

# Populationsgenetische Untersuchung des in Mitteleuropa endemischen Lothringer Leins (*Linum leonii*) - Projektskizze

Thomas Hahn & Thomas Becker

Pflanzenökologie, Philipps-Universität Marburg, Email: Hahn9@students.uni-marburg.de

## Zusammenfassung

Die populationsgenetische Struktur des in Mitteleuropa endemischen Lothringer Leins (*Linum leonii* F.W. Schultz) soll mit Hilfe von Isozym-Analysen untersucht werden. Ziel der Untersuchung sind Aussagen zum Grad der genetischen Differenzierung der Populationen, und zu möglichen Auswirkungen von Inzucht und genetischer Drift in kleinen Populationen. Die Ergebnisse sollen eine Grundlage für den Schutz von *Linum leonii* bilden, der allein in der Verantwortung von Deutschland und Frankreich liegt.



Abb. 1: Blüte und Habitus von *Linum leonii*. Beachte die Homostylie: Staubblätter und Griffel sind gleichlang.

## Der Lothringer Lein

1838 beschrieb F.W. Schultz einen kleinen, blaublühenden Lein, den sein Freund Léo bei Metz in Lothringen gefunden hatte, als neue Art, die er *Linum leonii* nannte. Diese Art gehört zusammen mit *L. austriacum* und *L. alpinum* zu einer Gruppe um *Linum perenne*. Im Gegensatz zu den anderen Arten der Gruppe ist *Linum leonii* jedoch selbstkompatibel: die Individuen können mit ihrem eigenen Pollen Samen ausbilden. Damit in Zusammenhang steht die Homostylie der Art (Abb. 1). Diese ist für *L. leonii* ein Bestimmungsmerkmal.

Das Areal von *Linum leonii* liegt in Frankreich und Deutschland mit einem Zentrum in den wärmebegünstigten Gebieten um Metz und Verdun (Abb. 2). In Deutschland wächst die Art in der Eifel, im Maingebiet, im südlichen Thüringer Becken, in Nordhessen, Südniedersachsen und im nordöstlichen Harzvorland. Das Areal der Art ist stark fragmentiert und die meisten Populationen sind stark isoliert.

Der Lothringer Lein wächst in Trocken- und Halbtrockenrasen in warmen Lagen auf kalkreichen, oft auffällig steinigen Böden. Einige Standorte sind weitgehend natürlich, z. B. die Hangkanten steiler Flusstäler in Frankreich (Abb. 3). Die meisten Standorte in Deutschland sind aber eher durch den Menschen entstanden. *Linum leonii* ist in Deutschland stark gefährdet und steht unter Naturschutz.

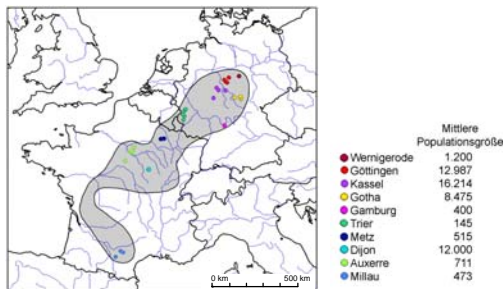


Abb. 2: Lage der untersuchten Populationen von *Linum leonii* innerhalb des Gesamtareals (graue Fläche).



Abb. 3: Lebensraum von *Linum leonii*; links: Halbtrockenrasen im NSG Dörnberg (Nordhessen); rechts: Trockenrasen bei Auxerre in Zentral-Frankreich.

## Methoden

Im Sommer 2005 wurden in 28 Populationen aus dem Gesamtareal Blattmaterial von je 30 Individuen entnommen und tiefgefroren. Im Herbst wurde mit den Isozymanalysen begonnen. Isozyme eignen sich für populationsgenetische Untersuchungen auf großräumiger Skala besonders gut und liefern Marker zur Abschätzung von Inzucht und genetischer Drift. Erste Ergebnisse zeigen, dass die Isozyme IDH und 6PGDH polymorph sind, d. h. verschiedene Allele repräsentieren (Abb. 4).

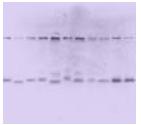


Abb. 4: Allelbanden des Isozyms IDH.

## Fragen der Arbeit

Die disjunkte Verbreitung von *Linum leonii*, und die Tatsache, dass die Populationen meist stark isoliert und klein sind, wirft mehrere Fragen auf:

### Wie kann das disjunkte Areal von *Linum leonii* erklärt werden?

Das heutige Areal von *Linum leonii* könnte der Rest eines früher größeren Areals sein, das z. B. durch Klimaveränderungen im frühen Holozän fragmentiert worden ist. Auch eine stattgefundene Fernausbreitung könnte das disjunkte Areal erklären.

### Unterscheiden sich die Teilareale und Populationen genetisch?

Eine Differenzierung der Teilareale und Populationen ist zu erwarten, wenn sie dauerhaft isoliert waren. In einem solchen Fall stellt sich die Frage nach der treibenden Kraft der Differenzierung. Wenn die Populationen dauerhaft oder kurzfristig klein waren, kann starke genetische Drift, im Extremfall auch Bottleneck-Effekte, eine Differenzierung der Populationen bewirken. In diesem Fall wäre keine Beziehung zwischen den paarweisen genetischen Distanzen und den geographischen Distanzen zwischen den Populationen zu erwarten (Abb. 5a).

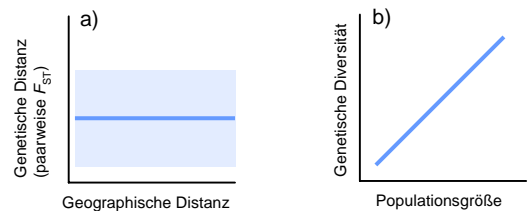


Abb. 5: Mögliche Zusammenhänge zwischen (a) der genetischen Distanz und der geographischen Distanz zwischen den Populationen, und (b) zwischen der Populationsgröße und der genetischen Diversität von *Linum leonii*. Die hellblaue Fläche kennzeichnet den Streubereich der Werte.

### Gibt es bei *Linum leonii* evolutionär signifikante Einheiten?

Wenn die Teilareale von *Linum leonii* eigene (private) Allele aufweisen, würden sie evolutionäre Einheiten (eE) bilden, die bei Schutzstrategien, z. B. der Wiedereinführung von Populationen, berücksichtigt werden müssten. Eine Vermischung des genetischen Materials verschiedener eE sollte vermieden werden.

### Sind kleine *Linum leonii*-Populationen genetisch verarmt?

Kleine Populationen könnten ihre genetische Diversität durch Inzucht und/oder genetische Drift verloren haben, wodurch ihr Evolutionspotential, z. B. die Möglichkeit der Anpassung an veränderte Umweltbedingungen, sowie die Fitness der Individuen vermindert sein kann. Im Fall einer genetischen Verarmung kleiner Populationen ist eine positive Beziehung zwischen der Populationsgröße und der genetischen Diversität zu erwarten (s. Abb. 5b). Es würde sich dann die Frage stellen, ob die (verminderte) genetische Diversität kleiner Populationen künstlich erhöht werden sollte, z. B. durch Zufuhr von Samen aus großen Populationen.