

Genetische Variation im Verbreitungsgebiet des Roten Hartriegels, *Cornus sanguinea* L.

BERNHARD GÖTZ und HEIKE LIESEBACH

Zusammenfassung

Der Rote Hartriegel ist ein europaweit verbreiteter Strauch, der im Landschaftsbau eine große Bedeutung erlangt hat. Die Verwendung gebietsheimischen Vermehrungsguts ist dabei unter dem Aspekt der Erhaltung der genetischen Vielfalt zunehmend von Bedeutung. Voraussetzung hierfür ist jedoch die Verfügbarkeit einer Methode, die zumindest eine großräumige Zuordnung von Vermehrungsgut zu einer Herkunftsregion zulässt. Eine Möglichkeit hierfür bieten genetische Untersuchungen zur Charakterisierung großräumiger genetischer Variation mit Hilfe sog. cpDNA-Haplotypen. In einem Gemeinschaftsprojekt des vTI, Institut für Forstgenetik, und dem Forstbotanischen Garten der Fachhochschule Eberswalde wurden 673 Individuen aus 86 Populationen im Verbreitungsgebiet des Roten Hartriegels genetisch charakterisiert. Insgesamt konnten 8 cpDNA-Haplotypen identifiziert werden, die zu 3 phylogenetischen Gruppen gehören. Es konnte jedoch keine Assoziation zwischen diesen 3 Gruppen und ihrem geographischen Vorkommen gefunden werden. Ein Haplotyp dominiert mit ca. 90 % im gesamten Verbreitungsgebiet, während die anderen 7 Haplotypen zusammen nur zu ca. 10% vorkommen. Damit erwies sich die genetische Variation des Hartriegels bei cpDNA-Haplotypen als wesentlich geringer als bei vielen anderen europäischen Gehölzarten. Trotz dieser geringen Variation konnte in einigen Populationen aus Deutschland ein Saatguttransfer aus anderen Regionen Europas nachgewiesen werden. Die vorgefundene genetische Struktur des Hartriegels in Europa im-

pliziert einen nur geringen Genfluss zwischen Populationen.

Abstract

The red dogwood (*Cornus sanguinea* L.) is a deciduous shrub of the temperate and Mediterranean zones in Europe. It is often used in landscape gardening for miscellaneous purposes. Chloroplast DNA markers, the so-called cpDNA haplotypes, are a very potential marker type to characterise the large scale variation pattern within the natural range of a species. In this study, a total of 86 populations and 673 individuals were sampled. Eight different haplotypes were detected. They are divided into 3 groups of related types. There is no association between these 3 groups and their geographic occurrence within the tested material. One haplotype strongly dominates in the whole distribution area. It takes nearly 90 percent whereas the remaining seven haplotypes together come to approx. 10 percent. Besides the low number of haplotypes the genetic variation is much lower in *Cornus sanguinea* compared to other European tree and shrub species. Despite the low level of variation, several cases of introduced populations could be detected. Other haplotypes than the common type are detected only in locally restricted areas. This finding indicates that after the colonisation of the European continent only a very restricted gene flow could have happened.

1 Einleitung

Seit dem Übereinkommen über die biologische Vielfalt (Biodiversitätskonvention, deutscher Text: <http://www.biodiv-chm.de/konvention/F1052472545>), verabschiedet 1992 auf der Umweltkonferenz der Vereinten Nationen in Rio de Janeiro, findet der Erhalt der biologischen Vielfalt und die nachhaltige Nutzung unserer genetischen Ressourcen besondere Beachtung. Genetische Vielfalt bei Pflanzen ist Voraussetzung für die Anpassungsfähigkeit an verschiedene Umweltbedingungen (Klima, Boden), beispielsweise bei der nacheiszeitlichen Rückwanderung von Pflanzen in Europa. Im Laufe der Wiederbesiedlung führte die Anpassung an unterschiedliche Standorte zu Unterschieden in der Physiologie und im Wuchsverhalten; dies manifestiert sich über Selektionsprozesse in genetischen Unterschieden. Bei Pflanzmaßnahmen in der freien Landschaft, beispielsweise bei Ausgleichsmaßnahmen oder Pflanzung von Hecken im Rahmen von Flurbereinigung oder an Straßenböschungen erscheint es daher folgerichtig, auf an den Standort angepasstes, gebietsheimisches Material aus regionalen Populationen zurückzugreifen. Für heimische Strauch- und Baumarten, die nicht dem Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) unterliegen, hat daher die Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Erhaltung forstlicher Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ 9 Herkunftsgebiete für Deutschland ausgewiesen, die ökologisch und vegetationskundlich hergeleitet wurden (<http://www.genres.de/fgr/regionale-gehoeelze.pdf>, KÄTZEL & HINRICHS 2005, LIESEBACH et al. 2007). Diese Herkunftsgebiete werden für Anpflanzungen in der freien Landschaft empfohlen. Ein praktisches Problem stellt jedoch der Herkunftsnachweis von Saat- und Pflanzgut dar, das in den Handel kommt. Da morphologische Merkmale nicht ausreichen, sind hierzu in einzelnen Bundesländern verschiedene Regelungen entwickelt worden, wie in Baden-Württemberg, Bayern und Brandenburg. Sie sehen die Ausweisung entsprechender Erntebestände vor, sowie die lückenlose Dokumentation von der Ernte des Saatgutes bis zur fertigen Pflanze. Eine Überprüfung an der Pflanze ist jedoch nicht möglich. Eine weitere Möglichkeit, die ebenso auf bereits gepflanzte Individuen anwendbar ist, bietet der Einsatz genetischer Analysen. Unabdingbare Voraussetzung für die regionale Zuordnung von Saat- oder

Pflanzgut einer Art ist hierbei die Kenntnis über die geographisch strukturierte genetische Variation im Verbreitungsgebiet dieser Art. Geographische Variationen können während der Eiszeit und der anschließenden Rückwanderung der Pflanzen und Wiederbesiedlung Europas entstanden sein. In der letzten Eiszeit konnten viele Gehölzarten nur in den Rückzugsgebieten im Süden Europas, auf der Iberischen Halbinsel, auf der Apenninhalbinsel und auf der Balkanhalbinsel überleben. Diese Populationen waren voneinander isoliert und oft sehr klein. Unter solchen Bedingungen konnten seltene genetische Varianten durch Zufallsprozesse über die Generationen hinweg verloren gehen und eine Vereinheitlichung stattfinden (genetische Drift). Wenn nun in den einzelnen voneinander isolierten Refugien diese Prozesse unterschiedlich erfolgten, so führte dies zu unterschiedlichen genetischen Strukturen. Diese Unterschiede blieben auch nach der Wiederbesiedlung der verschiedenen Teile Europas erhalten und können heute nachgewiesen werden. Dies geschieht mit sog. neutralen genetischen Markern, die keine Beziehung zu phänotypischen oder anpassungsrelevanten Merkmalen haben. Darüber hinaus können sich durch Anpassung an verschiedene Umweltbedingungen während der Wiederbesiedlung Europas innerhalb des Verbreitungsgebiets einer Art lokal unterschiedliche Selektionsrichtungen entwickeln. Damit verbundene genetische Unterschiede lassen sich mit sog. adaptiven Markern nachweisen.

Um großräumig geographische genetische Variationen aufzuzeigen, werden üblicherweise neutrale Marker aus den Chloroplasten ausgewählt. Genetische Information (DNA) befindet sich nicht nur im Zellkern, sondern auch in den Zellorganellen (Chloroplasten und Mitochondrien). Bei der sexuellen Reproduktion in einer Population werden die Erbanlagen des Zellkerns in jeder Generation neu gemischt, da jeder Nachkomme im Zellkern je zur Hälfte mütterliche und väterliche Anteile hat. Die DNA der Chloroplasten und Mitochondrien jedoch wird bei Angiospermen nur von der Mutter auf die Nachkommen vererbt. Da sie nicht der Rekombination unterliegen, ist ihre genetische Variation innerhalb von Populationen eher gering oder gar nicht vorhanden. Die molekulargenetischen Methoden sind inzwischen soweit entwickelt, dass aus einer Vielzahl von Markertypen im Zellkern

oder den Zellorganellen ein für die konkrete Fragestellung geeigneter Markertyp ausgewählt werden kann. Vor mehr als 10 Jahren wurde begonnen, mit Hilfe von Chloroplasten-DNA-Untersuchungen, teilweise in Kombination mit der Analyse fossiler Pollen, die Rückwanderungswege von Gehölzarten in Europa nach der Eiszeit zu rekonstruieren. Eindrucksvoll gelungene Beispiele dafür gibt es u. a. für Eiche (DUMOLIN-LAPEGUE et al. 1997; PETIT et al. 2002), Haselnuss (PALMÉ & VENDRAMIN 2002), Hainbuche (GRIVET & PETIT 2003) und Esche (HEUERTZ et al. 2004).

Derselbe methodische Ansatz wurde auch für die Untersuchung der genetischen Variation im Verbreitungsgebiet des Roten Hartriegels in einem Gemeinschaftsprojekt des vTI, Institut für Forstgenetik, Waldsievversdorf und des Forstbotanischen Gartens der Fachhochschule Eberswalde genutzt.

2 Material und Methoden

2.1 *Cornus sanguinea*

2.1.1 Morphologie

Cornus sanguinea L. zählt zur Familie der Cornaceae. Er hat auffällige 4-zählige, weiße, zwittrige Blüten mit einem Durchmesser von 10–12 mm (Abb. 1). Der Fruchtknoten ist 2-fächerig und unterständig (SITTE et al. 2002, SCHÜTT 1994, GODET 1997). Die Blüten sind zu endständigen, schirmförmigen Rispen angeordnet und reifen zu runden, 5–8 mm dicken, tief schwarzblauen Steinfrüchten mit weißlichen Punkten (Abb. 2) und glattem Steinkern (HEGI 1975, ROLOFF & BÄRTELS 2006). Charakteristisch sind seine jungen, auf der sonnenzugewandten Seite blutroten Triebe. Diese sind anliegend kurz behaart, unterseits sind sie grün bis olivbraun (Abb. 3). Ältere Zweige sind kahl. Der rote Hartriegel ist ein reich verzweigter Strauch (Abb. 5) von 4–5 m Höhe, in Ausnahmefällen werden baumförmige Exemplare bis 6 m Höhe und 50 cm Stammdurchmesser beschrieben (MORTON 1937). Die Zweige, Knospen und Blätter sind gegenständig, letztere breit elliptisch, zugespitzt, mit keilförmiger bis runder Blattspreitenbasis und 4–8 (10) cm lang. Die Blätter haben 3–4 charakteristisch gebogene Seitennervenpaare und sind im Herbst leuchtend rot (Abb. 2 u. 4). Un-

terseits sind sie abstehend kraus behaart und ohne Gabelhaare (OBERDORFER 1994, SCHMEIL & FITSCHEN 1996). Als eigene Unterart ausgewiesen ist der von SO-Europa bis zum Kaukasus vorkommende Südliche Blutrote Hartriegel *Cornus sanguinea* L. ssp. *australis* (C.A.MEY) JAV.; er ist zu unterscheiden durch blattunterseits einfache, nicht gekräuselte Haare und Gabelhaare; diese sind anliegend und parallel orientiert (SCHMIDT 2003, FISCHER et al. 2008, HARTWIG 1932). Eine Unterscheidung des gelegentlich vorkommenden Ungarischen Roten Hartriegel (ssp. *hungarica* (KÁRPÁTI) SOÓ) wurde nicht vorgenommen. Beide Unterarten sind von *Cornus sanguinea* nicht reproduktiv getrennt.

Der Rote Hartriegel ist auch im Winter leicht zu erkennen. Die Knospen sind 5–7 mm lang, schlank, eng anliegend, ohne Knospenschuppen (nackt). Die sie umgebenden späteren Laubblätter sind bräunlich filzig behaart (LANG & AAS 2008, SCHULZ 1999).

2.1.2 Verbreitung

Das natürliche Verbreitungsgebiet des Roten Hartriegels erstreckt sich fast über den gesamten europäischen Kontinent (Abb. 6). Im borealen Nordeuropa ist er nur in Südschweden und Südnorwegen zu finden. Er fehlt auf der nördlichen Krim, sowie auf der südlichen iberischen Halbinsel und den griechischen Inseln. Auf dem Peloponnes, Sardinien und im Norden Schottlands ist er mit Einzelfunden belegt. In Asien ist er im Kaukasus (ssp. *australis*) verbreitet sowie im Nordiran und im Norden der Türkei sowie in Einzelvorkommen in Syrien und im Libanon (BORSIG 1935, ERHARDT et al. 2000, FISCHER et al. 2008, HEGI 1975, ROLOFF & BÄRTELS 2006, MALY 1930).

Cornus sanguinea hat eine relativ breite ökologische Amplitude. Er bevorzugt frische bis mäßig trockene, nährstoff- und basenreiche Böden, gedeiht aber auch auf grund- und stauwasserbeeinflussten, gelegentlich überfluteten Böden im Auewald sowie auf sommertrockenen Standorten in Gesellschaft mit anderen wärmeliebenden Gehölzen (HERRE 1927, ELLENBERG 1996, HEGI 1975, HORVAT et al. 1974). Er ist verbreitet von der Ebene bis in mittlere Gebirgslagen. In den Alpen steigt er bis auf 1550 m ü. NN. Er ist häufig in Hecken, Waldrändern, Ufern sowie in lichten krautreichen Laubmischwäldern und Auenwäldern anzutreffen. Als bodenfestiger Pio-



Abb. 1: *Cornus sanguinea*: Vierzählige, weiße Blüten in endständigen schirmförmigen Rispen



Abb. 2: *Cornus sanguinea*: Tief schwarz-blaue, runde Steinfrüchte mit weißlichen Punkten



Abb. 3: *Cornus sanguinea*: Zweige auf der sonnenzugewandten Seite blutrot, unterseits grün bis olivbraun



Abb. 4: *Cornus sanguinea*: Blätter mit 3–4 gebogenen Seitennervenpaaren; Herbstfärbung leuchtend rot



Abb. 5: *Cornus sanguinea*: Reich verzweigter Strauch mit gegenständigen Blättern und Trieben.



Abb. 6: Natürliches Verbreitungsgebiet von *Cornus sanguinea* (einschl. ssp. *australis*). Karte nach MEUSEL et al. (1978), verändert

nier und Zierstrauch wird er vielfach gepflanzt. Der Rote Hartriegel lässt sich sowohl generativ als auch vegetativ (Wurzelschnittlinge) vermehren. Im Gelände neigt er zur Bildung von Wurzelausläufern und Absenkern (BÄRTELS 1996, WARDA 2001). In Abhängigkeit von den lokalen Bedingungen kann die generative oder die vegetative Vermehrungsform überwiegen (KRÜSI & DEBUSSCHE 1986).

2. 1.3 Untersuchungsgebiet

Unabhängig von der zu verwendenden Methode zum Herkunftsnachweis von Saat- oder Pflanzgut einer Gehölzart unbekannter Herkunft, muss zunächst immer eine Inventur an jeweils gebietsheimischen Pflanzen im gesamten Verbreitungsgebiet der zu untersuchenden Art durchgeführt werden, um eine fundierte Datenbasis für die regionale Zuordnung zu erstellen. Die Festlegung der Beerntungsregionen erfolgte hierbei unter Berücksichtigung geographischer und topographischer Gesichtspunkte. Dabei wurden insbesondere der Verlauf von Tälern und Flüssen als Ausbreitungswege und die Lage von Gebirgen als Ausbreitungshindernisse berücksichtigt. Insgesamt konnten 115 Hartriegel-Vorkommen in ganz Europa beerntet werden, 86 davon wurden eingehend untersucht. Schwerpunkte bei der

Materialeinsammlung waren dabei Deutschland, sowie die Länder der Balkanhalbinsel als potentielles Erntegebiet für in Deutschland verwendete Vermehrungsgut (Tabelle 1).

2.2 Methoden

2. 2.1 Materialbeschaffung

Die Auswahl geeigneter Bestände in den jeweiligen Beerntungsregionen war von besonderer Bedeutung für ein erfolgreiches Gelingen der beabsichtigten genetischen Inventur. Die Beerntung erfolgte daher nach Möglichkeit durch Fachkollegen aus den jeweiligen Beerntungsregionen. Durch deren Zugang zu bzw. Kenntnis von gebietspezifischen Informationen konnten mit hoher Wahrscheinlichkeit jeweils regionale gebietsheimische Gehölze beerntet werden.

In **Deutschland** werden von den forstlichen Versuchsanstalten der Länder bereits seit vielen Jahren im Zusammenhang mit dem Programm zur Erhaltung genetischer Ressourcen geeignete Bestände und Vorkommen bei Baum- und Straucharten ausgewiesen und dokumentiert (<http://www.genres.de/fgrdeu/blag/>). Diese bildeten die Grundlage für die Beerntung in Deutschland mit Unterstützung der zuständigen Mitarbeiter vor Ort.

Tab. 1. Anzahl der untersuchten Populationen und Individuen von *Cornus sanguinea* in 22 Ländern.

Land	Anzahl untersuchter Populationen	Anzahl untersuchter Individuen
Albanien	1	3
Bulgarien	2	19
Dänemark	1	4
Deutschland	28	226
Frankreich	5	31
Georgische Republik	3	14
Griechenland	1	5
Iran	1	9
Italien	6	62
Kosovo	1	11
Mazedonien	1	10
Moldawien	2	19
Österreich	7	50
Polen	2	18
Rumänien	5	41
Schweiz	2	13
Serbien	2	18
Slowenien	2	19
Slowakische Republik	5	36
Spanien	2	7
Tschechische Republik	3	28
Ungarn	4	30
Gesamt	86	673

Im **Ausland** erfolgte die Beerntung durch ausländische Fachkollegen botanischer oder verwandter Institute. Von besonderem Vorteil erwiesen sich hierbei die langjährigen Kontakte des Forstbotanischen Gartens Eberswalde zu ande-

ren botanischen Gärten, sowie der Austausch von Gastwissenschaftlern.

Ein Teil der Blattproben wurde von Individuen gewonnen, die im Forstbotanischen Garten **Eberswalde** aus Saatgut vom Naturstandort angezogen wurden. Das entsprechende Saatgut wurde von anderen botanischen Gärten nach Beerntung am „Wildstandort“ bereitgestellt.

Darüber hinaus wurden **eigene Beerntungen** im gesamten Verbreitungsgebiet durchgeführt, um Lücken zu schließen und damit ein vollständiges Bild zu erhalten.

Die Auswahl der Erntebestände vor Ort erfolgte nach folgenden Kriterien: ausreichende Entfernung zu Ansiedlungen; Vermeidung der Ernte in möglicherweise künstlich begründeten Beständen, wie Straßenbegleitgrün oder Entwässerungsgräben; Vorsicht bei Feldhecken; Vermeidung von gleichaltrigen Beständen; ferner sollte der Bestand ausreichend groß und eine ausreichende Anzahl an Individuen aufweisen; es sollten wenigstens 7, besser 10 Pflanzen beprobt werden, eine Beerntung unmittelbar benachbarter Pflanzen war aufgrund der Neigung zu Wurzelbrut zu vermeiden. Als günstig erwiesen sich Auewälder sowie Wald(innen)ränder. In den Auewäldern wurden wiederholt naturferne Kulturforsten angetroffen. Die begleitende Strauchschicht erwies sich jedoch stets als naturnahe Bestockung mit allen relevanten Begleitarten – stets auch mit *Cornus sanguinea*. Das Anpflanzen einer naturnahen, nahezu vollständigen begleitenden Strauchschicht in naturfernen Kulturforsten erschien als sehr unwahrscheinlich. So war davon auszugehen, dass in solchen naturfernen Forsten stets gebietsheimische Sträucher angetroffen wurden.

2.2.2 Genetische Untersuchungsmethoden

Die verwendeten Labor- und Auswertemethoden sind bei LIESEBACH & GÖTZ (2008) detailliert beschrieben und werden deshalb hier nur kurz zusammengefasst.

Als Material für die Untersuchungen dienten frisch geerntete Blattproben, die innerhalb von 5 Tagen bei $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ eingefroren oder bei $40\text{ }^{\circ}\text{C}$ getrocknet wurden. Die DNA-Extraktion erfolgte aus den eingefrorenen oder getrockneten Blättern bzw. Blattstielen nach einer Standardmethode (DUMOLIN et al. 1995), die sich bereits bei anderen Baumarten bewährt hatte. Um speziell beim Hartriegel vorhandene Variationen zu fin-

den, wurden zahlreiche Chloroplasten-DNA-Abschnitte getestet (GRIVET et al. 2001). Durch die Kombination der Variation von mehreren Abschnitten der Chloroplasten-DNA (Beispiele BB und HK in Abbildung 7) konnte der jewei-

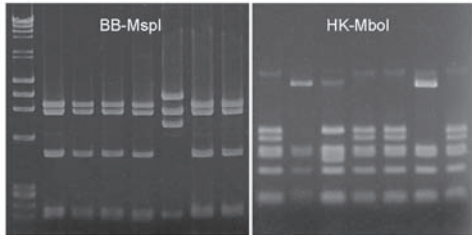


Abb. 7: Beispiele für unterschiedliche Längen von DNA-Fragmenten zur Identifizierung von cpDNA-Haplotypen von *Cornus sanguinea* (links: DNA-Längenstandard, daneben je 7 Proben)

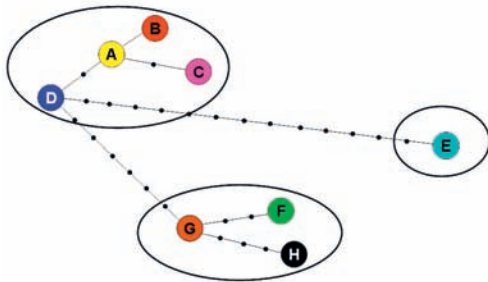


Abb. 8: Gruppierung der cpDNA-Haplotypen A bis H von *Cornus sanguinea* nach ihrer genetischen Verwandtschaft (Minimum Spanning Tree: der Abstand zwischen 2 Punkten entspricht einem Mutationsschritt bei den untersuchten cpDNA-Abschnitten)

lige cpDNA-Haplotyp identifiziert werden. Diese Kombinationen wurden auch zur Ermittlung des Verwandtschaftsgrads zwischen den Haplotypen eingesetzt, indem der paarweise genetische Abstand zwischen jeweils 2 Haplotypen als Maß für die Verwandtschaft verwendet wird (ROHLF 1973). Die Berechnung erfolgte mit der Software „Arlequin“ (EXCOFFIER et al. 2005). Dabei wird jeder einzelne Unterschied als 1 Mutationsschritt aufgefasst und in einem sog. Minimum Spanning Tree graphisch dargestellt.

3 Ergebnisse

Durch die Kombination der Variation von mehreren Abschnitten der Chloroplasten-DNA konnten anhand von 673 untersuchten Individuen aus 86 Populationen insgesamt 8 verschiedene cpDNA-Haplotypen identifiziert werden (Tabelle 2). Sie lassen sich entsprechend ihrer genetischen Verwandtschaft in 3 Gruppen gliedern (Abb. 8). Genetisch verwandte Haplotypen waren jedoch nicht geographisch miteinander assoziiert. Der Haplotyp A (gelb) ist im gesamten Untersuchungsgebiet vorhanden und dominiert mit ca. 90 % vor den restlichen 7 Haplotypen, die zusammen etwa 10 % ausmachen und in den meisten Fällen gemeinsam mit dem häufigen Haplotyp A vorkommen (Abb. 9, Tab. 2). Fünf dieser 7 seltenen Haplotypen kommen jeweils nur in einem Gebiet vor: Haplotyp B (rot) in einem slowakischen Vorkommen, Haplotyp C (rosa) in 2 benachbarten Vorkommen in der Tschechischen Republik, Haplotyp D (dunkelblau) in einer Population im Kaukasus, Haplotyp G (braun) in SW-Frankreich, sowie Haplotyp H (schwarz) in einem österreichischem Bestand.

Tab. 2. Häufigkeiten von 8 cpDNA-Haplotypen in 86 Populationen von *Cornus sanguinea* im Verbreitungsgebiet

Anzahl Populationen	Anzahl Individuen	cpDNA-Haplotypen (Anzahl)							
		A	B	C	D	E	F	G	H
71	546	546							
15	127	58	10	8	3	19	25	3	1
Summe	673								
%-Anteile	100	89,7	1,5	1,2	0,4	2,8	3,7	0,4	0,1

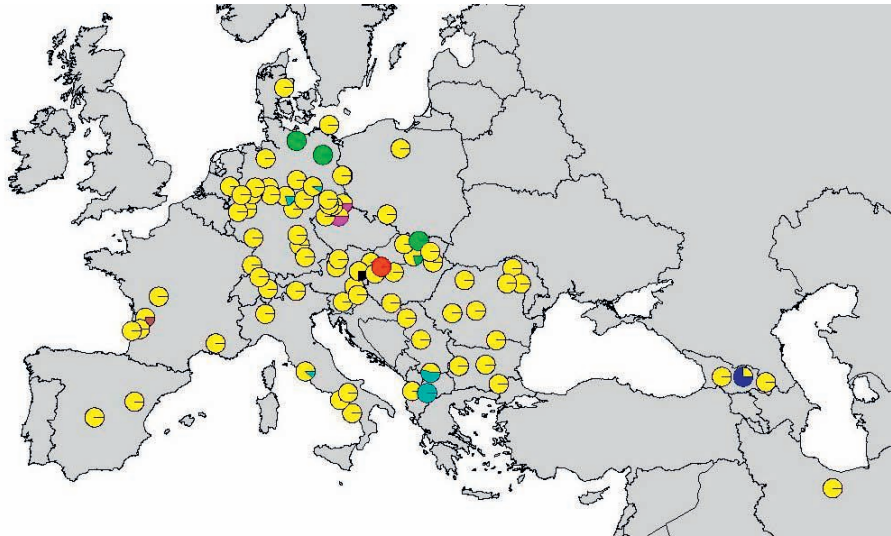


Abb. 9: Geographische Verteilung von 8 cpDNA-Haplotypen von *Cornus sanguinea*. Die dargestellten Kreise geben die Fundorte sowie die jeweilige Zusammensetzung der untersuchten Populationen an. Haplotyp A = gelb, B = rot, C = rosa, D = dunkelblau, E = hellblau, F = grün, G = braun, H = schwarz. (Abb. aus LIESEBACH & GÖTZ 2008, mit freundlicher Genehmigung durch J. D. Sauerländers Verlag Frankfurt am Main 2008)

Die anderen 2 der 7 seltenen Haplotypen schienen von diesem Muster abzuweichen. So trat Haplotyp E (hellblau) sowohl in 2 benachbarten Vorkommen in Mazedonien und im Kosovo auf, wie auch in 2 Populationen in Mitteldeutschland und einmal in Italien. Haplotyp F (grün) wurde für 2 benachbarte Populationen in der Slowakei, wie auch in 2 Vorkommen in Norddeutschland nachgewiesen.

Die 3 untersuchten Vorkommen im Kaukasus bestanden bei 2 Populationen vollständig aus dem im gesamten V erbreitungsgebiet häufigen Haplotyp A. Lediglich eine Population bestand zu $\frac{3}{4}$ aus dem nur dort vorkommenden Haplotyp D. Möglicherweise kommt dieser Haplotyp nur bei der ssp. *australis* vor und könnte dann zur Erkennung der Unterart beitragen. Hierzu sind weitere Untersuchungen im V erbreitungsgebiet der Unterart notwendig. Anders als Haplotyp E, sowie F, G und H ist er dem genetischen Verwandtschaftskreis um den häufigen Haplotyp A zuzuordnen. Zu diesem zählt auch die untersuchte Population im Nordiran, die nur aus dem Haplotyp A gebildet wurde.

4 Diskussion

In der Forstwirtschaft ist die Beachtung von Herkunftsgebieten bereits seit langem übliche Praxis (ROHMEDE 1972). Doch auch beim Anbau von Gehölzen in der freien Landschaft rückt die Verwendung gebietsheimischen Materials zunehmend in den Blickpunkt der Diskussion (SCHMIDT & KRAUSE 1997, SPETHMANN 1995a, KÄTZEL & HINRICHS 2005, LIESEBACH et al. 2007). Pflanzungen von Gehölzen in der freien Landschaft werden schon lange in beachtlichem Umfang durchgeführt (SPETHMANN 1995b). Neben der Erfüllung von technischen Funktionen (Hangbefestigung, Erosionsschutz, Lärm- und Sichtschutz) übernehmen diese Anpflanzungen auch eine Reihe ökologischer Funktionen (Verbindung von Landschaftselementen durch Korridore, Uferstreifen von Gewässern, Waldrandgestaltung). Darüber hinaus sind Landschaftsgehölzarten mit ihrer innerartlichen Variation auch bedeutende Elemente der Biodiversität. Untersuchungen zur genetischen Differenzierung bei Gehölzarten sind deshalb ein wichtiger Beitrag zur Gewinnung von Erkenntnissen und Schlussfolgerungen für das praktische Handeln. Die im Rahmen der vorliegenden Arbeit dargestellten

Ergebnisse weisen nur 8 verschiedene Haplotypen für *Cornus sanguinea* aus, wobei ein Haplotyp mit einer Häufigkeit von etwa 90 % in ganz Europa stark dominiert. Damit gehört der Rote Hartriegel unter den bisher untersuchten Gehölzarten zu denen mit der geringsten genetischen Variation bei der Chloroplasten-DNA (AGUINAGALDE et al. 2005; LIESEBACH et al. 2007). Aus der breiten geographischen Verteilung des dominierenden Haplotyps A lassen sich keine Schlussfolgerungen für die Intensität des genetischen Austauschs zwischen Gebieten ziehen, da er sich weder nachweisen noch ausschließen lässt. Das nur punktuelle Vorkommen der seltenen Haplotypen im Untersuchungsgebiet zeigt jedoch deutlich ein relativ geringes Ausbreitungspotential des Roten Hartriegels über Samen an. Darauf weist die relativ isolierte Stellung dieser Populationen zueinander hin. Eine Ausbreitung in umgebende Populationen findet kaum statt. Ähnlich geringer Genfluss wurde auch für *Cornus mas* festgestellt. Jedoch waren hier die Untersuchungen regional auf das Saaletal begrenzt (MÜLLER & WISSEMAN 2007) und sind daher nur bedingt vergleichbar. Als Nachweis für einen regen Austausch zwischen den Populationen müssten die seltenen Haplotypen in größeren Arealen sowie in mehreren Populationen zu finden sein. Dies war trotz des relativ dichten Stichprobennetzes nicht der Fall. Zwar wurden die beiden seltenen Haplotypen E und F in mehreren geographischen Regionen nachgewiesen, doch konnten in beiden Fällen zwischen den weit entfernt liegenden Populationen keine „Trittsteine“ nachgewiesen werden, wie dies bei einer natürlichen nacheiszeitlichen Rückwanderung bei Untersuchungen mit anderen Arten beobachtet wurde. Hier sind stets weitere Fundstellen des gleichen Haplotyps entlang der Rückwanderungsrouten belegt. Im vorliegenden Fall muss daher ein Transport von Saatgut oder Pflanzenmaterial angenommen werden. In welche Richtung der Transport stattgefunden hat, lässt sich aufgrund der vorhandenen Daten nicht belegen. Es muss jedoch vermutet werden, dass dieser Transport eher aus Südosten in Richtung Nordwesten stattgefunden hat, als umgekehrt. Diese Vermutung wurde mittlerweile durch Recherchen von VOTH (Landesamt für Forsten und Großschutzgebiete in Schwerin, Abteilung Forstplanung/Versuchswesen) bestätigt, die belegen, dass die beiden betreffenden Vorkommen

in Mecklenburg-Vorpommern in den 1960er Jahren mit Pflanzenmaterial aus der Slowakei begründet wurden. Die starke Dominanz des häufigen Haplotyps A ermöglichte eine regionale Zuordnung nur in Ausnahmefällen, wie der o. g. Saatguttransfer aus der Slowakei zeigt.

Ob sich gepflanztes Material aus eingeführtem Saatgut mit heimischen Populationen genetisch vermischt, hängt sicher von den lokalen Gegebenheiten, besonders von den Entfernungen ab, die von Insekten und Vögeln als Vektoren der Pollen und Samen überbrückt werden müssen. Um Vermischungen zwischen einheimischem und eingeführtem Material zu untersuchen, reichen Chloroplasten-Marker nicht aus. Hier müssten Marker aus dem Zellkern, die der sexuellen Rekombination unterliegen, zum Einsatz kommen.

5 Ausblick

Die Untersuchungen zeigen, dass es mit vertretbarem Aufwand möglich ist, auch in einem größeren geographischen Rahmen Erhebungen zur genetischen Variabilität von Gehölzarten durchzuführen. Ferner, dass sich die Methodik der Chloroplasten-DNA-Analyse technisch auf verschiedene Gehölzarten anpassen und durchführen lässt. Die Ergebnisse im vorliegenden Fall zeigen jedoch auch ihre Grenzen auf. Anders als beispielweise bei Esche (HEUERTZ et al. 2004) oder Haselnuss (PALMÉ & VENDRAMIN 2002), die eine deutlich strukturierte Verteilung von Chloroplasten-Haplotypen in Europa aufweisen, konnte dies bei *Cornus sanguinea* trotz ausreichender Stichprobenanzahl nicht nachgewiesen werden. Möglicherweise gibt es weniger Unterschiede zwischen den Regionen als bei anderen Arten. Darauf deuten auch Anbauversuche mit einzelnen Herkünften von *Cornus sanguinea* hin, die phänotypisch weniger Unterschiede als andere Straucharten im Landschaftsbau zeigen (HÖPPENER-FIDUS & PRIEBE 1994; MARZINI 2000; VOLLRATH 2006; JESCH & FRONIA, zitiert in STAHL 2006; METZNER et al. 2006). Noch fehlen jedoch systematische Herkunftsversuche mit repräsentativen Materialeinsammlungen. Solche Versuchsanbauten können Informationen über phänotypische und phänologische Merkmale geben. Sie belegen eine mögliche Eignung dieser Herkünfte in bestimmten Regionen, eine Information, die besonders vor dem Hintergrund ei-

nes Klimawandels von besonderer Bedeutung ist. Ein solcher Herkunftsversuch ist in Kooperation mehrerer Bundesländer und mit verschiedenen Straucharten in Vorbereitung.

6 Dank

Wir danken allen an der Materialsammlung Beteiligten für ihre Unterstützung bei dieser Studie: A. PROKO (Albanien), C. FRAISSL, J. GUTTENBERGER, F. KROIHER (Österreich), D. PILARSKA (Bulgarien), E. TEISSIER DU CROS (Frankreich), M. KERESLIDZE (Georgien), D. COGALNICEANU (Rumänien), L. BLASCÓ (Slowakei), J. R. KILCHENMANN, B. HERRERO (Spanien), O. HULDENRIEDER (Schweiz), G. AAS, M. LAUERER, R. BARON, W. KRAMER, K. MEINHARDT, E. MÜLLER, S. ROGALL, O. WEIGENAND, B. WITT, M. FORSTREUTHER, K. LAUTENSCHLAGER, H. WEISS, G. VON WÜHLISCH, ARNDT, H. P. SCHMITT, L. SCHULZE, R. TAMM, W. VOTH, REITUFF, C. WESSEL (Deutschland).

Unser Dank gilt außerdem der technischen Assistentin Frau Hannelore ENKISCH für die sorgfältige und engagierte Durchführung der Laborarbeiten.

Die Studie wurde vom Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz finanziell gefördert.

Literaturverzeichnis

- AGUINAGALDE, I.; HAMPE, A.; MOHANTY, A.; MARTIN, J.P.; DUMINIL, J.; PETIT, R. J., 2005: Effects of life-history traits and species distribution on genetic structure at maternally inherited markers in European trees and shrubs. *Journal of Biogeography* 32: 329–339.
- BÄRTELS, A., 1996: Gehölzvermehrung. 4. Aufl. Ulmer, Stuttgart.
- BORSIG, C. v., 1935: Dendrologisches aus Portugal. In: *Mitteilungen der Deutschen Dendrologischen Gesellschaft* 47.
- DUMOLIN, S.; DEMESURE, B.; PETIT, R. J., 1995: Inheritance of chloroplast and mitochondrial genomes in pedunculate oak investigated with an efficient PCR method. *Theor. Appl. Genet.* 91: 1253–1256.
- DUMOLIN-LAPEGUE, S.; DEMESURE, B.; FINESCHI, S.; CORRE, V. L.; PETIT, R. J., 1997: Phylogeographic Structure of White Oaks throughout the European Continent. *Genetics* 146: 1475–1487.
- ELLENBERG, H., 1996: *Vegetation Mitteleuropas mit den Alpen in ökologischer, dynamischer und historischer Sicht*. 5. Aufl. Ulmer, Stuttgart.
- ERHARDT, W.; GÖTZ, E.; BÖDEKER, N.; SEYBOLD, S., 2000: *Zander. Handwörterbuch der Pflanzennamen*. 16. Aufl. Ulmer, Stuttgart.
- EXCOFFIER, L.; LAVAL, G.; SCHNEIDER, S., 2005: *Arlequin 3.0 – An Integrated Software Package for Population Genetics Data Analysis*. URL: <http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin3>.
- FISCHER, M. A.; OSWALD, K.; ADLER, W., 2008: *Exkursionsflora für Österreich, Liechtenstein und Südtirol*. 3. Aufl. Land Oberösterreich, Biologiezentrum der Oberösterreich. Landesmuseen, Linz.
- GODET, J.-D., 1997: *Blüten einheimischer und wichtiger fremdländischer Baum- und Straucharten*. Godet Pflanzenführer. Naturbuch Verlag, Augsburg.
- GRIVET, D.; PETIT, R. J., 2003: Chloroplast DNA phylogeography of the hornbeam in Europe: Evidence for a bottleneck at the outset of postglacial colonization. *Conservation Genetics* 4, 47–56.
- GRIVET, D.; HEINZE, B.; VENDRAMIN, G. G.; PETIT, R. J., 2001: Genome walking with consensus primers: application to the large single copy region of chloroplast DNA. *Molecular Ecology Notes* 1, 4: 345–349.
- HARTWIG, K. G., 1932: *Cornus australis* C. A. Meyer. *Mitteilungen der Deutschen Dendrologischen Gesellschaft* 44.
- HEGI, G., 1975: *Illustrierte Flora von Mitteleuropa*. Bd. V, Teil 2. 2. Aufl. Parey, Berlin & Hamburg.
- HERRE, 1927: *Einwirkungen des Hochwassers auf Forstgehölze II*. *Mitteilungen der Dendrologischen Gesellschaft* 38.
- HEUERTZ, M.; FINESCHI, S.; ANZIDEI, M.; PASTORELLI, R.; SALVINI, D.; PAULE, L.; FRASCARIA-LACOSTE, N.; HARDY, O. J.; VEKEMANS, X.; VENDRAMIN, G. G., 2004: Chloroplast DNA variation and postglacial recolonization of common ash (*Fraxinus excelsior* L.) in Europe. *Molecular Ecology* 13: 3437–3452.
- HÖPPENER-FIDUS, B.; PRIEBE, M., 1994: *Herkunftsunterschiede heimischer Feldgehölze*. Fachbereich Gartenbau der Universität Hannover.
- HORVAT, I.; GLAVAC, V.; ELLENBERG, H., 1974: *Vegetation Südosteuropas*. In: TÜXEN, R. (Hrsg.): *Geobotanica selecta* Bd. IV. Fischer, Stuttgart.
- KÄTZEL, R.; HINRICHS, T., 2005: *Herkunftssicherung gebietsheimischer Sträucher in Brandenburg, ein Bestandteil des nationalen Konzeptes „Genetische Ressourcen für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten“*. Vortrag zur Tagung „Waldwirtschaft und biologische Vielfalt“ des Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft am 1. und 2. Juni 2005 in Bonn.
- KRÜSI, B. O.; DEBUSSCHE, M., 1986: *Reproductive strategies of Cornus sanguinea* L. in three contrasting habitats. *Veröff. Geobot. Inst. ET*. Zürich 87: 120–131.
- LANG, K. J.; AAS, G., 2008: *Knospen und andere Merkmale. Bildeter Bestimmungsschlüssel für Laubgehölze im Winterzustand*. Freising & Bayreuth.

- LIESEBACH, H.; GÖTZ, B., 2008: Low Chloroplast DNA Diversity in Red Dogwood (*Cornus sanguinea* L.). *Silvae Genetica* 57: 291–300.
- LIESEBACH, H.; SCHNECK, V.; KÄTZEL, R., 2007: Phänotypische und genetische Variation bei Landschaftsgehölzen – Ein Review und Beitrag zur aktuellen Diskussion über Herkunftsgebiete. *Naturschutz und Landschaftsplanung* 39: 297–303.
- MALY, K., 1930: Dendrologisches aus Illyrien. *Mitteilungen der Deutschen Dendrologischen Gesellschaft* 42.
- MARZINI, K., 2000: Verwendung von autochthonen Gehölzen in der Ingenieurbiologie. *Jahrb. Ges. Ingenieurbiol.* 9: 117–128.
- METZNER, K.; KOWARIK, I.; VON DER LIPPE, M., 2006: Anwuchserfolg, Wachstum und Phänologie gebiets-eigener und gebietsfremder Gehölze bei Heckenpflanzungen auf der Nauener Platte in Brandenburg. In: JESSELS, B.; SCHÖPS, A.; GALL, B.; SZARAMOWILCZ, M. (Hrsg.): Flächenpools in der Eingriffsregelung und regionales Landschaftswassermanagement als Beiträge zu einer integrierten Landschaftsentwicklung am Beispiel der Mittleren Havel. S. 367–381.
- MEUSEL, W.; JÄGER, E.; RAUSCHERT, S.; WEINERT, E., 1978: Vergleichende Chorologie der zentraleuropäischen Flora. Karten – Bd. 2. Fischer, Jena.
- MORTON, F., 1937: Seltsame Baum- und Strauchformen auf Cherso. *Hölzer im Kampfe mit Klima und Mensch*. *Mitteilungen der Deutschen Dendrologischen Gesellschaft* 49.
- MÜLLER, S.; WISSEMANN, V., 2007: Untersuchungen zur Kulturgeschichte und Populationsdifferenzierung der Kornelkirsche (*Cornus mas* L.) im mittleren Saaletal. *Mitteilungen der Deutschen Dendrologischen Gesellschaft* 92: 86–93.
- OBERDORFER, E., 1994: Pflanzensoziologische Exkursionsflora. 7. Aufl. Ulmer, Stuttgart.
- PETIT, R. J.; CSAIKI, U. M.; BORDÁCS, S.; BURGER, K.; COART, E.; COITRELL, J. E.; VAN DAM, B.; DEANS, J. D.; DOMOLIN-LAPEGUE, S.; FINESCHI, S., 2002: Chloroplast DNA variation in European white oaks: Phylogeography and patterns of diversity based on data from over 2600 populations. *Forest Ecology and Management* 156: 5–26.
- PALMÉ, A. E.; VENDRAMIN, G. G., 2002: Chloroplast DNA variation, postglacial recolonization and hybridization in hazel, *Corylus avellana*. *Molecular Ecology* 11: 1769–1779.
- ROLOFF, A.; BÄRTELS, A., 2006: Gehölze – Bestimmung, Herkunft und Lebensbereiche, Eigenschaften und Verwendung. 2. Aufl. Ulmer, Stuttgart.
- ROHLF, F.J., 1973. Algorithm 76. Hierarchical clustering using the minimum spanning tree. *The Computer Journal* 16: 93–95.
- ROHMEDER, E., 1972: Das Saatgut in der Forstwirtschaft. Parey, Hamburg und Berlin.
- SCHMEL, O.; FITSCHEN, J., 1996: Flora von Deutschland und angrenzender Länder. 90. Aufl. Quelle und Meyer, Wiesbaden.
- SCHMIDT, P. A., 2003: Bäume und Sträucher Kaukasiens. Teil 2: Laubgehölze der Familie *Aceraceae* (Ahorn-gewächse) bis *Cornaceae* (Hartriegelgewächse). *Mitteilungen der Deutschen Dendrologischen Gesellschaft* 88: 77–100.
- SCHMIDT, P. A.; KRAUSE, A., 1997: Zur Abgrenzung von Herkunftsgebieten bei Baumschulgehölzen für die freie Landschaft. *Natur und Landschaft* 72, 2: 92–95.
- SCHULZ, B., 1999: Gehölzbestimmung im Winter. Ulmer, Stuttgart.
- SCHÜTT, P., 1994: *Cornus sanguinea* LINNÉ, Roter Hartriegel. In: ROLOFF, A., WEISGERBER, H., LANG, U., STIMM, B., SCHÜTT, P. (Hrsg.): *Enzyklopädie der Holzgewächse*. Handbuch und Atlas der Dendrologie. Wiley-VCH, Weinheim.
- SITTE, P.; WEILER, E. W.; KADEREIT, J. W.; BRESINSKY, A.; KÖRNER, C., 2002: *Lehrbuch der Botanik für Hochschulen – begründet von E. Strasburger*, et al. 35. Aufl., Spektrum Akad. Verl., Heidelberg, Berlin.
- SPETHMANN, W., 1995a: Gefährdet Hybridisierung die Erhaltung von Baum- und Straucharten? In: *Forstliche Generhaltung und Naturschutz*. *Mitteilungen aus der NNA, Schneverdingen* 35/95.
- SPETHMANN, W., 1995b: In-situ/ex-situ-Erhaltung von heimischen Straucharten. *Schriften zu Genetischen Ressourcen*, ZADI, Bonn 1: 68–87. http://www.genres.de/infos/pdfs/bd01/01_09.pdf.
- STAHL, G., 2006: „Autochthon“ erschreckt die Baumschulwirtschaft. *Deutsche Baumschule* 58: 16–20.
- VOLLRATH, B. 2006: Autochthonie im Praxistest – vergleichende Untersuchungen bei Gehölzanzpflanzungen. In: *Forstliche Genressourcen als Produktionsfaktor*. Hrsg. BOHNENS, J., HESSEN-FORST. Forsteinrichtung, Information, Versuchswesen, Fachgebiete Nachkommenschaftsprüfung und Erhaltung forstlicher Genressourcen/ Forstgenetische Untersuchungen, Hann. Münden. S. 67–75.
- WARDA, H.-D., 2001: *Das große Buch der Garten- und Landschaftsgehölze*. Bruns, Bad Zwischenahn.
- <http://www.biodiv-ehm.de/konvention/F1052472545>
<http://www.genres.de/fgr/regionale-gehoelze.pdf>
<http://www.genres.de/fgrdeu/blog/>

Autoren:
 Dr. BERNHARD GÖTZ
 Fachhochschule Eberswalde,
 Forstbotanischer Garten
 Am Zainhammer 5,
 16225 Eberswalde

Dr. HEIKE LIESEBACH,
 Institut für Forstgenetik,
 Johann Heinrich von Thünen-Institut,
 Eberswalder Chaussee 3A,
 15377 Waldsiedersdorf