

Genetische Strukturen von Ulmenpopulationen und Wildobst in Auenwäldern

T. Gehle & D. Krabel

6.5 Zusammenfassung

Ziel der vorliegenden Arbeit war die Charakterisierung genetischer Variation und genetischer Differenzierung von Ulmen auf der Basis von Isoenzym- und RAPD-Genmarkern. Insgesamt 480 Feld-Ulmen (*Ulmus minor* Mill.) und 238 Flatter-Ulmen (*Ulmus laevis* PALLAS) aus der Hartholzaue an der mittleren Elbe bei Dessau, Sachsen-Anhalt, wurden mit Hilfe der Stärkegelelektrophorese an den sechs Isoenzymen MDH, IDH, 6-PGD, PGM, PGI und GOT untersucht. Vererbungsanalysen anhand von 11 Einzelbaumnachkommenschaften (N = 344) geben keinen Hinweis auf Widersprüche bei Interpretationen zur genetischen Kontrolle beobachteter Isoenzymvarianten. Aufgrund qualitativer, interspezifischer Unterschiede zwischen den Zymogrammen von Feld- und Flatter-Ulme lassen sich beide Arten mit der Methode der Stärkegelelektrophorese zweifelsfrei unterscheiden. Nach einem primer screening konnte die DNA von 62 Feld-Ulmen mit fünf ausgewählten Primern reproduzierbar amplifiziert werden. Im Vergleich zu ähnlichen genetischen Inventuren bei Fagaceen zeigen Feld- und Flatter-Ulmen eine hohe genetische Variation. Im Gegensatz zu Flatter-Ulmen konnte für die reliktschen Feldulmen-Gruppen ein zur geografischen Distanz analoges genetisches Differenzierungsmuster beobachtet werden. Feld-Ulmen vermehren sich vegetativ und scheinen obligate Fremdbefruchter zu sein. Flatter-Ulmen dagegen reproduzieren in hohem Maße generativ, jedoch mit einem vermutlich hohen Selbstungsanteil. Sowohl die Isoenzym-Genmarker als auch die RAPD-Marker bestätigen das Auftreten von genetisch identischen, benachbarten Feld-Ulmen innerhalb ihrer reliktschen Gruppen. Die Gründe für diese antagonistischen Reproduktionsstrategien der beiden nah verwandten Baumarten sind bislang noch unklar. Für bestimmte Variationsparameter, wie beispielsweise dem Heterozygotiegrad, darf eine genetische Disposition kronengeschädigter Ulmen und Ulmen mit dem Erreger der Holländischen Ulmenwelke (*Ophiostoma ulmi* [BUISM.] NANNF., *O. novo-ulmi* BRASIER) angenommen werden.

Eine Pilotstudie mit Isoenzym-Genmarkern zur genetischen Charakterisierung der beiden Steinobstarten Apfel (*Malus sylvestris* MILL.) und Birne (*Pyrus communis* L.) zeigte keine bewertbaren Unterschiede zu bekannten Vererbungsmodi ihrer Kulturformen. Die vorläufigen

Ergebnisse weisen ebenso wie bei Kulturformen auf einen polyploiden Ursprung der beiden Arten hin. Für die untersuchten Morphotypen der Birne konnte über sieben Isoenzym-Genorte sowohl eine sehr hohe genetische Variation als auch eine hohe genetische Differenzierung innerhalb der Stichprobe gemessen werden. Die Ergebnisse insgesamt lassen durchaus die Vermutung zu, dass es an der mittleren Elbe gar keine Äpfel und Birnen mehr ohne Kultur-einfluss gibt.

6.6 Summary

Genetic structures of elm populations and wild fruit from the flood-plains

The aim of the present study was to characterize genetic variation and genetic differentiation of elm on the basis of isoenzyme and RAPD gene markers. As many as 480 field elms (*Ulmus minor* MILL.) and 238 white elms (*Ulmus laevis* PALLAS) stocking in hardwood-floodplain relicts upon Elbe river middle reaches, Sachsen-Anhalt, Germany, were investigated by the means of horizontal starch gel electrophoresis using the six isoenzymes MDH, IDH, 6-PGD, PGM, PGI and GOT. Inheritance analysis of eleven single tree progenies (n = 344) did not reveal any contradiction to the interpretation of the observed isoenzyme phenotype variation. Due to qualitative, interspecific differences of the isoenzyme zymograms between field elm and white elm, starch gel electrophoresis allows to classify the samples into either species. After primer screening five which gave reproducible amplification products were selected to amplify the total DNA of field elm individuals. In comparison to similar genetic inventories on *Fagaceae* field elm and white elm appear to be characterized by an actual high level of genetic variation. Instead of white elms, for relict field elm stands a genetic differentiation pattern along geographic distances could be observed. Vegetative reproduction and out-crossing seem to be common for field elms, whereas white elms should reproduce in a increased generatively way but with a probably high level of inbreeding. Both isoenzyme marker and DNA marker support the hypothesis of the appearance of genetic identically adjacent field elms within different relict tree groups. Causes of the antagonistic ecological reproduction strategies between the both related species are unknown so far. Furthermore, for specific variation parameters of the observed genetic structure e. g. the degree of heterozygosity a genetic disposition of crown damaged elms and of elms infected with the Dutch Elm Disease (pathogene: *Ophiostoma ulmi* [BUISM.] NANNF., *O. novo-ulmi* BRASIER) can be assumed.

A pilot study of the two wild fruit species apple (*Malus sylvestris* MILL.) and pear (*Pyrus communis* L.) using isoenzyme gene markers show no remarkable differences to known inheritance patterns of cultivars. The provisional results indicate a polyploid origin of apple and pear genome, too. For the investigated types of pear over seven isoenzyme gene loci high levels of the proportion of heterozygosity as well as of the genetic differentiation within the sample were measured. Therefore, the absence of apple and pear types from the Elbe-flood-plains without culture influence is probable.