffzeiger. Sie ist eine ausdauernde Art, die Bodenausläufer treibt und bis über 100 cm tiefwurzelnd ist. Die Samenproduktion dieser Art ist, verglichen mit einjährigen *Vicia*-Arten, wie z. B. *Vicia hirsuta* (LEONARDS 1989), die bis zu 1000 Samen pro Pflanze bildet, sehr gering (vgl. Abb. 1). Es ist auffällig, daß die Samenproduktion von *Vicia sepium* in der Fagetalia-Gesellschaft um ca. 50% geringer ist als im Urtico-Aegopodietum des Fundortes SWa. Neben der an diesem

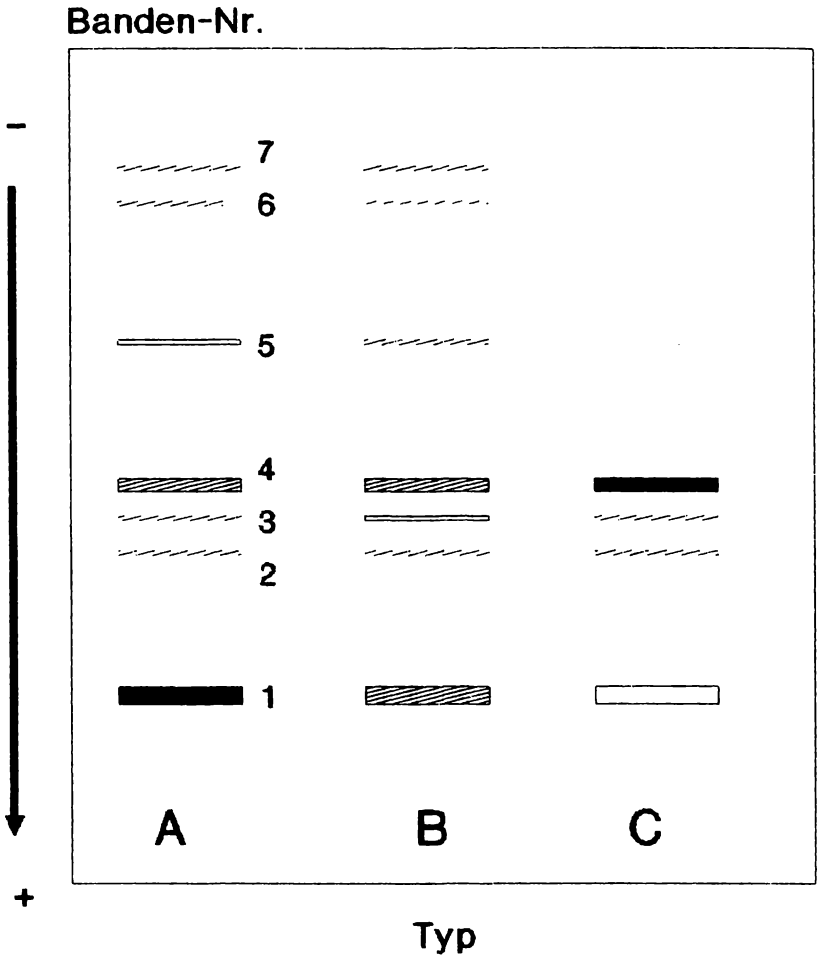


Abbildung 10. DIA-Isozymmuster-Typen in *Vicia sepium*-Populationen.

Fundort deutlich größeren Anzahl intakter Samen sind auch das Tausend-Korn-Gewicht und der Proteingehalt des Samens signifikant höher. Das läßt auf eine gute Nährstoffversorgung und geeignete Umweltbedingungen am Fundort SWa schließen.

Um eine gegenüber den phänotypischen Merkmalen, die eine durch Umweltfaktoren bedingte Variationsbreite innerhalb genetisch festgelegter Grenzen zeigen, präzisere Aussage zur genetischen Variabilität einer Population machen zu können, haben sich die Isoenzymmusterfrequenzen als Marker des Genoms als geeignet erwiesen. Isoenzyme sind oft benutzte Marker, an denen die genetische Variabilität in Pflanzenpopulationen aufgezeigt werden können (Klein 1986, Müller 1983). Die Entdeckung, sie als Indikatoren für die genetische Diversität in Pflanzenpopulationen zu verwenden, hat das Arbeitsfeld der experimentellen evolutionären Pflanzengenetik revolutioniert (Brown 1978). Isoenzymmarker haben phänotypischen Merkmalen gegenüber zahlreiche Vorteile, da die Allele kodominant und frei von epistatischen oder umweltbedingten Einflüssen exprimiert werden. Aus den Isoenzymmustern kann häufig eine Zuordnung zu bestimmten Genloci erfolgen. Daraus wiederum können Allelfrequenzen bestimmt werden. Da eine Absicherung einer solchen Zuordnung nur im Kreuzungsexperiment verifiziert werden kann, wurden bei der Untersuchung der Wildpopulationen die Isoenzymmusterfrequenzen bestimmt. Ein weiterer Vor-

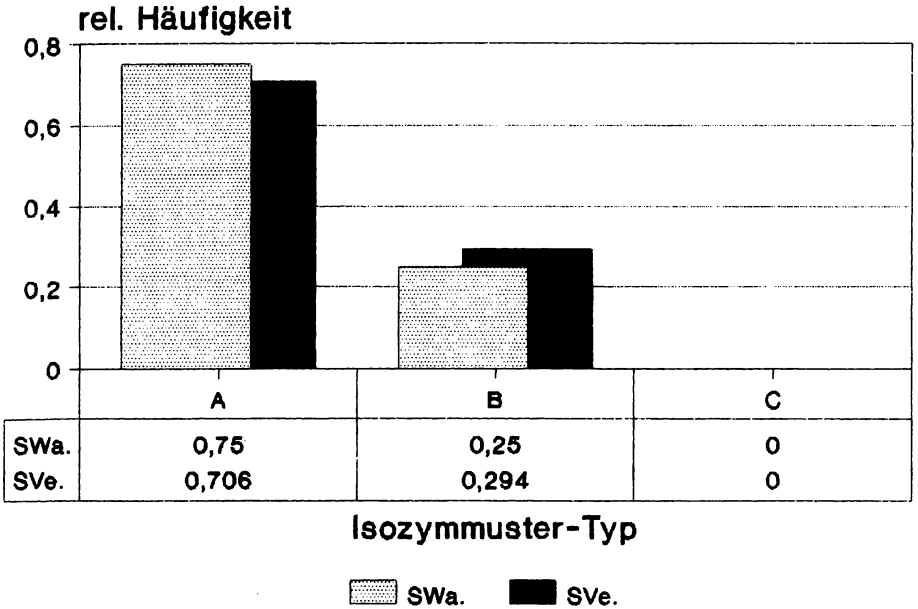


Abbildung 11. Isozymmusterfrequenz der DIA, Vergleich zwischen *Vicia sepium*-Populationen.

teil der Anwendung von Isoenzymmarkern liegt darin, daß relativ schnell große Zahlen von Pflanzen überprüft werden können und es bei den genannten Untersuchungsverfahren nur sehr geringer Mengen pflanzlichen Versuchmaterials bedarf. Isoenzymnachweise erfüllen im Vergleich zu anderen Methoden die meisten Kriterien, um als Marker des Genoms die genetische Variabilität zu erfassen.

Das Enzymsystem der Glucose-6-Phosphat-Dehydrogenase weist keine Variation auf und kann deshalb keine Aussagen zur fundortspezifischen genetischen Variabilität liefern. Die Isoenzymnachweise der LAP, der EST, der GDH zeigen eine deutlich stärkere genetische Variabilität innerhalb der *Vicia sepium*-Population am Fundort SWa, dem Urtico-Aegopodietum (vgl. Abb. 3, 5, 7). Hier konnte eine größere Anzahl verschiedener Isoenzymmuster festgestellt werden, die auch anteilsmäßig gleichmäßiger innerhalb der Population verteilt waren, als dies am Fundort SVe der Fall war. In der *Vicia sepium*-Population der Fagetalia-Gesellschaft zeigen z. B. bei der LAP und der Est-1 mehr als 50% der Individuen jeweils das gleiche Isoenzymmuster. Bei der GDH sind es sogar über 96%. Im Gegensatz dazu zeigen die Ergebnisse der ME-Isoenzymnachweise keine verminderte genetische Variabilität innerhalb der Population des Fundortes SVe, jedoch konnten fundortspezifische Isoenzymmusterfrequenzen nachgewiesen werden. Weitere Isoenzymnachweise in vier *Vicia tenuifolia*-Populationen zeigten ebenfalls fundortspezifische Isoenzymmusterfrequenzen und starke Unterschiede hinsichtlich der genetischen Variabilität einzelner Fundorte (Leonards 1989).

Die fundortspezifische Variabilität innerhalb einer Population läßt angesichts der Beziehung zwischen genetischer Variabilität und Fitneß Voraussagen über Anpassungs- und Entwicklungsmöglichkeiten einer Population zu. Kommt es durch verschiedene Selektionsfaktoren zu einer drastischen Verkleinerung der Populationsgröße, erhöht sich das Risiko des Zusammentreffens zweier rezessiver nachteiliger Kopien eines Gens, d. h. es kommt zu einer deutlichen Herabsetzung der Fitneß. Daneben geht die allele Vielfalt der Ausgangspopulation verloren, wenn eine Population über viele Generationen hinweg nur aus einer kleinen Zahl reproduzierender Individuen besteht (Loeschke 1988).

Es erscheint daher sinnvoll und notwendig, die genetische Variabilität, die eine unbedingte Voraussetzung für die Anpassung und die Entwicklung einer Population ist, zu unter-

suchen und populationsgenetische Aspekte bei der Planung und Durchführung von Arten- und Biotopschutzmaßnahmen zu berücksichtigen. Diese Überlegungen gelten auch für die Erhaltung genetischer Ressourcen. Ohne ein Wissen darüber, wie die genetische Diversität innerhalb und zwischen Populationen verteilt ist, wird es nicht möglich sein, ein Sammelprogramm durchzuführen, das einen substantiellen Teil der genetischen Variabilität der betreffenden Art erfaßt.

Literatur

ALTLAND, K., HACKLER, R. & KNOCHE, W. (1980): Double one- dimensional electrophoresis of human serum transferrin: a new high-resolution screening method for genetically determined variation. – Hum. Genet. **54**, 221–231.

BOULTER, D., THURMAN, D. A. & TURNER, B. L. (1966): The use of disc electrophoresis of plant proteines in systematics. – Taxon **15**, 135–142.

BRAUN-BLANQUET, J. (1964): Pflanzensoziologie. – Wien-New York.

BRADFORD, M. M. (1976): A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein using the principle of protein-dyebinding. – Anal. Biochem. **72**, 248–252.

BROWN, A. D. H. (1979): Enzyme polymorphism in plant populations. – Theor. Pop. Biol. **15**, 1–42.

BROWN, A. D. H. & MARSHALL, D. R. (1978): Isozymes, plant population genetics. – Theor. Appl. Genet. **52**, 145–157.

ELLENBERG, H. (1963): Vegetation Mitteleuropas mit den Alpen. – Stuttgart (Ulmer).

GEPTS, P. (1988): Phaseolin as an evolutionary marker. – In: GEPTS, P. (ed.): Genetic Resources of Phaseolus Beans, 215–244, Dordrecht-Boston-London (Kluwer Academic Publishers).

KLEIN, V. (1986): Beitrag zur Chemotaxonomie einheimischer Wildleguminosen. Decheniana (Bonn) **139**, 214–222.

KNAPP, R. (1971): Einführung in die Pflanzensoziologie. – Stuttgart.

LADIZINSKY, G. (1979): Species relationships in the genus *Lens* as indicated by seed protein electrophoresis. – Bot. Gaz. **140**, 449–451.

LECHNER, L. (1959): Wicken-(*Vicia*-)Arten. – In: Handbuch der Pflanzenzüchtung, Bd. 4, 52–95. Berlin-Hamburg.

LEONARDS, C. (1989): Inter- und intraspezifische genetische Variabilität in Wildpopulationen von sechs Arten der Gattung *Vicia*. – Diplomarbeit (Institut für Genetik, Abt. Biochemische Genetik, Universität Bonn), unveröffentlicht.

LOESCHKE, V. (1988): Populationsgenetik und Artenschutz. – Naturwiss. Rdsch. **41**, 310–314.

MÜLLER, H. P. (1980): Biochemische Darstellung und gelelektrophoretische Charakterisierung der Samenproteine von Leguminosen. – Göttinger Pflanzenzüchter-Seminar **4**, 105–116.

– (1983): The genetic control of seed protein production in legumes. – In: GOTTSCHALK, W. & MÜLLER, H. P. (eds): Seed Proteins. Den Haag (Nijhoff/Junk).

– (1987): Storage protein diversity among legumes and its significance for genotype identification. – 3rd Intern. Symp. Biochem. Identific. of Varieties (ISTA), Leningrad 1987.

OBERDORFER, E. (1983): Pflanzensoziologische Exkursionsflora. – 5. Aufl., 1051 S., Stuttgart (Ulmer).

SCHMEIL, O. & FITSCHEN, J. (1982): Flora von Deutschland und seinen angrenzenden Gebieten. – 87. Aufl. Heidelberg (Quelle & Meyer).

TANKESLY, S. D. & ORTON, T. J. (1983): Isozymes in plant genetics and breeding. Part A & B. – Amsterdam-Oxford-New York (Elsevier).

TÖPFER, K. (1988): Naturschutz in der Offensive. Vortrag beim 19. Deutschen Naturschutztag am 25. Mai 1988 in Berlin. – UMWELT 7, 272–276.

WILLMANNS, O. (1973): Ökologische Pflanzensoziologie. – Heidelberg.

Anschriften der Verfasser: Christiane Leonards, Mölleberg 6, D-5142 Hückelhoven 4; Prof. Dr. H. P. Müller, Institut für Genetik, Abt. Biochemische Genetik, Universität Bonn, Kirschallee 1, D-5300 Bonn 1.

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: Decheniana

Jahr/Year: 1990

Band/Volume: 143

Autor(en)/Author(s): Leonards Christiane, Müller Hermann P.

Artikel/Article: Populationsgenetik und Artenschutz — Untersuchungen zur genetischen Variabilität in Wildpopulationen der Gattung Vicia im Rheinland und in der Eifel 196-208