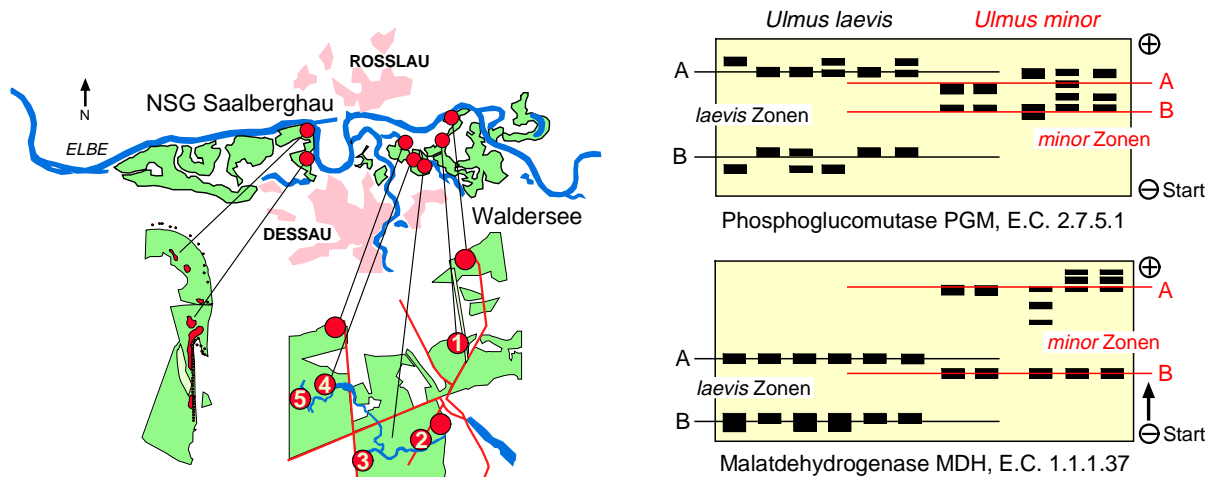


# Genetische Variation von Ulmenpopulationen

Thomas Gehle, Doris Krabel

## 1 Zielsetzung

Zentrale Aufgabe ist die genetische Charakterisierung von Ulmenpopulationen. Die Entwicklung und Bestimmung von molekularen **Genmarkern** auf der Basis von identifizierten Isoenzym-Genloci und von so genannten RFLPs (**restriction fragment length polymorphism**) oder RAPDs (**random amplified polymorphic DNA**) stehen dabei zunächst im Vordergrund. Untersuchungsobjekte sind Stoffwechsellenzyme und die DNS der Chloroplasten. Ziele der genetischen Untersuchungen sind neben einer klassischen genetischen Inventur die Quantifizierung genetischer Unterschiede zwischen Altulmen, ihrer Naturverjüngung und gepflanzten Ulmenbeständen ebenso wie ein Vergleich genetischer Strukturen von toleranten und sensitiven Ulmen gegenüber der Ulmenkrankheit (*Ophiostoma* sp.). Dazu sind bereits Standorte an der Elbe bekannt (Abb. 1). Es ist denkbar, dass sensitive Ulmen eine andere genetische Konstitution zeigen als nahezu ungeschädigte.



**Abb. 1.** Links: Bisher erfasste Ulmenvorkommen (rote Kreise) im Naturschutzgebiet Saalberghau und am Standort Waldersee bei Dessau. Kreise mit Zahlen zeigen Einzelvorkommen der Feldulme (*Ulmus minor*) aus dem Genressourcenkataster des Landes Sachsen-Anhalt. Rechts: Schematisch dargestellte Zymogramme der beiden Enzyme PGM und MDH aus Knospengewebe von sechs Flatterulmen und fünf Feldulmen. Die vermutlich artspezifischen Zonen A und B häufiger Elektromorphe sind entsprechend schwarz (Flatterulme) und rot (Feldulme) markiert. Die Flatterulmen stammen aus dem NSG Saalberghau, die Feldulmen aus den forstbotanischen Gärten Tharandt und Göttingen (Probe Nr. 3 u. 4) sowie aus dem NSG (Nr. 1 u. 2) und Waldersee (Nr. 5).

## 2 Material und Methoden

150 individuell markierte Altulmen (*Ulmus laevis*, *Ulmus minor*) von insgesamt sieben Einzelstandorten werden derzeit genetisch charakterisiert. Die Standorte der Ulmen in der unmittelbaren Umgebung von Dessau sind in Abb. 1 dargestellt. Mit Methoden der **Stärkegelelektrophorese** können derzeit die Elektromorphen von sechs Isoenzymen PGI (E.C. 5.3.1.9), PGM (E.C. 2.7.5.1), GOT (E.C. 2.6.1.1), IDH (E.C. 1.1.1.42), MDH (1.1.1.37) und 6-PGDH (E.C. 1.1.1.44) des Primärstoffwechsels beobachtet werden, deren genetische Basis über fünf verschiedene Einzelbaumabsaaten aus freier Abblüte erklärt wird (Genetische Analyse, Gillet und Hattemer 1989, Gillet 1997). Diese Isoenzyme werden bei Ulmen nach bisherigen Erkenntnissen kodominant exprimiert und sind ontogenetisch stabil.

### 3 Erste Ergebnisse und Ausblick

Die bisher beobachtete Anzahl von Elektromorphen der untersuchten Isoenzyme lässt für die beiden nach morphologischen Kriterien bestimmten Arten *Ulmus laevis* (Flutterulme) und *Ulmus minor* (Feldulme) eine ähnlich hohe genetische Variation wie die der Buchen (*Fagus* sp.) oder der Eichen (*Quercus* sp.) erwarten. Es gibt zudem erste Hinweise darauf, dass die Flutterulme von der Feldulme genetisch so stark differenziert ist wie beispielsweise Buchen von Eichen (Gehle 1999 a, b). Abb. 1 (rechts) zeigt am Beispiel der Bandenmuster von Elektromorphen (Zymogramm) der PGM und MDH die enormen Unterschiede ihrer isoelektrischen Auftrennung zwischen Enzymvarianten aus Gewebe von Flutter- und Feldulme. Die laufenden Untersuchungen werden zeigen, ob eine Artunterscheidung der Ulmenarten nach genetischen Kriterien möglich ist oder nicht, da an der Elbe auch mit Hybridschwärmen aus Flutter- und Bergulme (*Ulmus glabra*) zu rechnen ist. Sollte mit Hilfe von Genmarkern neben der Messung der genetischen Differenzierung erklärbar werden, welcher Zusammenhang zwischen Disposition der Ulmen für die Ulmenkrankheit und ihrer genetischen Variation besteht, lassen sich daraus neue Maßnahmen zur Förderung der Ulme ableiten. Insofern hat dieses Teilprojekt Schlüsselfunktion für die Kenntnis der Dynamik ulmenreicher Auenwaldkomplexe.

### Literatur

- Gehle, T. (1999a) Genetische Differenzierung der Eiche (*Quercus robur*) in Nordrhein-Westfalen. Allg. Forst- u. J.-Ztg. 170, S. 183-188
- Gehle, T. (1999b) Reproduktionssystem und genetische Differenzierung von Stieleichenpopulationen (*Quercus robur*) in Nordrhein-Westfalen. Göttinger Forstgenetische Berichte Bd. 24. Göttingen
- Gillet, E. (1997) Maximum likelihood estimators of the genetic contributions to single-plant progenies. Biometrics 53, 504-523
- Gillet, E., Hattemer, H.H. (1989) Genetic analysis of isoenzyme phenotypes using single tree progenies. Heredity 63, 135-141