



Genetische Untersuchung zur Deutschen Tamariske in Tirol

28. November 2014

Auftraggeber

Amt der Tiroler Landesregierung
Abteilung Umweltschutz
Eduard-Wallnöfer-Platz 3
6020 Innsbruck

Bearbeitung

Andrea Wiedmer und Christoph Scheidegger

Kontakt: Prof. Dr. Christoph Scheidegger
Eidg. Forschungsanstalt WSL
Zürcherstrasse 111, 8903 Birmensdorf
Mail: christoph.scheidegger@wsl.ch
Telefon : +41 44 739 24 39

Zitiervorschlag: Scheidegger, C. & Wiedmer A. (2014). Genetische Untersuchung zur Deutschen Tamariske in Tirol. Birmensdorf: Eidg. Forschungsanstalt WSL.

Titelbild: *Myricaria germanica* an der Isel. Matrei in Osttirol 2014. Foto: Andrea Wiedmer

Zusammenfassung

Die Deutsche Tamariske (*Myricaria germanica*) ist eine charakteristische Auenpflanze alpiner und voralpiner Flüsse. Aufgrund von Lebensraumverlusten hat die Verbreitung der Art stark abgenommen (Wittmann und Rücker 2006), so dass sie heute europaweit als gefährdet angesehen wird. Im Isel Einzugsgebiet sowie am Lech befinden sich noch die grössten Vorkommen in Österreich (Kudrnovsky und Stöhr 2013). In der vorliegenden Arbeit wurden die populationsdynamischen Zusammenhänge von *M. germanica* im Einzugsgebiet der Isel untersucht. Des Weiteren wurden genetische Unterschiede von *M. germanica* zwischen den Vorkommen an der Isel, der Drau und am Lech aufgezeigt.

Für die Analyse wurde Blattmaterial von *M. germanica* von 21 Vorkommen in Osttirol, am Lech und an der Drau gesammelt. Die genetische Untersuchung erfolgte mittels 22 nukleären Mikrosatelliten. Ausgewertet wurden die Daten basierend auf der genetischen Diversität, der genetischen Differenzierung zwischen den Vorkommen und der genetischen Struktur aus einer bayesischen Analyse.

Aufgrund der Resultate dieser Untersuchung und dem Vergleich zu früheren Studien kann davon ausgegangen werden, dass es sich bei *M. germanica* im Einzugsgebiet der Isel um eine Metapopulation handelt. Die Vorkommen wiesen eine sehr komplexe genetische Struktur auf. Insgesamt konnten sieben Genpools in Osttirol unterschieden werden. Eine Barrierewirkung von Schluchten, welche den Genfluss von *M. germanica* potenziell einschränken könnten, konnte nicht festgestellt werden. Aus methodischen Gründen kann keine Aussage über die Wirkung des Geschiebesammlers auf den Genfluss von *M. germanica* gemacht werden. Die zwei untersuchten Vorkommen an der Oberen Drau wurden angepflanzt. Das dafür verwendete Genmaterial unterschied sich deutlich von jenem vom Isel Einzugsgebiet und dem Lech. Einzelne Hybride mit einem Isel-ähnlichen Genpool konnten jedoch nachgewiesen werden. Der Genpool am Lech unterschied sich ebenfalls deutlich von den Genpools im Isel Einzugsgebiet. Die Vorkommen wiesen zudem eine höhere genetische Diversität auf als jene in Osttirol.

Abstract

The German tamarisk (*Myricaria germanica*) is a characteristic riparian shrub growing along rivers of the Alps and pre-Alps. Habitat loss has led to a significant decline of the species distribution (Wittmann und Rücker 2006) and consequently the species is threatened according to national Red Lists throughout Europe. The largest populations of the plant in Austria are currently known from the Isel and its tributaries and Lech (Kudrnovsky und Stöhr 2013). In the present study the population dynamic relationships of *M. germanica* were investigated along the river basin of Isel. Further, the genetic differences between the Isel, Drau and Lech were analysed.

For the analyses leaf material of *M. germanica* from 21 localities was collected in East Tyrol, Lech and Drau. The genetic study was performed using 22 nuclear microsatellites. The data was analysed based on the genetic diversity, genetic differentiation between the catchments and the genetic structure based on Bayesian analyses.

Our results and comparison with other studies imply that *M. germanica* form a metapopulation at Isel and its tributaries. The catchments showed a complex genetic structure. We could distinguish seven different gene pools. A barrier effect of canyons, which could potentially restrict gene flow from *M. germanica*, could not be identified. A possible effect of sediment collectors on gene flow of *M. germanica* could not be studied because only a single sediment collector was included in the study. The two studied occurrences at the Upper Drau were reintroduced. The genetic material used for these reintroductions differed significantly from that of East Tyrol and the Lech. However, some introgressions from the river Isel and its tributaries could be detected. The gene pool from Lech showed a higher genetic diversity and was significantly different from the gene pool from Isel and its tributaries.

Dank

Für die fachliche Unterstützung und die gute Zusammenarbeit möchte ich mich bei Christoph Scheidegger, Bertil Krüsi und Regula Billeter bedanken.

Ich möchte mich zudem bei Carolina Cornejo für die gute Einführung in die Laborarbeiten und bei Sabine Brodbeck, Silke Werth und Daniela Csencsics für die hilfreichen Ratschläge und Hilfe bei den Laborarbeiten und der Datenauswertung bedanken.

Die Fragmentlängenanalyse erfolgte am ‚Genetic Diversity Centre‘ (GDC) der ETH Zürich mit Unterstützung von Aria Minder.

Die Finanzierung dieser Untersuchung erfolgte durch das Land Tirol im Rahmen eines Gutachtens der Tamariske im Einzugsgebiet der Isel.

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	7
1.1	Ausgangslage	7
1.2	Grundlagen	8
1.3	Untersuchungsgebiet	9
1.4	Zielsetzung	11
1.5	Fragestellungen	11
2	Material und Methoden	12
2.1	Sampling Design und Feldarbeit	12
2.2	Laboranalyse	13
2.3	Bestimmung der Allel Längen	15
2.4	Datenauswertung	17
3	Resultate	20
3.1	Genetische Diversität	20
3.2	Genetische Struktur	26
3.3	Genetische Differenzierung und historischer Genfluss	35
4	Diskussion	37
4.1	Methode	37
4.2	Genetische Diversität	37
4.3	Genetische Struktur	40
4.4	Genetische Differenzierung und historischer Genfluss	41
4.5	Schlussfolgerungen	43
4.6	Ausblick	46
5	Glossar (Auswahl)	47
6	Literaturverzeichnis	48
7	Abbildungs- und Tabellenverzeichnis	52
	Anhang	

1 Einleitung

1.1 Ausgangslage

Die Deutsche Tamariske *Myricaria germanica* (L.) DESV. ist eine Pionierpflanze der Auen alpiner und voralpiner Flüsse mit ausgeprägter Dynamik (Wittmann und Rücker 2006). Fehlen die ständigen Umlagerungsprozesse der Sand- und Kiesufer, wird *M. germanica* von anderen Ufergehölzen, die in Bezug auf Licht konkurrenzfähiger sind, verdrängt (Schletterer und Scheiber 2008). Noch vor wenigen Jahrzehnten war die Art von den Pyrenäen im Südwesten bis zur Mongolei im Osten verbreitet (Meusel *et al.* 1978). Durch flussbauliche Massnahmen (Uferverbauungen, Ufersicherungen, Flussbegradigungen und Kraftwerksbauten) gingen jedoch vielerorts die Lebensräume von *M. germanica* verloren, was dazu führte, dass ihre Vorkommen in Europa stark abgenommen haben (Wittmann und Rücker 2006). Aufgrund der negativen Bestandesentwicklung in den Alpenländern wurde der Art auf europäischer Ebene besonderer Schutzstatus zugeteilt (Schletterer und Scheiber 2008). Im europäischen Schutzgebietsnetz Natura 2000 ist der FFH-Lebensraumtyp 3230 „Alpine Flüsse mit Ufergehölzen von *Myricaria germanica*“ als zu erhaltender und zu schützender Lebensraum ausgewiesen (Richtlinie 92/43/EWG, 1992). In Tirol gehört *M. germanica* zu den „gänzlich geschützten“ Pflanzenarten (ATL 2006).

Die Isel ist einer von drei grossen alpinen Flüssen Europas, deren Gewässersystem noch weitgehend vom Menschen unbeeinflusst ist. Zurzeit ist die Isel energiewirtschaftlich ungenutzt. Die Hauptzubringerflüsse verfügen ebenfalls über eine relativ naturnahe Flussdynamik (Michor 1989). Im Gegensatz zu der Isel sind jedoch am Tauernbach, Schwarzach und Kalserbach Ausleitungskraftwerke in Betrieb. Wasserkraftwerke haben Auswirkungen auf die Hydrologie eines Flusses, sie führen zu anthropogen veränderten Abflüssen und verändertem Geschiebehaushalt, was sich wiederum auf die Lebensgemeinschaften am Flussufer und im Gewässer auswirkt (Schälchli *et al.* 2005). Im Einzugsgebiet der Isel ist *M. germanica* noch in zahlreichen Flussauen verbreitet. Laut Landmann (2013) stellen die Populationen an der Osttiroler Isel und ihren Zubringern (Tauernbach, Kalserbach und Schwarzach) die wichtigsten Vorkommen in den österreichischen Zentralalpen dar.

Da es sich bei *M. germanica* um eine namensgebende Art des FFH-Lebensraumtyps 3230 „Alpine Flüsse mit Ufergehölzen von *Myricaria germanica*“ handelt, sind für einen weiteren Ausbau der Wasserkraft im Einzugsgebiet der Isel Abklärungen bezüglich der Vernetzung und der genetischen Vielfalt der Populationen notwendig. Aus diesen Gründen entstand die vorliegende Untersuchung im Rahmen einer Forschungszusammenarbeit mit dem Land Tirol.

1.2 Grundlagen

Myricaria germanica ist ein 0.6 bis 2 (2.5) m hoher Strauch (Fischer *et. al.* 2008 in Lener (2011)), der selten älter als 10 bis 15 Jahre wird (Ellenberg und Leuschner 1996). Die Bestäubung erfolgt durch Insekten und bei ungünstigem Wetter ist auch Selbstbestäubung möglich (Hegi 1975). *Myricaria germanica* breitet sich über Samen (Anemochorie und Hydrochorie) sowie vegetativ über Sprosssteile (Bill *et al.* 1997, Staffler 1999) aus. Die Ausbreitung kann flussaufwärts als auch flussabwärts erfolgen (Werth und Scheidegger 2014). Für die erfolgreiche Etablierung auf Kiesbänken spielen die Substratbeschaffenheit, die Wasserversorgung sowie die Lichtverhältnisse eine entscheidend Rolle (Bill *et al.* 1997, Kammerer 2003). Gegenüber Weidenarten (*Salix sp.*) und der Grauerle (*Alnus incana*) ist *M. germanica* konkurrenzschwach (Wittmann und Rücker 2006). Aus diesem Grund ist *M. germanica* auf eine natürliche Flussdynamik angewiesen, welche die Neuschaffung von Pionierlebensräumen begünstigt.

Terrestrische und aquatische Organismen der Flusslandschaft lassen sich aufgrund unterschiedlicher Ausbreitungskapazitäten und mehr oder weniger spezifischer Habitatswahl, mit fünf verschiedenen Populationsmodellen beschreiben (Pollux *et al.* 2009, Tero *et al.* 2003). Bei einer Untersuchung von *M. germanica* in unterschiedlichen Regionen der Schweiz, konnten *M. germanica* Vorkommen in vier verschiedene Modelle eingeteilt werden (Werth *et al.* 2011). Es traten sowohl isolierte Populationen, zwischen denen kein Genfluss stattfand, auf als auch kontinuierliche Populationen, mit hohem Genfluss zwischen den Vorkommen. Weiter bildete *M. germanica* auch Metapopulation. Das Metapopulationsmodell tritt auf, wenn die Bestandesentwicklung von häufigem Erlöschen lokaler Bestände und von Populationsneugründungen geprägt ist (Hanski 1998, Hanski und Zhang 1993). Bei Arten welche sich hauptsächlich flussabwärts ausbreiten und Populationen flussaufwärts für die Besiedlung von neuen Standorten verantwortlich sind und andere vermehrt Migranten empfangen so spricht man von einem Metapopulationsmodell mit Quell- und Empfängerpopulationen (Pulliam und Danielson 1991). Genetische Strukturen innerhalb von Populationen können helfen Arten einem Populationsmodell zu zuordnen. Beispielsweise unterscheidet sich die Grösse der genetischen Differenzierung zwischen den Subpopulationen je nach Genfluss (Hedrick 2011).

Die Populationsgenetik befasst sich mit den genetischen Prozessen innerhalb einer Population (Hartl und Clark 2007). Mittels Mikrosatelliten ist es möglich solche Daten von Organismen zu erhalten. Ein Mikrosatellit ist eine kurze Basenabfolge im Genom welche sich aufgrund von Mutationen unterschiedlich häufig wiederholt. Anhand der Anzahl Wiederholungen der Basenabfolge können Individuen oder Populationen voneinander unterschieden werden (Hedrick 2011).

1.3 Untersuchungsgebiet

In der vorliegenden genetischen Untersuchung wurde der Schwerpunkt auf das Einzugsgebiet der Isel gelegt. Es wurden Vorkommen der *M. germanica* von drei Seitenzubringern (Tauernbach, Schwarzach und Kalserbach) und der Isel untersucht. Zusätzlich wurden Vorkommen an der Oberen Drau und zwei ihrer Seitenzubringer mit dem Isel Einzugsgebiet verglichen. Das Untersuchungsgebiet erstreckt sich über das ganze Osttirol und einen Teil der Oberen Drau in Kärnten (Abbildung 1). Als Referenzgewässer diente ein Gewässerabschnitt am Lech.

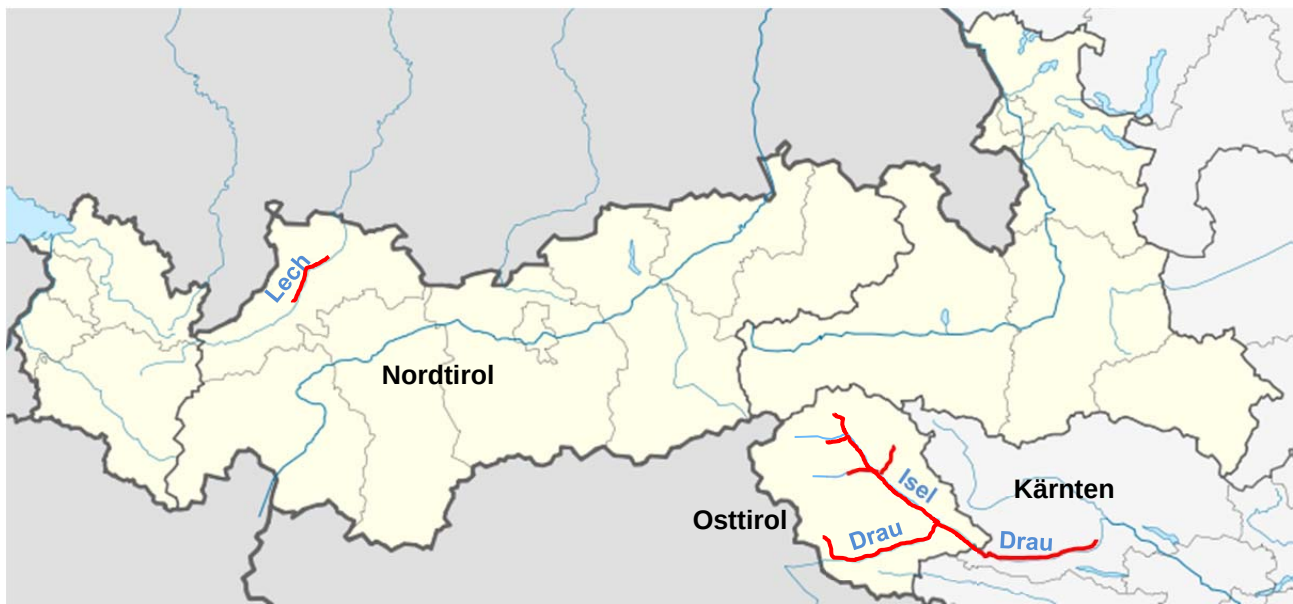


Abbildung 1 Karte vom Westen Österreichs. Die rot eingezeichneten Flussabschnitte zeigen das Untersuchungsgebiet. Quelle Karte: Rosso Robot (2009), modifiziert.

Die Isel und ihre Seitenzubringerbäche befinden sich im Zentralalpinen Tauernhauptkamm, welcher während der präglazialen Zeit und der anschliessenden Eiszeit geformt wurde. Bei Lienz, wo die Isel in die Drau mündet, umfasst sie ein Einzugsgebiet von 1200 km². Das Abflussverhalten der Isel und ihrer Zubringer ist stark durch das hochgelegene Einzugsgebiet charakterisiert. Das glaziale Abflussregime führt zu zwei hydrologischen Jahreszeiten, der Hochwasser- und Niederwasserzeit (Lienz und Michor 1989). Der Hochwasserstand im Sommer führt zu einem erhöhten Geschiebetransport, welcher Umlagerungsprozesse im Flussbett zur Folge hat (Retter, 2007). Die Isel ist einer der letzten alpinen Wildflüsse. Flussbauliche Veränderungen gibt es an Isel und Seitenzubringern in weiten Bereichen, der überwiegende Teil dürfte flussbaulich verändert sein. In den drei Seitenzubringern der Isel sind zudem Ausleitungskraftwerke in Betrieb.

An der Isel kommt *M. germanica* hauptsächlich zwischen Oberlienz und Huben in den weitläufig verzweigten Flussabschnitten vor. In eigenen Begehungen der Abt. UWS 2013 wurden an der Isel zerstreut Vorkommen mit wenigen Individuen bis Prägraten - Ströden festgestellt. Am Tauernbach

wurden zwei Vorkommen kartiert. Weitere Nachweise oberhalb dieser Bestände konnten in der Untersuchung von Egger *et al.* (2014) nicht erbracht werden. Entlang der Schwarzach kommen immer wieder lokale Bestände von *M. germanica* vor. Die meisten und flächenmässig grössten Bestände befinden sich am Kalserbach (Egger *et al.* 2014).

Die Drau entspringt am Neunerkofel im Pustertal in Südtirol. Das Abflussregime ist nivo-glazial geprägt (Habersack und Sereinig 2004). Während des 19. und 20. Jahrhunderts wurde die Drau begradigt und die Ufer gesichert (Schober 2006). Zehn Flusskilometer wurden daraufhin zwischen 1999 und 2003 im Rahmen eines LIFE-Projekts an der Oberen Drau revitalisiert und Auenlandschaften geschaffen (Mandler *et al.* 2003 in Lener (2011)).

An der Drau in Kärnten konnten 1993 keine Vorkommen von *M. germanica* mehr bestätigt werden (Petutschnig 1994). Die letzten natürlichen Vorkommen befanden sich 1993 am Flatnitzbach in den Gurktaler Alpen (Petutschnig 1994). Zwei Schottergruben dienten *M. germanica* 1993 als Sekundärstandorte. Eine lag bei Wunderstätten und eine im Greifenburger Badensee, welche nach wenigen Jahren durch Schotterabbau zerstört wurde (Petutschnig 2009). Um den Fortbestand von *M. germanica* zu sichern, wurden zwischen den Jahren 2000 und 2003 im Rahmen des LIFE-Projekts „Auenverbund Obere Drau“ bei Dellach, Feistritz/Berg, Greifenburg/Bruggen, Kleblach und Spittal Wiederansiedelungen durchgeführt. Das Pflanzenmaterial stammte aus der Wunderstätten Schottergrube (Kammerer 2009).

Der Villgratenbach gehört zum Einzugsgebiet der Oberen Drau und liegt in Osttirol. Er entspringt als Arntalbach in den Deferegger Alpen und mündet bei Panzendorf in die Drau. Im Unterlauf verläuft der Villgratenbach durch eine Schlucht. In diesem Abschnitt wird der Villgratenbach mittels Ausleitungskraftwerk energiewirtschaftlich genutzt. Am Villgratenbach ist nur noch ein Vorkommen von *M. germanica* bekannt (AdTLR 2013).

Das Lechtal befindet sich in der Hochgebirgslandschaft der Alpen und des nördlichen Alpenvorlandes. Die geomorphologische Talform entstand durch fluviale, fluvioglaziale und glaziale Prozesse (Bürger 1991). Das Wasserregime ist pluvial und nival geprägt (Fink *et al.* 2000). Innerhalb des Untersuchungsgebietes zwischen Häselgehr und Weissenbach am Lech fliesst der Lech zu einem grossen Teil frei. Der Geschiebetransport ist weitgehend unbeeinflusst. Es befinden sich keine Wasserkraftwerke in diesem Streckenabschnitt.

Am Lech sowie an seinen Seitenzubringern gibt es nach der Verbreitungskarte von Kudrnovsky und Stöhr (2013) noch neun Vorkommen von *M. germanica*.

1.4 Zielsetzung

Ziel dieser Arbeit war es, mittels genetischer Analyse von Pflanzenmaterial die populationsdynamischen Zusammenhänge der Teilpopulationen von *M. germanica* an der Isel mit den Teilpopulationen in ihren Hauptzubringern zu beurteilen, sowie natürliche und anthropogene Barrieren zu erkennen. Des Weiteren werden die Vorkommen von *M. germanica* an der Isel und ihren Zubringern mit den Vorkommen an der Oberen Drau und dem Lech verglichen.

1.5 Fragestellungen

Nachfolgend sind die im Auftrag des Land Tirols zu beantwortenden Fragen vollständig aufgeführt:

1. Gibt es bekannte Unterschiede zu den Vorkommen der Deutschen Tamariske am Tiroler Lech und stellen die Vorkommen an der Isel und Seitenbäche getrennte Population zu jenen am Tiroler Lech dar?
2. a) Stammen die Bestände der Tamariske an der Oberen Drau in Kärnten von den Tamariskenbeständen an der Isel mit Seitzubringern ab?
b) Gibt es natürliche oder anthropogen verursachte („genetisch wirksame“) Barrieren (wenn ja welche?), welche die Bestände der Tamariske an der Isel mit Seitzubringern von den Teilpopulationen an der Drau in Kärnten trennen?
3. a) Wie sind die populationsdynamischen Zusammenhänge der Teilpopulation der Deutschen Tamariske an der Isel in Osttirol mit den Teilpopulationen an ihren Seitzubringern (Schwarzach, Kalserbach und Tauernbach) zu bewerten?
b) Gibt es unterscheidbare Populationen der Tamariske an den Seitzubringern Schwarzach, Kalserbach und Tauernbach zur Isel?
c) Können diese Populationen bachauf- und bachabwärts sowie über nennenswerte Gefällestufen hinweg (z.B. Proseggklamm) im Austausch stehen?
d) Gibt es natürliche oder anthropogen verursachte „genetisch wirksame“ Barrieren, welche die Teilpopulationen an der Isel von den Teilpopulationen an den Seitzubringern Schwarzach, Kalserbach und Tauernbach trennen?
e) Sind die Tamariskenbestände an der Isel und den Zubringerbächen Schwarzach, Kalserbach und Tauernbach als eine zusammenhängende Population zu sehen?
4. Können Wirkungen allenfalls vorhandener, anthropogen verursachter Barrieren im Betrachtungsraum durch Massnahmen minimiert werden?

2 Material und Methoden

2.1 Sampling Design und Feldarbeit

Die zu beprobenden *M. germanica* Vorkommen wurden vom Land Tirol vorgelegt. Zu allen 21 beprobten Vorkommen befinden sich im Anhang 5 ein kurzer Standortsbeschreibung sowie einige Bilder zu den Vorkommen. Es wurde von Vorkommen an der Isel Pflanzenmaterial gesammelt, jeweils oberhalb und unterhalb der Zubringer Tauernbach, Schwarzach und Kalserbach. An den Zubringern Tauernbach und Schwarzach wurden zwei und am Kalserbach vier Vorkommen beprobt. Bis auf das Vorkommen „Schwarzach 2/2“ (unmittelbar nach dem Geschiebesammler) konnten alle prioritären Vorkommen beprobt werden. Der Standort „Schwarzach 2/2“ war aufgrund des hohen Wasserstandes nicht erreichbar und wurde nach Rücksprache mit dem Auftraggeber durch den Standort „Schwarzach 2/1“ (S2) ersetzt. An der Drau wurden zwei und am Villgratenbach ein Vorkommen beprobt. Zwischen dem Zusammenfluss Isel - Drau und der Vorkommen D2 wurde am Debantbach eine weitere Vorkommen beprobt. Am Lech wurden von vier Vorkommen Blattmaterial gesammelt. Das vom Land Tirol ausgewählte Vorkommen „Lech 3“, an der Mündung „Streimbach“ - Lech, bestand lediglich aus einem Individuum, aus diesem Grund wurde zwischen „Lech 2“ und „Lech 4“ ein weiteres Vorkommen (L5) beprobt. Im Anhang 1 – 4 sind Karten abgelegt, welche alle beprobten Vorkommen, Geschiebesammler und für diese Untersuchung bedeutenden Schluchten zeigen.

Für das Sammeln von Blattmaterial von *M. germanica* wurden im Land Tirol sowie in Kärnten Bewilligungen eingeholt.

Für jedes Vorkommen wurde von mindestens 30 Individuen Blattmaterial gesammelt. Vorkommen welche weniger als 30 Individuen hatten, wurden vollständig beprobt. Es wurde jeweils ein ca. 2 cm langer Jahrestrieb eines Seitenastes entnommen. Individuen, welche durch die Beprobung geschwächt worden wären, wurden nicht beprobt. Vorzugsweise wurde Blattmaterial von blühenden Pflanzen entnommen, waren jedoch weniger als 30 blühende Individuen vorhanden, wurden auch sterile Pflanzen beprobt. Die einzelnen Seitenzweige wurden in Teebeutel [Teefilter Cilia, Best.-Nr:0-1207-07] gesammelt und anschliessend in Silica Gel [Silica Gel Orange, ROTH, Nr. P077.1] getrocknet. Gesammelt wurde über das ganze Vorkommen verteilt mit einem Mindestabstand von 2.5 m zwischen den einzelnen Individuen. Von den beprobten Individuen wurden die Koordinaten und der Zustand des Individuums (blühend oder steril) aufgenommen sowie die Grösse geschätzt. An jedem Standort wurde zusätzlich die Anzahl der Individuen geschätzt.

Die insgesamt 629 gesammelten Proben wurden wie nachfolgend beschrieben analysiert.

2.2 Laboranalyse

Das gesamte DNA Genom wurde aus 15 mg (+/- 3 mg) getrocknetem Pflanzenmaterial extrahiert. Die DNA Extraktion erfolgte mit dem DNeasy®96 Plant Kit (6) [Qiagen, Cat.No. 69181] und nach dem Protokoll "Purification of Total DNA from Frozen or Lyophilized Plant Tissue (October 2012)". Anstelle des Schockgefrierens in Flüssigstickstoff wurden die Proben über Nacht im Gefrier-trockenschrank [BETA 1-8 L0 plus, Christ] bei 40 bar und – 55°C lyophilisiert.

Die DNA Konzentration sowie der Anteil an Proteinen und aromatischen Verbindungen in den extrahierten Proben wurde anhand einer Stichprobe à 57 Proben mit dem Spektrophotometer ND-1000 [ThermoScientific] gemessen (Tabelle siehe Anhang 6). Die teilweise sehr tiefen A260/A280-Werte (OD > 1.8), wiesen auf eine Kontamination mit Protein und aromatischen Verbindungen hin (Barbas *et al.* 2007). Durch diese und weitere nach der Extraktion verbleibenden Substanzen könnte die PCR inhibiert werden (Bessetti 2007). Aus diesem Grund wurde die DNA Extraktionsplatte 1 (Proben: L1-4, L5 1-4), bei welcher das A260/A280 Verhältnis besonders tief war, mit einer Ethanolausfällung gereinigt (Protokoll siehe Anhang 7). Das A260/A280 Verhältnis konnte dadurch bei einigen Proben verbessert werden. Bei den restlichen Proben wurde keine Ethanolausfällung durchgeführt. Anschliessend wurde mit einer erneuten Messung mit dem Spektrophotometer die DNA Konzentration und das A260/A280 Verhältnis überprüft (Tabelle siehe Anhang 8).

Die 629 Proben wurden mit 22 nukleären und 5 Chloroplastenmikrosatelliten nach Werth und Scheidegger (2011) analysiert. Die PCR Amplifikation der Mikrosatelliten erfolgte ebenfalls nach Werth und Scheidegger (2011). Da vorgängig durchgeführte Test-PCRs zeigten, dass die Primer Mg451, Mg459, Mg482 und Mg549 im Multiplex 1 nach Werth und Scheidegger (2011) unterdrückt wurden, mussten Änderungen beim Multiplex 1 vorgenommen werden. Der Multiplex 1 wurde in Multiplex 1a und 1b aufgeteilt (Tabelle 1). Durch diese Aufspaltung in zwei PCR Mixes konnte gewährleistet werden, dass alle Loci amplifiziert wurden, ohne dass die Primerkonzentrationen stark erhöht werden mussten. Die Konzentrationen einiger Primer mussten dennoch aufgrund von Test-PCRs und Test-Analysen mit dem 3730xl DNA Analyzer angepasst werden (Tabelle 1). Für die Amplifikation wurde der Veriti thermal cycler [Applied Biosystems] verwendet. Im Gegensatz zu Werth und Scheidegger (2011), welche die Polymerase 'Multiplex PCR mix' [Qiagen] für den Multiplex 1a, 1b, 2 und 3 verwendeten, wurde hier mit 'Multiplex PCR Master Mix', 2x [Qiagen, No. 1066295] gearbeitet. Die Aktivierungsphase wurde dementsprechend auf 5 min und die Temperatur der „final extension“ auf 60°C reduziert. Die restlichen Zyklusbedingungen für den Multiplex 1a, 1b, 2 und 3 wurden übernommen.

- Multiplex 1a, 1b und 2: 35x (5 s „denaturation“ bei 95°C, 10 s „annealing“ bei 55°C, 45 s „elongation“ 72°C) 30 min „final extension“ bei 60°C.

- Multiplex 3: 34x (5 s „denaturation“ bei 95°C, 10 s „annealing“ bei 52°C, 45 s „elongation“ 72°C), 30 min „final extension“ bei 60°C.

Für die vierte PCR (Locus psbA) wurde JumpStartREDTag Ready Mix [Sigma-Aldrich, No. P0982] verwendet:

- Multiplex 4: „activation of the polymerase“ 95°C 15 min 34x (5 s „denaturation“ bei 95°C, 10 s „annealing“ bei 52°C, 45 s „elongation“ 72°C) 30 min „final extension“ bei 72°C.

Tabelle 1 27 Mikrosatelliten nach Werth und Scheidegger (2011). Die in fetter Schrift stehenden Konzentrationsangaben wurden in dieser Untersuchung angepasst. (*) Indel von 8 bp.

Locus	Organell	Wiederholungsmuster	Mpl	Konz (nM)
Mg442	nuDNA	(GT) ₁₄	2	120
Mg444	nuDNA	(GT) ₁₄ (GA) ₁₉	2	300
Mg451	nuDNA	(TG) ₁₄ (AG) ₁₃	1b	350
Mg452	nuDNA	(CA) ₁₇	1a	200
Mg455	nuDNA	(GT) ₁₀	2	180
Mg457	nuDNA	(AC) ₁₄ (AT) ₃ (ACAT) ₂	1a	150
Mg459	nuDNA	(CA) ₁₄ (TA) ₆	1b	200
Mg461	nuDNA	(GT) ₁₁	2	80
Mg462	nuDNA	(GT) ₁₃	2	80
Mg480	nuDNA	(GT) ₁₃ (GA) ₄ (GT) ₁ / (GA) ₈ (GT) ₈ (GA) ₁₈	1a	250
Mg482	nuDNA	(AC) ₁₄	1b	100
Mg488	nuDNA	(GA) ₂₂	1a	100
Mg489	nuDNA	(AC) ₁₅	1a	200
Mg493	nuDNA	(CA) ₁₃ (A) ₁₂	1a	120
Mg495	nuDNA	(GT) ₁₈ (GA) ₁₂	1a	150
Mg498	nuDNA	(GT) ₂₃ (AT) ₅	1a	150
Mg499	nuDNA	(CT) ₁₀ (CA) ₁₀	1a	300
Mg500	nuDNA	(GT) ₂₀	1a	300
Mg502	nuDNA	(AC) ₁₁	2	120
Mg504	nuDNA	(AC) ₁₂	2	250
Mg507	nuDNA	(GT) ₂₀	2	200
Mg549	nuDNA	(ATAC) ₁₁	1b	100

Locus	Organell	Wiederholungsmuster	Mpl	Konz (nM)
psbA	cpDNA	T ₉	4	100
psbC	cpDNA	T ₁₃	3	50
trnC	cpDNA	T ₇	3	60
trnH	cpDNA	(*)(TA) ₅ (TTATTAGT)(A) ₃ (GTT)(A) ₆ (CGT) (A) ₆	3	120
trnL	cpDNA	T ₁₃	3	60

Die PCRs wurden in 10 µl Reaktionsvolumen durchgeführt. Von der extrahierten DNA wurde 1 µl verwendet. Im Anschluss zu der PCR wurden die PCR Produkte mit 'ultrareinem' Wasser [Water LiChrosolv® for chromatography, Merck KGaA, CAS No. 7732-18-5] verdünnt (Mpl 1 und Mpl 2 1:2 Verdünnung, Mpl 3 1:4 Verdünnung und Mpl 4 1:2.5 Verdünnung).

Die Fragmentlängenanalyse erfolgte mit dem 3730xl DNA Analyzer (ABI) [Applied Biosystems] des „Genetic Diversity Centre“ der ETH Zürich. Als ‚Size Standard‘ wurde GeneScan™ – 500 LIZ® [Applied Biosystems, Lot. 1401359] mit einer Konzentration von 15 µl /ml verwendet. Der Multiplex 1a und 1b sowie Multiplex 3 und 4 wurden zusammen analysiert. Für die Vorbereitung der ABI Platte wurde jeweils 1 µl des verdünnten PCR Produktes zu 9.5 µl HiDi-LIZ Lösung [Applied Biosystems, Lot. 1401295] gegeben. Das für die Fragmentlängenanalyse verwendete Programm befindet sich im Anhang 9.

2.3 Bestimmung der Allel Längen

Für die Bestimmung der Allel Längen wurden die Binsets von Werth und Scheidegger (2011) verwendet, damit die Daten beider Studien vergleichbar sind. Ein Binset besteht aus mehreren Bins, wobei jeder Bin für die Position eines Allels steht. Mit dem Programm GeneMapper 5.0 konnten somit die einzelnen Allele jedes Locus bestimmt werden. In dieser Analyse wurden mit drei verschiedenen Binsets gearbeitet, zwei für die nukleären Multiplexes (Mg_mix1_Bins und Mg_mix2_Bins) und eines für den Chloroplastenmultiplex (Mg_cpSSR_Bins). Bei Vergleich von Fragmentlängenanalysen, die mit leicht anderen Laborbedingungen durchgeführt wurden, können Verschiebungen in den Elektropherogrammen des DNA Analyzers auftreten. Zur Ermittlung von Differenzen zwischen der Fragmentlängenanalyse von Werth und Scheidegger (2014), Werth *et al.* (2014) Werth und Scheidegger (2014), Werth *et al.* (2014) Werth und Scheidegger (2014) und Werth *et al.* (2014) und der Analyse in dieser Arbeit, wurden 16 DNA Proben mit unterschiedlichen Genotypen von (Werth *et al.* 2014) mit der oben beschriebenen Vorgehensweise aufbereitet und anschliessend auf dem 3730xl DNA Analyzer analysiert. Die Elektropherogramme wurden mit den Binsets von Werth *et al.* (2014) im GeneMapper 5.0 [Applied Biosystems] ausgewertet. Die

erhaltene Tabelle der nuDNA Locus mit den Allelenbezeichnungen konnte mit der Auswertung von Werth *et al.* (2014) auf Übereinstimmung überprüft werden. Einige Peaks der Fragmentlängenanalyse waren verschoben, so dass eine korrekte und vollständige Allelenbestimmung mittels des Programms nicht möglich war.

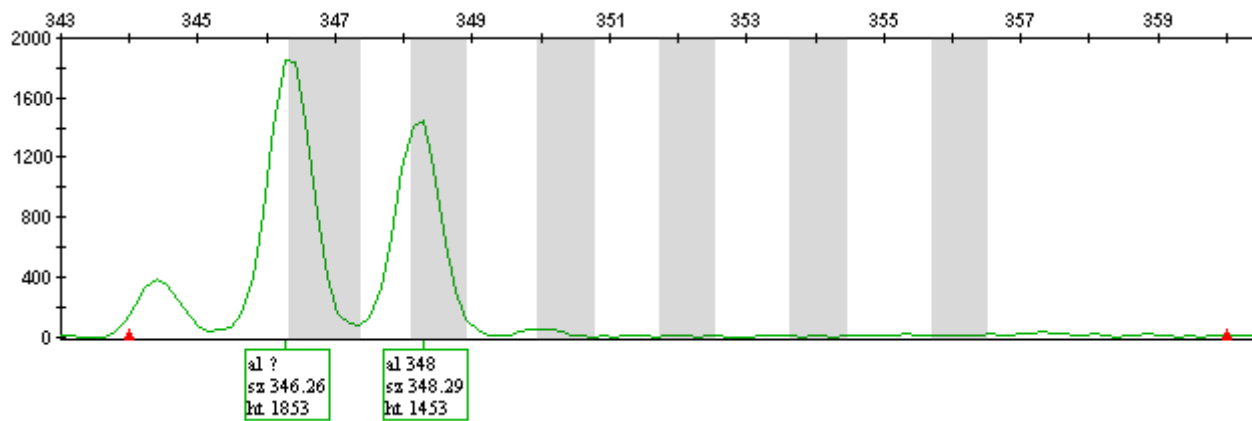


Abbildung 2 Fragmentlängenanalyse ohne Anpassungen im Binset. Jeder graue Balken befindet sich an der Position eines möglichen Allels bei diesem Locus. In dieser heterozygoten Probe befindet sich ein Peak ausserhalb des grauen Bins und wird daher vom Programm nicht erkannt.

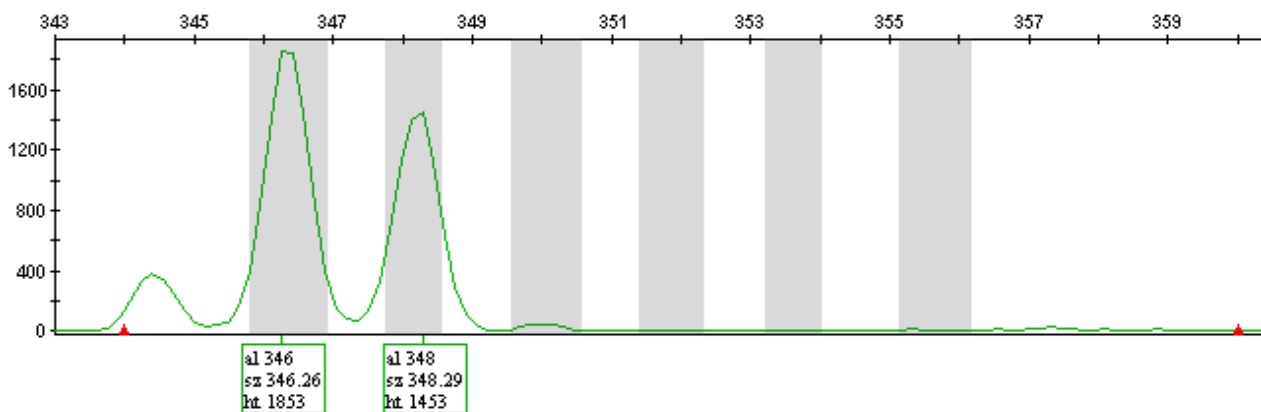


Abbildung 3 Fragmentlängenanalyse mit korrigiertem Binset. Der Locus derselben Probe wie in Abbildung 2 wird nach Anpassung des Binsets vollständig richtig benannt.

Aus diesem Grund wurden daraufhin Binsets im GeneMapper 5.0 auf die neuen Proben angepasst. Zuerst wurden die Bins mit Hilfe der Testproben verschoben. Da die 16 Proben nicht alle Allele abdecken konnten, wurden zusätzlich die 629 DNA Proben dieser Arbeit beigezogen um die Bins an die richtigen Stellen zu platzieren. Die Bins mussten um maximal eine Base nach rechts oder links verschoben werden (Beispiel: Abbildung 2 und Abbildung 3). Der Chloroplastenmarker trnH zeigte eine Verschiebung von vier Basen auf, die restlichen vier Chloroplastenmarker befanden sich im Bereich der nukleären Marker.

Zur Überprüfung ob die 16 Kontrollproben noch korrekt analysiert werden nach der Anpassung der Binsets, wurden die 16 Kontrollproben erneut mit den modifizierten Binsets (nur nukleäre Marker) mit GeneMapper 5.0 analysiert.

Nachdem die Binsets auf die Proben dieser Arbeit angepasst waren, wurden alle Proben analysiert. Alle Proben wurden bei den 27 Loci anschliessend von Hand nochmals überprüft und bei Fehlbestimmungen des Programmes angepasst. Probleme traten insbesondere bei den Markern Mg444, Mg452, Mg462, Mg480 und psC auf. Bei diesen Markern musste ein grosser Teil von Hand korrigiert werden.

2.4 Datenauswertung

Die Auswertung erfolgte mit allen 629 Proben und den 22 nukleären Markern. Die Chloroplastenmarker werden im Rahmen einer späteren Untersuchung ausgewertet.

Die exportierten Daten aus dem GeneMapper 5.0 wurden im Excel 2010 formatiert und mit dem Programm ‚Microsatellite Analyser‘ (MSA) (Dieringer und Schlötterer 2003) in die entsprechenden Formate für die verschiedenen Statistikprogramme konvertiert.

Die Zuweisung der Genotypen zu den einzelnen Proben erfolgte mit GenAlEx 6.501 (Peakall und Smouse 2012). Der Marker Mg461 und das Individuum L3 wurden aus der Analyse ausgeschlossen. Bei der Suche nach übereinstimmenden Genotypen wurde die Option ‚Ignore missing data when finding matches‘ gewählt, dabei wurden mutmassliche Übereinstimmungen trotz einzelner fehlender Daten berücksichtigt.

Um die genetische Vielfalt der einzelnen Vorkommen aufzeigen und vergleichen zu können, wurde die ‚Nei's gene diversity‘ H_E (‚Expected Heterozygosity‘) für jedes einzelne Vorkommen mittels Arlequin 3.5 (Excoffier und Lischer 2010) und die ‚Allelic richness‘ A_R mittels ‚Microsatellite Analyser‘ (MSA) berechnet. Ob die H_E mit der Grösse der Vorkommen korrelierte wurde mit der Pearson Korrelation in R 2.15 berechnet. Ebenfalls wurde mit der Pearson Korrelation überprüft ob H_E und A_R von der Höhe über Meer abhängig sind.

Ebenfalls mit Arlequin 3.5 wurden die ‚Hierarchical Analysis of molecular variance‘ (AMOVA), Inzuchtkoeffizient F_{IS} und die paarweise genetische Distanz F_{ST} berechnet (Excoffier und Lischer 2010). Der Inzuchtkoeffizient gibt die Wahrscheinlichkeit an, mit der zwei identische Allele in einem Individuum aufeinandertreffen (Hedrick 2011). Die AMOVA ist eine Methode, mit welcher die Differenzierung der Vorkommen anhand der Daten von molekularen Markern geschätzt werden kann (Excoffier *et al.* 1992). Für die AMOVA wurden die Vorkommen in drei Gruppen eingeteilt:

- 1) Isel mit Seitenzubringer
- 2) Drau mit Villgratenbach und Debantbach

3) Lech

Bei einer weiteren AMOVA wurden die Vorkommen im Einzugsgebiet der Isel nach den Hauptzubringern gruppiert:

- 1) Vorkommen Isel (I1) oberhalb des Zuflusses des Tauernbachs
- 2) Tauernbach
- 3) Schwarzach
- 4) Kalserbach (ohne K2)

Basierend auf den F_{ST} -Werten von 21 nukleären Markern (Ausschluss von Mg461) und 20 Vorkommen (Ausschluss von Vorkommen „Lech 3“), sowie den Koordinaten der Individuen, wurden mit GenAlix ‚Principal coordinates PCoA‘ Diagramme erstellt (Peakall und Smouse 2012). Diese Analyse ermöglicht es die wesentlichen Muster eines Datensets mit mehreren Variablen darzustellen (Gower 1966). Durch diese genetische Analyse können die einzelnen Individuen nach ihrer Struktur dargestellt werden.

Mit einer bayesischen Analyse war es möglich die Anzahl Genpools im Untersuchungsgebiet zu berechnen (Falush *et al.* 2007, Pritchard *et al.* 2000) und zusätzlichen Aufschluss über die genetische Struktur zu erhalten. Um die Genpools der untersuchten Vorkommen in unterschiedlichen geographischen Gebieten zu erhalten, wurden mit ‚Structure 2.3.2‘ (Falush *et al.* 2007, Pritchard *et al.* 2000) vier Analysen durchgeführt:

- 1) Gesamtes Untersuchungsgebiet
- 2) Isel Einzugsgebiet mit Debantbach und Villgratebach
- 3) Isel Einzugsgebiet mit Debantbach, Villgratebach und Drau
- 4) Lech

Für die Analyse wurden zwischen 45 und 127 Durchgänge (1. 45, 2. und 3. 75, 4. 127 Durchgänge) für $K = 1-15$ durchgeführt. Die Länge der ‚Burn-in‘ Periode sowie die Anzahl ‚MCMC Reps‘ nach ‚Burn-in‘ wurde auf 100'000 und 300'000 gesetzt (Analyse 1. und 4. 300'000, 2. und 3. 100'000 ‚Burn-in‘ Perioden und ‚MCMC Reps‘ nach ‚Burn-in‘).

Die Isolation von Vorkommen aufgrund der Distanzen wurde mit dem Mantel Test in GenAlix 6.501 (Peakall und Smouse 2012) analysiert. Dabei wurden der Marker Mg461 sowie das Vorkommen L3 aus der Analyse ausgeschlossen. Für die Analyse wurden 999 Permutationen verwendet. In einer Analyse wurde das Einzugsgebiet der Isel und in einer weiteren der Lech analysiert.

Zusätzlich wurde die Barrierewirkung von Schluchten und einen Geschiebesammler an der Isel und Seitenzubringer mit dem F_{ST} -Werte nach Slatkin ($t/M = F_{ST}/(1-F_{ST})$) und den M-Werten

berechnet. Der paarweise F_{ST} -Wert nach Slatkin gibt die genetische Differenzierung von Vorkommen unter Berücksichtigung eines demographischen Modells an (Slatkin 1995 in Excoffier und Lischer (2011)). Der M-Wert basiert ebenfalls auf dem F_{ST} -Wert, er gibt die Anzahl Migranten zwischen zwei Vorkommen in einer Generation an (Slatkin 1991 in Excoffier und Lischer (2011)). Der Effekt durch die geographische Distanz (Koordinaten: geographische Breite und Länge) wurde korrigiert, in dem anhand der linearen Regressionsgerade aus den in der Tabelle 2 aufgezählten Paaren die Residuen der einzelnen Paare berechnet wurden. Anschliessend wurden die Gruppen (Keine Barriere, Schlucht und Geschiebesammler) mit dem Kruskal-Wallis Test (Kruskal und Wallis 1952) in R 2.15 auf signifikante Unterschiede getestet. Eine Karte mit den untersuchten Schluchten und Geschiebesammler befindet sich im Anhang 2.

Tabelle 2 Auflistung der Vorkommenspaare mit den dazugehörigen Werten, die für die Berechnung der Barrierewirkung verwendet wurden. Die Vorkommenspaare wurden nach Art der Barrierewirkung gruppiert: K = Keine Barriere, G = Geschiebesammler, S = Schlucht.

Barriere	Pop. Paar	Distanz [km]	$F_{ST}/(1-F_{ST})$	M-Wert	Residuen	
					$F_{ST}/(1-F_{ST})$	M-Wert
K	I1 - I2	7.9	0.286	1.751	0.009	-4.852
K	I1 - I4	10.8	0.347	1.439	0.025	-3.880
K	I2 - I4	2.9	0.329	1.519	0.132	-7.311
K	I2 - I5	13.8	0.118	4.223	-0.252	0.235
K	I4 - I5	11.0	0.134	3.743	-0.192	-1.494
K	T2 - I2	8.3	0.430	1.162	0.148	-5.271
K	T2 - I4	11.1	0.852	0.587	0.524	-4.582
K	S2 - S1	15.1	0.485	1.032	0.093	-2.354
K	K3 - K2	0.1	0.098	5.118	-0.055	-4.951
K	K3 - I5	10.4	0.111	4.517	-0.205	-0.988
K	K1 - K11	2.0	0.047	10.590	-0.136	1.359
K	K2 - I5	10.5	0.123	4.064	-0.194	-1.410
S	K1 - K3	7.0	0.000	55.792	-0.263	48.798
S	K11 - K3	5.8	0.033	15.060	-0.210	7.525
S	K11 - K2	6.0	0.181	2.756	-0.064	-4.710
S	T1 - T2	3.8	0.488	1.025	0.276	-7.401
G + S	S2 - I4	20.1	0.672	0.744	0.202	-0.441
G + S	S1 - I4	5.0	0.554	0.902	0.325	-7.017
G + S	S1 - I5	15.2	0.238	2.097	-0.154	-1.258

3 Resultate

3.1 Genetische Diversität

Die Diversität der einzelnen Loci zeigte innerhalb der Vorkommen eine sehr hohe Variabilität auf (Abbildung 4 und Abbildung 5). Die ‚Mean Allelic Richness‘ A_R lag zwischen 1.6 und 2.9. Die höchsten durchschnittlichen Werte hatten die Vorkommen am Lech. Die ‚Expected Heterozygosity‘ H_E befand sich bei den untersuchten Vorkommen zwischen 0.05 und 0.34. Auch hier zeigten die Vorkommen am Lech die höchsten Werte. Im Isel Einzugsgebiet wies das unterste Isel Vorkommen (I5) und das zweit unterste Kalserbach (K3) Vorkommen die höchsten A_R und H_E Werte auf. Der Inzuchtskoeffizient variierte zwischen 0.24 und 0.86, der Mittelwert lag bei 0.43 ± 0.19 . In der Tabelle 3 sind zu jedem Vorkommen die Angaben zum Standort und zur genetischen Diversität zusammengefasst.

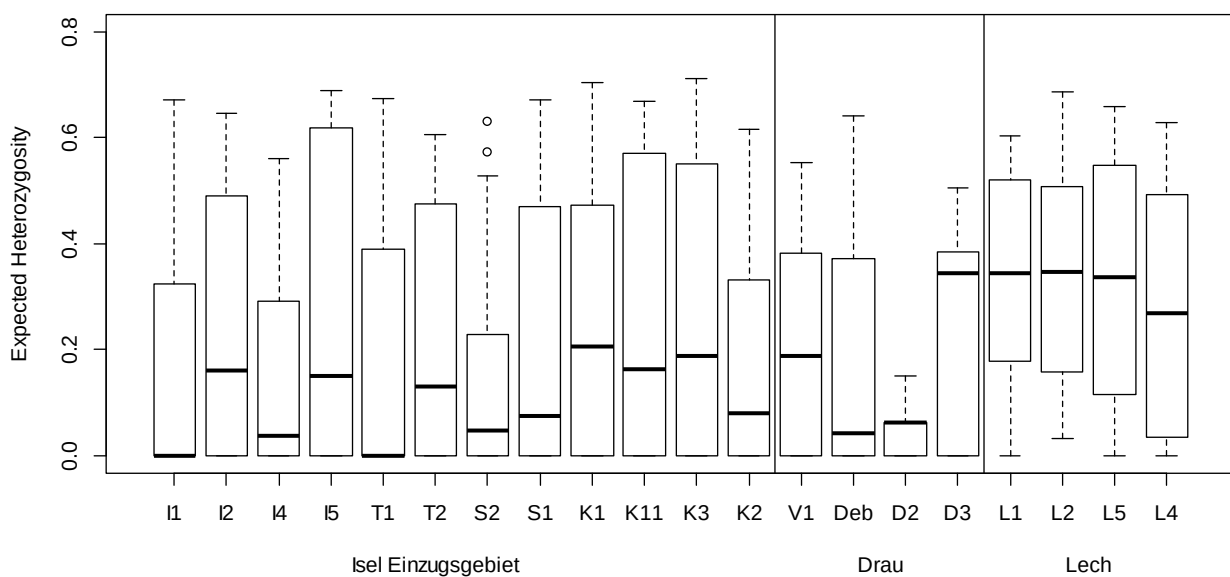


Abbildung 4 Darstellung der 'Expected Heterozygosity' der beprobten Vorkommen.

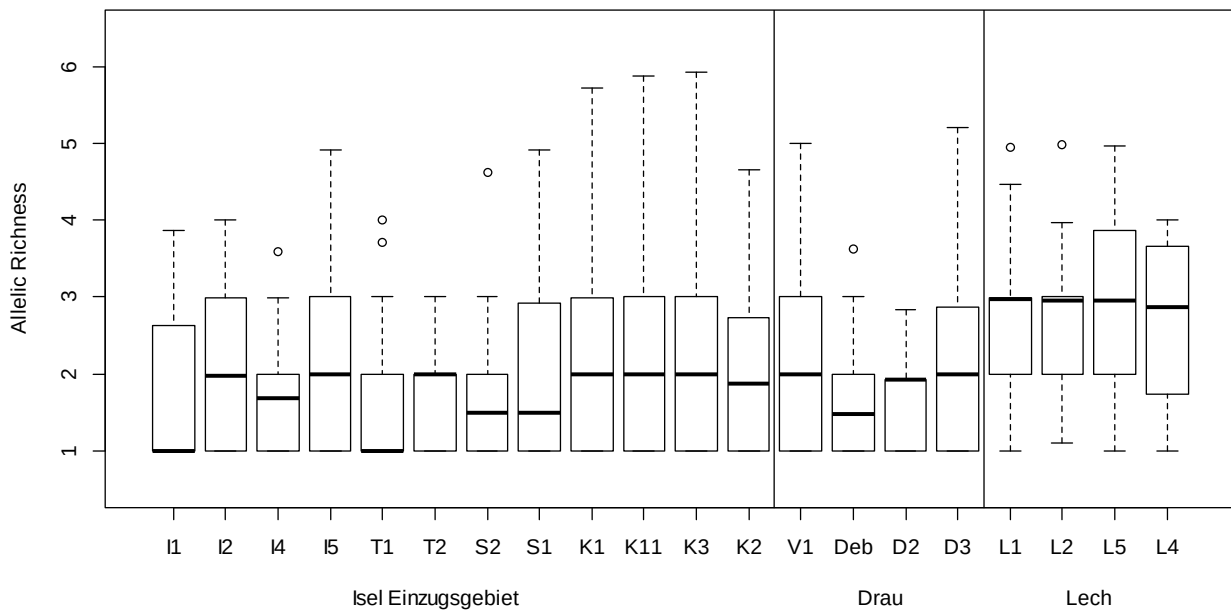


Abbildung 5 Darstellung der 'Allelic Richness' der beprobten Vorkommen.

Tabelle 3 Beschreibung der Vorkommen mit Angaben zu der genetischen Diversität. Pop = Vorkommen, n = Stichprobengrösse. Pop.grösse = geschätzte Grösse des Vorkommens, _j Juvenile Individuen mitgezählt. Polym. Loci = Anzahl polymorpher Loci. H_E = Expected Heterozygosity. A_R = Mean Allelic Richness. F_{IS} = Inzuchtkoeffizient. *Konnte nicht ausgewertet werden, da Standort nur ein Individuum aufwies.

Pop	Land	Fluss	m.ü.M	Längengrad	Breitengrad	n	Pop.grösse	Polym. Loci	H_E	A_R	F_{IS}
									σ	σ	
I1	Tirol	Isel	946	12.51214497	46.99425199	35	150 - 250	10	0.182	1.741	0.432
I2	Tirol	Isel	865-883	12.56763903	46.94859199	28	30 - 40 _j	13	0.233	1.976	0.855
I4	Tirol	Isel	818	12.58526903	46.92874901	40	40 - 50 _j	12	0.146	1.634	0.271
I5	Tirol	Isel	722	12.67046303	46.87751597	31	<100	15	0.276	2.263	0.440
T1	Tirol	Tauernbach	1142	12.51374398	47.04539199	31	45 - 55	10	0.191	1.697	0.296
T2	Tirol	Tauernbach	949	12.53304298	47.01630796	32	75 - 100	12	0.221	1.676	0.361
S2	Tirol	Schwarzach	1264	12.40497496	46.91661403	31	40 - 50	11	0.159	1.709	0.366
S1	Tirol	Schwarzach	1001	12.54103303	46.92298997	31	50 - 75	11	0.227	1.900	0.449
K1	Tirol	Kalserbach	1240	12.63324402	46.98445598	30	400 - 600	13	0.254	2.131	0.390
K11	Tirol	Kalserbach	1183	12.62713001	46.96703897	31	300 - 400	14	0.260	2.161	0.401
K3	Tirol	Kalserbach	805	12.59118204	46.92805599	29	30 _j	13	0.260	2.302	0.579
K2	Tirol	Kalserbach	795	12.58997697	46.92727799	30	35 - 45	12	0.176	1.974	0.306
V1	Tirol	Villgratenbach	1372	12.38363204	46.80284302	22	22 - 25 _j	14	0.224	2.136	0.572
Deb	Tirol	Debantbach	660	12.82057403	46.82814497	35	40 - 50 _j	11	0.193	1.695	0.820
D2	Kärnten	Drau	596	13.18890100	46.73919898	31	50 - 80 _j	15	0.046	1.712	0.779
D3	Kärnten	Drau	562	13.32593104	46.75858498	45	20 + > 300 _j	16	0.253	2.131	0.297
L1	Tirol	Lech	978	10.52145503	47.32746097	31	30 - 35 _j	15	0.337	2.796	0.367
L2	Tirol	Lech	977	10.52333702	47.32827703	30	30 - 35 _j	22	0.339	2.693	0.241
L3	Tirol	Lech	976	10.52837002	47.32927700	1	1	*	0.318	*	*
L5	Tirol	Lech	917	10.57985301	47.40831499	25	25 - 30 _j	21	0.341	2.919	0.244
L4	Tirol	Lech	884	10.63456798	47.43518796	30	80 - 150 _j	15	0.283	2.561	0.277

Bei einem Vergleich jeder möglichen Kombination von flussauf- und flussabwärts liegenden Vorkommen (28 Paare) auf ihre H_E im Einzugsgebiet der Isel, konnte festgestellt werden, dass bei 18 dieser Vergleiche das flussabwärts liegende Vorkommen eine höhere H_E aufwies als jenes oberhalb.

Tendenziell nahm die H_E mit der Grösse des Vorkommens zu, es konnte aber keine signifikante Korrelation zwischen der Grösse des Vorkommens und der H_E erkannt werden (Abbildung 6). Ebenfalls gab es keine signifikante Korrelation zwischen Höhe über Meer und H_E ($r = -0.07$, $p = 0.83$) sowie A_R ($r = -0.21$, $p = 0.51$), jedoch gab es bei beiden Berechnungen eine Tendenz, dass die höher gelegenen Vorkommen eine geringere Diversität aufweisen als die tiefergelegenen.

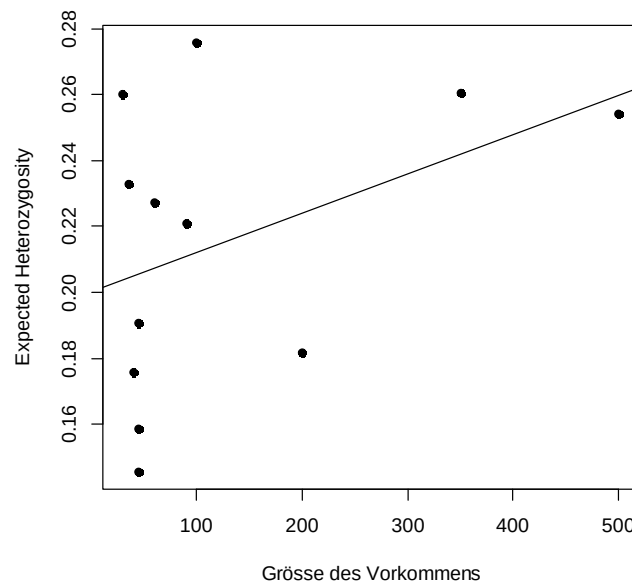


Abbildung 6 H_E in Bezug auf die Grösse des Vorkommens. $r = 0.41$, $p = 0.19$.

Es wurden insgesamt 504 verschiedene Genotypen gefunden, davon gab es von 42 Genotypen mehrere genetisch identische Individuen. In 16 von 21 Vorkommen wurden genetisch identische Individuen beprobt. Unter den untersuchten Vorkommen befanden sich drei Vorkommen (Deb, D2 und D3), bei denen der Anteil an genetisch identischen Individuen über 50% ausmachten (Tabelle 4). Neun Genotypen kamen in zwei verschiedenen Vorkommen vor. In der Abbildung 7 wurden die Genotypen mit genetisch identischen Individuen, die im Einzugsgebiet der Isel in zwei Vorkommen vorkamen (Tabelle 5), in einer Karte dargestellt.

Tabelle 4 Auflistung der Genotypen und Anteil an genetisch identischen Individuen pro Vorkommen. n = Stichprobengrösse; Genotypen = Anzahl Genotypen; Id. Genotypen = Anzahl Genotypen mit mehreren genetisch identischen Individuen; Anteil Ind. mit Id. Genotyp. = Anteil der Individuen mit identischen Genotypen.

Pop	n	Genotypen	Id. Genotypen	Anteil Ind. mit Id. Genotypen %
I1	35	30	4	25.7
I2	28	21	4	39.3
I4	40	38	2	10.0
I5	31	31	0	0.0
T1	31	26	3	25.8
T2	32	26	4	31.3
S2	31	26	5	32.3
S1	31	26	3	25.8
K1	30	30	0	0.0
K11	31	31	0	0.0
K3	29	28	1	6.9
K2	30	28	2	13.3
V1	22	21	1	9.1
Deb	35	11	3	77.1
D2	31	5	2	90.3
D3	45	24	3	53.3
L1	31	28	2	16.1
L2	30	29	1	6.7
L5	25	24	1	8.0
L4	30	30	0	0.0

Tabelle 5 Genotypen welche im Einzugsgebiet der Isel in mehreren Vorkommen vorkamen.

Genotyp Nr.	Vorkommen	Anzahl Individuen
1	T1	1
1	I2	1
2	T2	3
2	I2	3
3	I2	1
3	K2	1
4	I4	1
4	K2	1
5	I4	1
5	K3	1

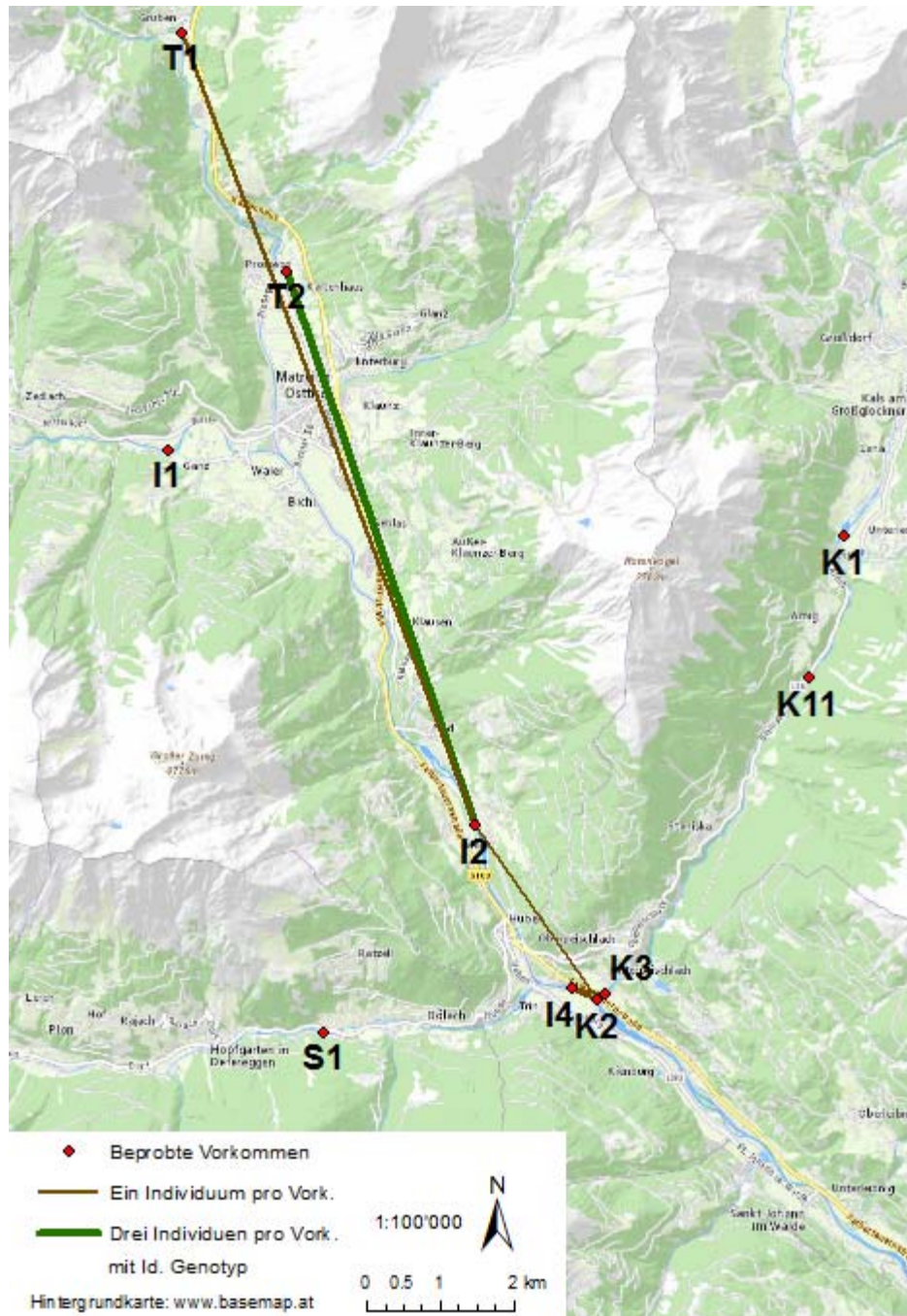


Abbildung 7 Darstellung von Genotypen, die in zwei verschiedenen Vorkommen im Isel Einzugsgebiet vorkamen.

Die AMOVA der drei definierten Gruppen (Isel mit Zubringerflüsse / Drau mit Debantbach und Villgratenbach / Lech) zeigte eine signifikante ($P < 0.001$) genetische Differenzierung von 31.5% zwischen den Gewässersystemen. Innerhalb der Gewässersysteme wiesen die Vorkommen eine genetische Differenzierung von 19.2% auf (Tabelle 6).

Tabelle 6 Resultate der 'Hierarchical analysis of molecular variance' (AMOVA). Vorkommen in drei Gruppen aufgeteilt: 1. Isel und Zubringerflüsse, 2. Drau mit Villgratenbach und Debantbach, 3. Lech.

Source of variation	df	Sum of squares	Variance components	Percentage of variance	p-value
Zwischen Gewässersystemen	2	1234	1.578	31.5	< 0.001
Zwischen Pop innerhalb Gewässersy.	17	1079	0.959	19.2	< 0.001
Zwischen Individuen innerhalb Pop	608	2119	1.019	20.4	< 0.001
Innerhalb Individuen	628	910	1.448	28.9	< 0.001
Total	1255	5342	5.004	100.0	

Die Seitenzubringer an der Isel und die Vorkommen I1, oberhalb des Zusammenfluss des Tauernbachs, unterschieden sich nicht signifikant voneinander (P -Wert > 0.05) (Tabelle 7). Die genetische Differenzierung innerhalb der Flüsse war gleich hoch wie die Differenzierung innerhalb der Gewässersysteme bei der oben beschriebenen AMOVA. Die genetische Differenzierung im Einzugsgebiet der Isel befand sich auf Vorkommen und Individuum Stufe.

Tabelle 7 Resultate der 'Hierarchical analysis of molecular variance' (AMOVA). Einzugsgebiet der Isel (Pop. I1 / Tauernbach / Schwarzach / Kalserbach (ohne K2)).

Source of variation	df	Sum of squares	Variance components	Percentage of variance	p-value
Zwischen Flüssen	3	166	0.125	4.0	0.17
Zwischen Pop innerhalb Flüsse	4	154	0.572	18.4	< 0.001
Zwischen Individuen innerhalb Pop	242	826	0.999	32.1	< 0.001
Innerhalb Individuen	250	354	1.414	45.5	< 0.001
Total	499	1499	3.110	100.0	

3.2 Genetische Struktur

Durch die Analyse des gesamten Untersuchungsgebietes waren anhand 'Principal coordinates' (PCoA) zwei Gruppen unterscheidbar (Abbildung 8). Bei einer handelte es sich um die Lech Vorkommen, die sich klar von den anderen abhob und bei der anderen um die Individuen vom Isel Einzugsgebiet, Debantbach und Villgratenbach. Die Individuen der Drau Vorkommen lassen sich nicht deutlich zu einer Gruppe zusammenfassen, sie sind breiter verstreut als die zwei anderen definierten Gruppen, zudem lassen sie sich auch nicht vollständig vom Isel Einzugsgebiet

abgrenzen. Die nachfolgende Abbildung 8 zeigt die genetischen Strukturen innerhalb der Vorkommen des Untersuchungsgebietes anhand des PCoA.

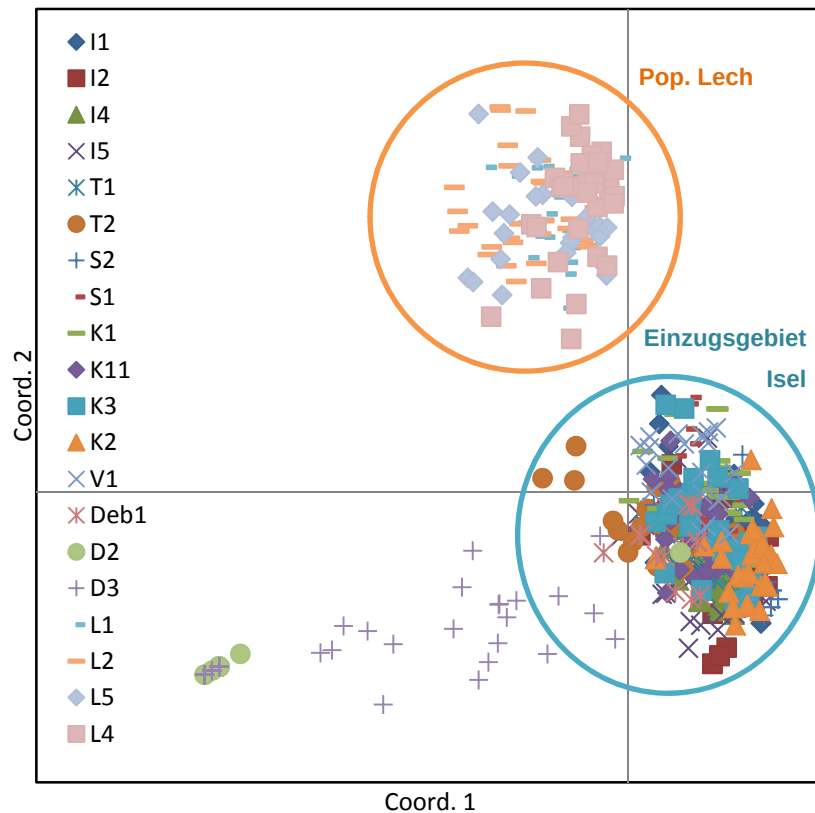


Abbildung 8 ‚Principal coordinates‘ (Koordinaten 1 und 2) Darstellung mit allen Vorkommen, berechnet mit den paarweisen F_{ST} -Werten. Die Kreise fassen abgrenzbare Vorkommen zusammen.

Betrachtet man den ‚Principal coordinates‘ Grafen mit den Koordinaten 1 und 2 (Abbildung 9) des Einzugsgebietes der Isel, lassen sich ebenfalls genetische Muster erkennen. Die Vorkommen am Tauernbach sowie die Vorkommen an der Schwarzach standen sich genetisch weniger nahe wie die drei aufeinanderfolgenden Vorkommen K1, K11 und K3 am Kalserbach und das Vorkommen S1. Das Vorkommen K2, welches sich an der Mündung vom Kalserbach in die Isel befand, unterschied sich von den restlichen Vorkommen am Kalserbach. Mehr als die Hälfte der Individuen des Vorkommens T2 grenzten sich von den anderen Vorkommen ab. Weiter grenzten sich die Individuen des I4 Vorkommens leicht von den anderen Vorkommen ab. Jedoch zeigten einige Individuen des Vorkommens T1, eine verwandte genetische Struktur wie die Individuen vom Vorkommen I4. Das tiefst gelegene Isel Vorkommen I5 wies genetisch sehr unterschiedliche Individuen auf.

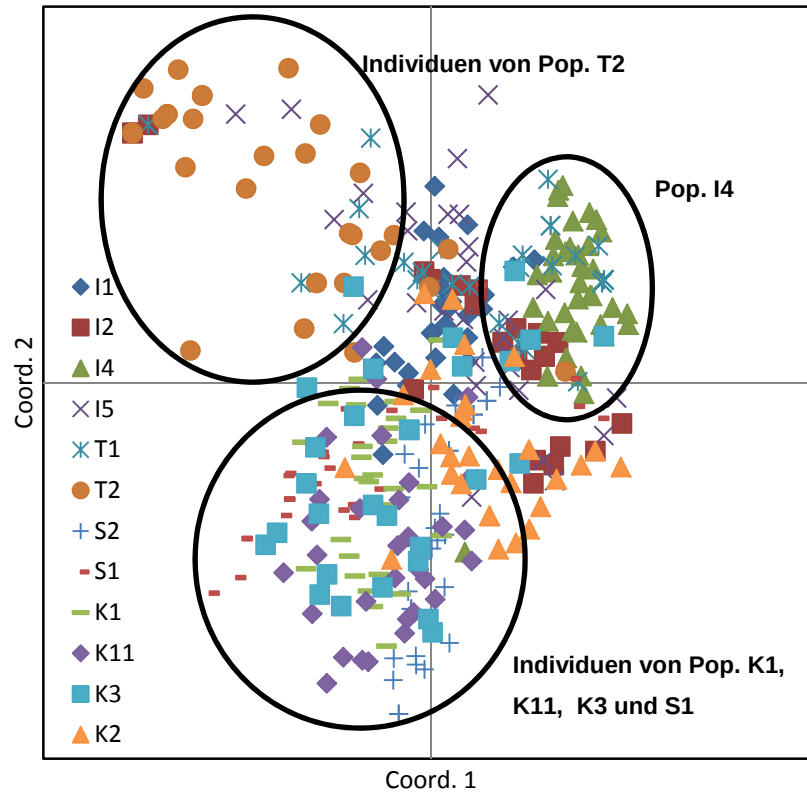


Abbildung 9 ‚Principal coordinates‘ (Koordinaten 1 und 2) Darstellung mit dem Isel Einzugsgebiet, berechnet mit den paarweisen FST-Werten. Die Kreise fassen abgrenzbare Individuen zusammen.

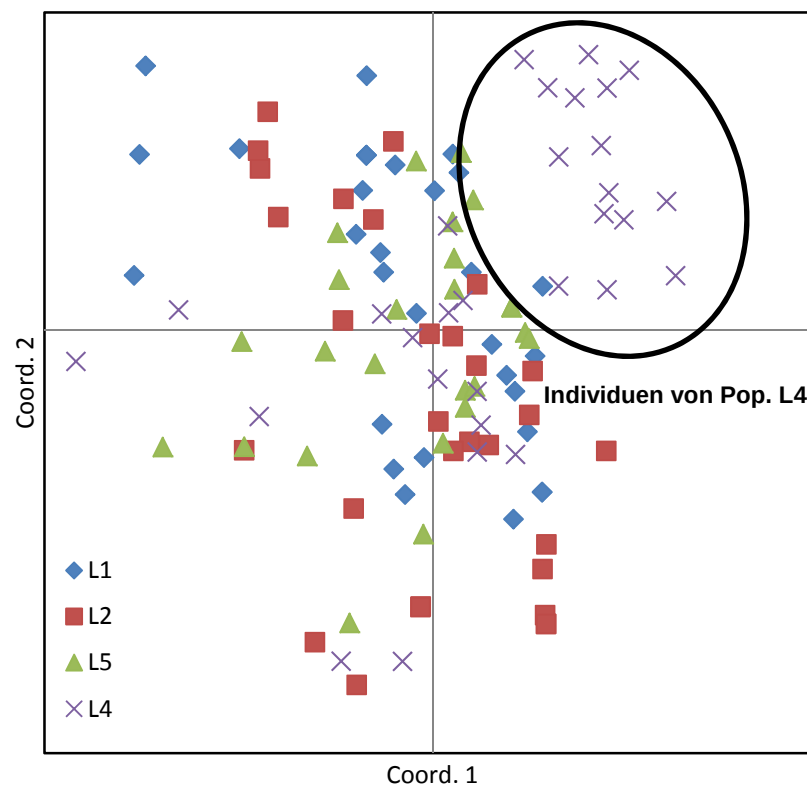


Abbildung 10 ‚Principal coordinates‘ (Koordinaten 1 und 2) Darstellung mit den Lech Vorkommen, berechnet mit den paarweisen FST-Werten. Die Kreise fassen abgrenzbare Individuen zusammen.

Die vier beprobten Lech Vorkommen waren bis auf einen Teil des Vorkommens L4 genetisch sehr homogen (Abbildung 10). Es gibt keine deutlichen Strukturen wie dies im Isel Einzugsgebiet der Fall war. Die Vorkommen am Lech waren sich somit genetisch sehr ähnlich.

Nachfolgend werden die Resultate aus der bayesischen Analyse grafisch dargestellt (Abbildung 11 - Abbildung 24). In der x-Achse sind die einzelnen Individuen mit der entsprechenden Genpoolzusammensetzung (y-Achse) dargestellt. Die unterschiedlichen Farben innerhalb der Grafiken deuten auf verschiedene Genpools hin. Jede Grafik muss jedoch für sich angesehen werden. Die gleichen Farben zwischen den verschiedenen Grafiken deuten nicht auf gleiche Genpools hin.

Die bayesische Analyse des gesamten Untersuchungsgebietes ergab als wahrscheinlichste Lösung vier verschiedene Genpools (Abbildung 13). In der nachfolgenden Abbildung 11 ist die Verteilung der Genpools auf die Vorkommen ersichtlich. Der Lech sowie die Drau bestanden aus anderen Genpools als das Isel Einzugsgebiet, der Villgratenbach und Debantbach. Ein Individuum an der Drau konnte ganz dem Isel Genpool zugeteilt werden. Weitere Individuen an der Drau zeigten Genfluss aus dem Genpool der Isel.

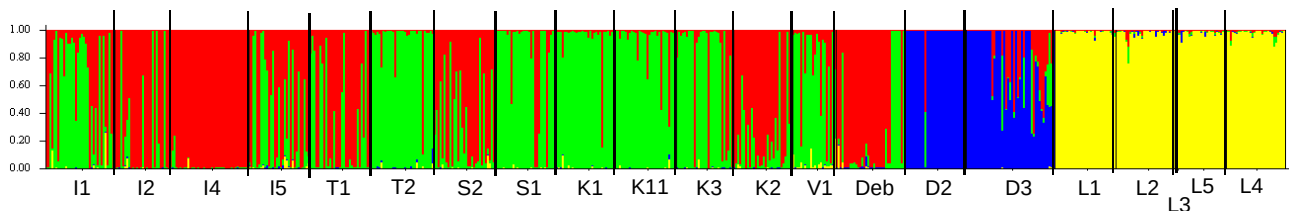


Abbildung 11 Strukturanalyse des gesamten Untersuchungsgebietes; K = 4 (rot, grün, blau und gelb).

Der 'Tree plot' (Abbildung 12) stellt die genetische Distanz zwischen den vier Genpools grafisch dar. Die grösste genetische Distanz wies der Genpool an der Drau zu den übrigen drei Genpools auf. Die zwei Genpools am Isel Einzugsgebiet sind sich genetisch am ähnlichsten.

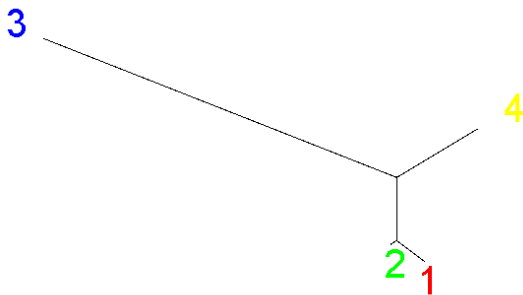


Abbildung 12 'Tree plot' des gesamten Untersuchungsgebiets.

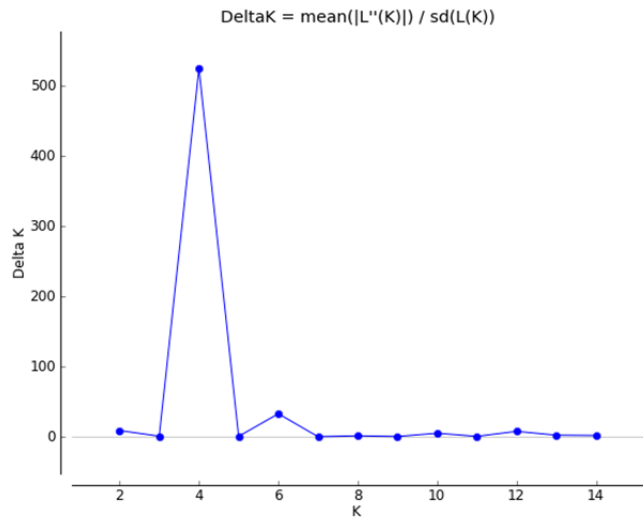


Abbildung 13 K Diagramm des gesamten Untersuchungsgebiets.

Mittels 'Structure' 2.3.2 konnte im Einzugsgebiet der Isel und Villgratenbach und Debantbach als optimale Lösung sieben Genpools unterschieden werden (Abbildung 19). Über die Herleitung von sieben Genpools über zwei und vier Genpools wird ersichtlich, dass sich der Debantbach als auch das Vorkommen T2 bei vier Genpools von den anderen Vorkommen unterscheidet (Abbildung 14 und Abbildung 15). Das Vorkommen K2 grenzt sich schon bei zwei und vier Genpools von den anderen Vorkommen am Kalserbach ab. Die Vorkommen an der Isel und am Tauernbach sowie K2 am Kalserbach, grenzen sich bei der Strukturanalyse $K = 2$ vom Schwarzach und den restlichen Kalserbach Vorkommen ab. Eine Darstellung der Genpoolzusammensetzung in Form von Kuchendiagrammen im gesamten Osttirol ist im Anhang 10 dargestellt.

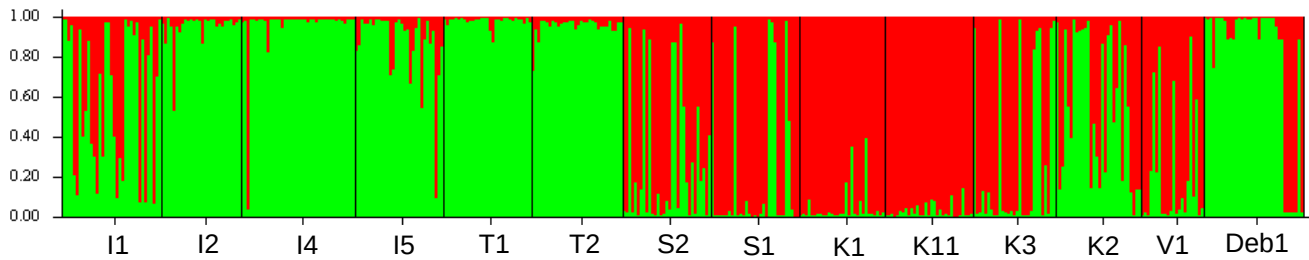


Abbildung 14 Strukturanalyse der Vorkommen in Osttirol; K = 2.

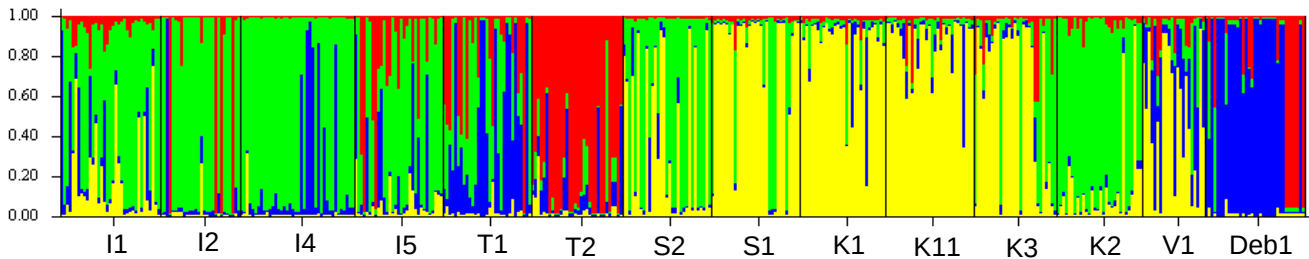


Abbildung 15 Strukturanalyse der Vorkommen in Osttirol; K = 4.

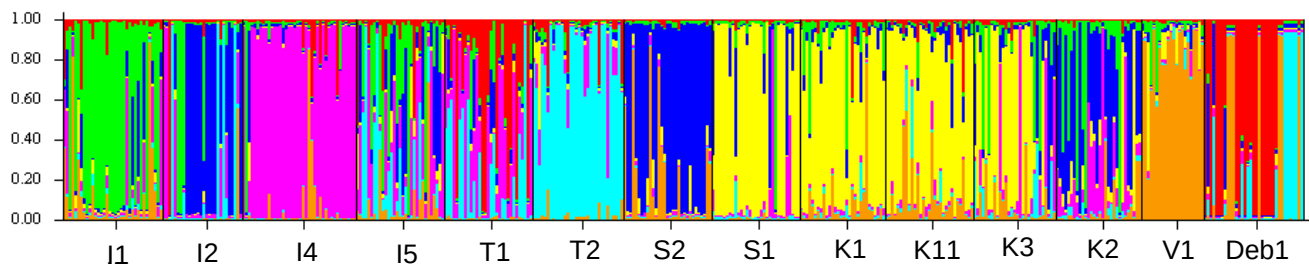


Abbildung 16 Strukturanalyse der Vorkommen in Osttirol; K = 7.

Alle Genpools in Osttirol weisen Genfluss zwischen verschiedenen Genpools auf (Abbildung 17).

Der gelbe Genpool (Nr. 4) (Abbildung 17) wurde mengenmässig am häufigsten beprobt. Dieser kam am Kalserbach und an der Schwarzach vor. Danach folgen der blaue (Nr. 3) und violette (Nr. 5) Genpool. Der blaue Genpool konnte an der Isel und an der Schwarzach gefunden werden. An der Isel und am Tauerbach gab es *M. germanica* mit dem violetten Genpool. Der rote Genpool (Nr. 1) kam am seltensten vor, dieser wurde am Tauerbach und am Debantbach nachgewiesen.

Die grösste genetische Distanz weisen der Genpool am Tauernach 2 (blau) und der Genpool am Debantbach (rot) auf (Abbildung 18).

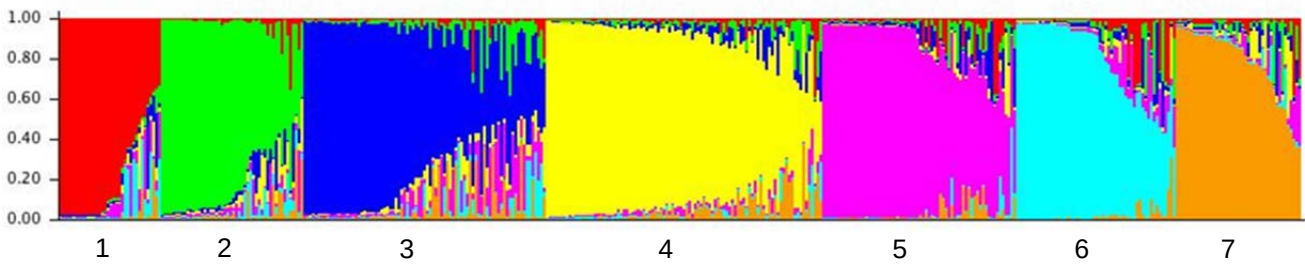


Abbildung 17 Genintrogression der Vorkommen in Osttirol; K = 7.

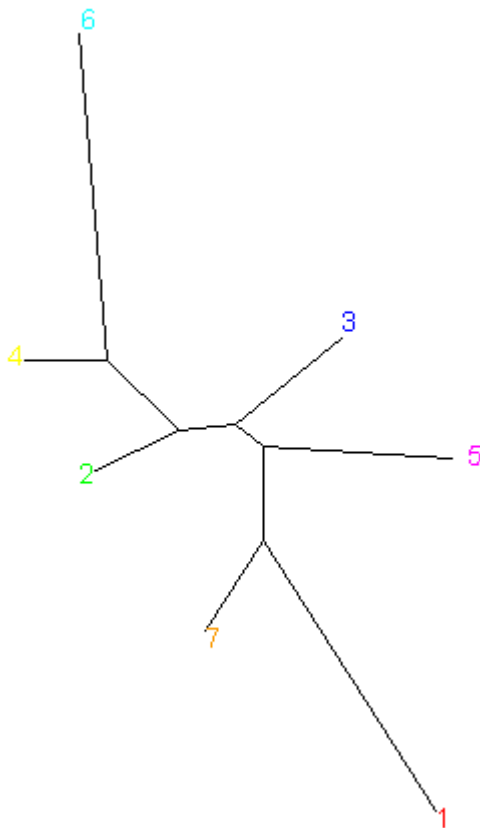


Abbildung 18 'Tree plot' der Vorkommen in Osttirol.

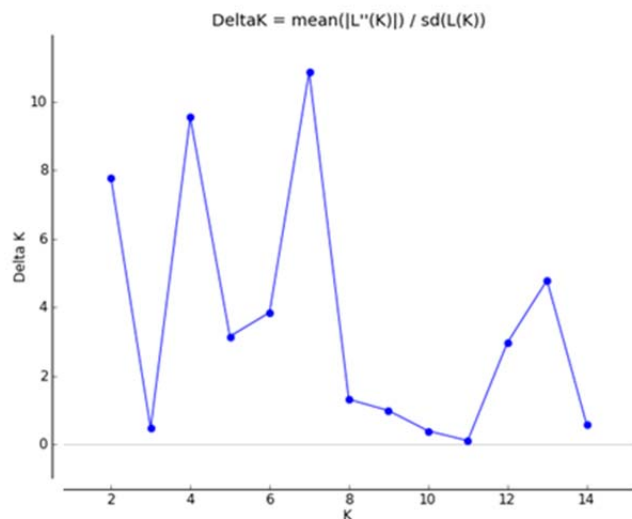


Abbildung 19 K Diagramm der Vorkommen in Osttirol.

Die *M. germanica* Vorkommen am Lech liessen sich in zwei Genpools aufteilen (Abbildung 22). Die Vorkommen sind genetisch sehr homogen. Die L1 und L4 Vorkommen hoben sich aufgrund ihrer Genpoolzusammensetzung leicht von den anderen drei Vorkommen ab (Abbildung 20). In allen Vorkommen konnten jedoch beide Genpools nachgewiesen werden (Abbildung 21).

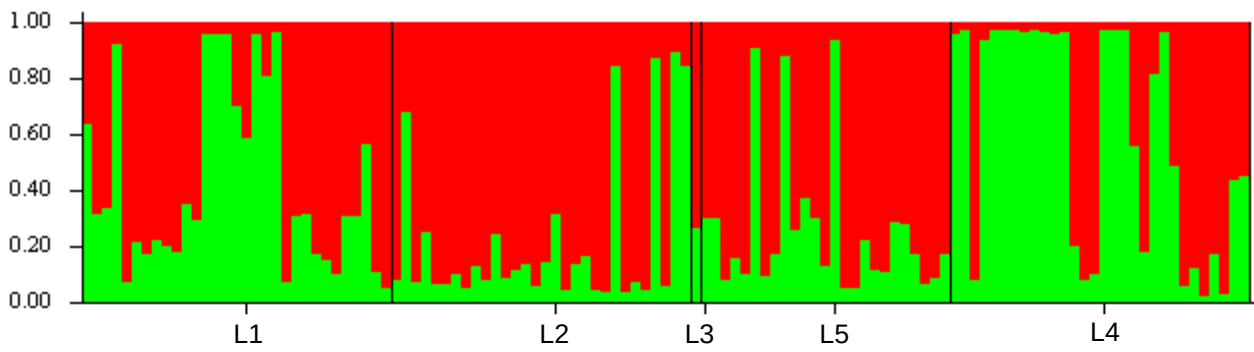


Abbildung 20 Strukturanalyse der Vorkommen am Lech; K = 2.

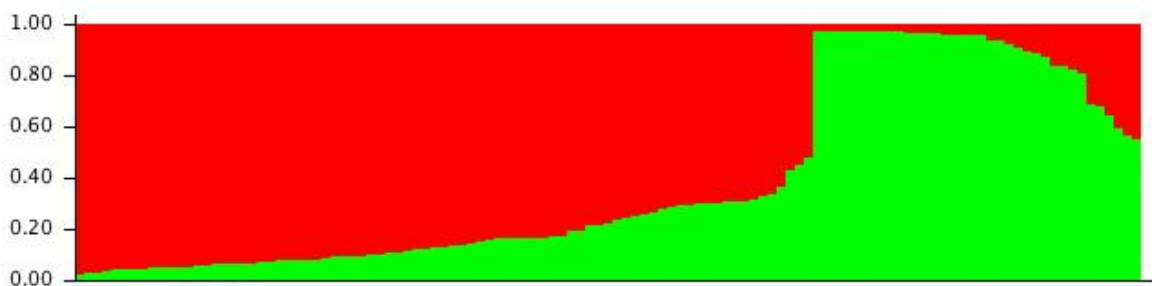


Abbildung 21 Genintrogression der Vorkommen am Lech; K = 2.

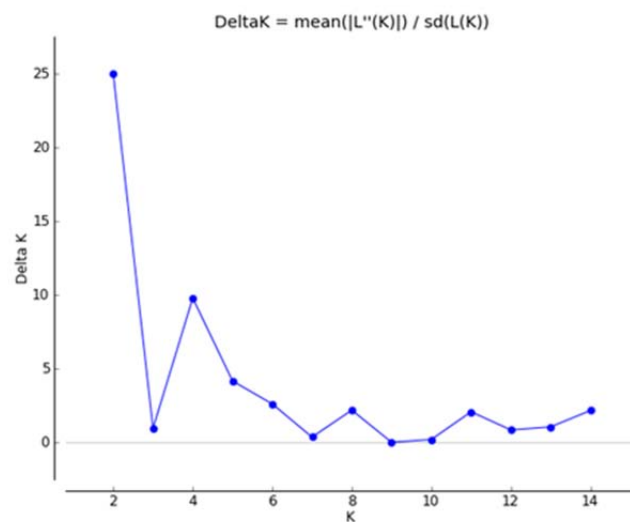


Abbildung 22 K Diagramm der Lech Vorkommen.

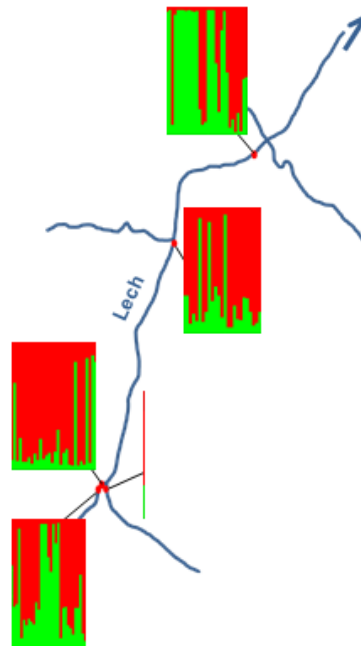


Abbildung 23 Genetische Strukturen innerhalb der Lech Vorkommen; $K = 2$.

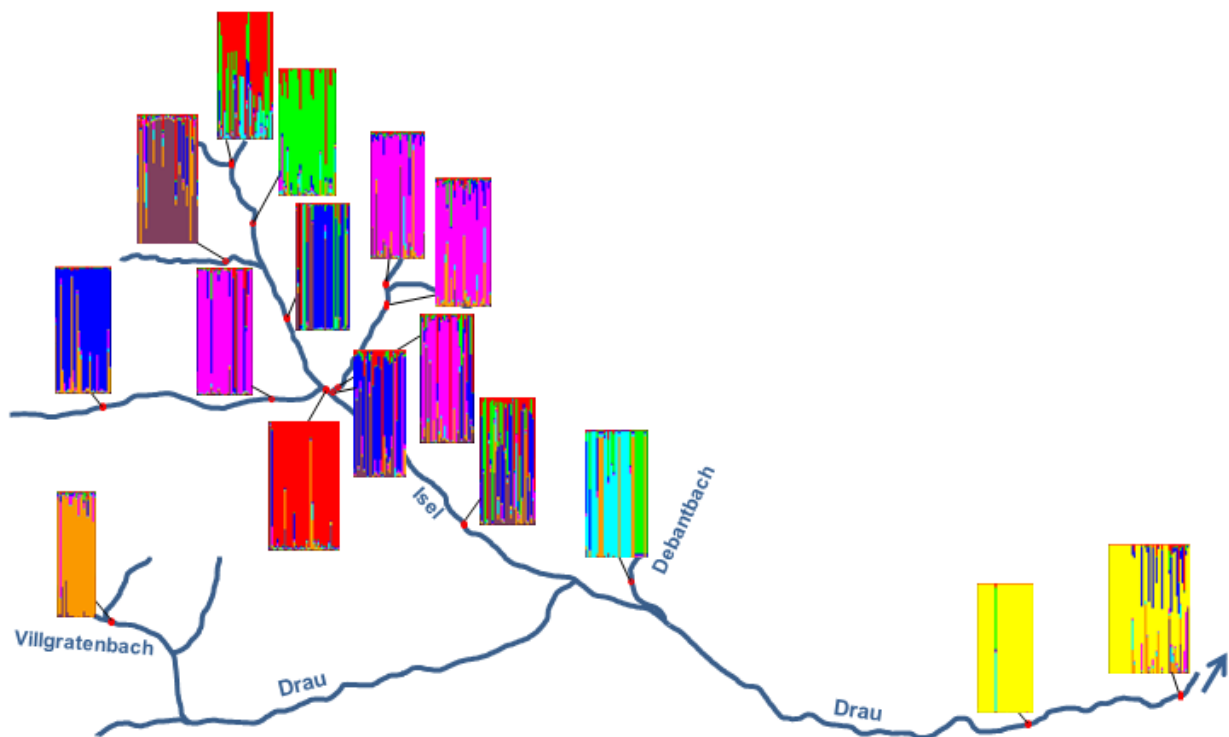


Abbildung 24 Genetische Strukturen der Osttiroler und der zwei Drau Vorkommen; $K = 8$.

3.3 Genetische Differenzierung und historischer Genfluss

Die Vorkommen am Tauernbach sowie an der Schwarzach wiesen jeweils eine genetische Differenzierung von F_{ST} 0.33 zwischen den Vorkommen auf. Zwischen den Vorkommen am Kalserbach fand ein hoher Genfluss statt. Der durchschnittliche F_{ST} -Wert der Vorkommen K1, K11 und K3 (K2 wurde nicht berücksichtigt, da dieses Vorkommen direkt an der Isel lag und dadurch auch von der Isel stark geprägt sein könnte) ist mit 0.03 deutlich tiefer als bei den anderen zwei Seitenbächen. Die Seitenbäche Kalserbach und Schwarzach sind mit einem durchschnittlichen F_{ST} -Wert von 0.13 weniger differenziert als der Tauernbach – Kalserbach (F_{ST} -Wert 0.25) und Tauernbach – Schwarzach (F_{ST} -Wert 0.34). Die genetische Differenz zwischen den Seitenbächen Tauernbach – Kalserbach und Tauernbach – Schwarzach ist vergleichbar mit der genetischen Differenz innerhalb der Seitenbäche Tauernbach und Schwarzach.

Der historische Genfluss innerhalb der Lech Vorkommen war mit durchschnittlich 11.73 Individuen pro Generation sehr hoch. Ein vergleichbarer Genfluss konnte im Kalserbach zwischen den Vorkommen K1 – K11 (M-Werte: 10.59), K1 – K3 (M-Werte: 55.79^{ns}) und K11 – K3 (M-Werte: 15.06) festgestellt werden. Der historische Genfluss zwischen den Vorkommen in Osttirol und den Vorkommen an der Drau betrug weniger als 0.5. Die Vorkommen D2 und D3 wiesen einen M-Wert von 3 auf.

Der Mantel Test zeigte sowohl am Isel Einzugsgebiet als auch am Lech eine signifikante ($p < 0.05$) Beziehung zwischen dem F_{ST} und der geographischen Distanz. Die Distanz hatte an der Isel ($R^2 = 0.0088$) einen höheren Einfluss auf den Genfluss von *M. germanica* als am Lech ($R^2 = 0.0037$).

Ein Vergleich der korrigierten F_{ST} -Werte nach Slatkin ($F_{ST}/(1-F_{ST})$) und der M-Werte Residuen mit dem Kruskal-Wallis-Test deuteten auf keine signifikante Barrierewirkung durch Geschiebesammler und Schluchten ($p > 0.05$) hin (Abbildung 25 und Abbildung 26, sowie Tabelle 8).

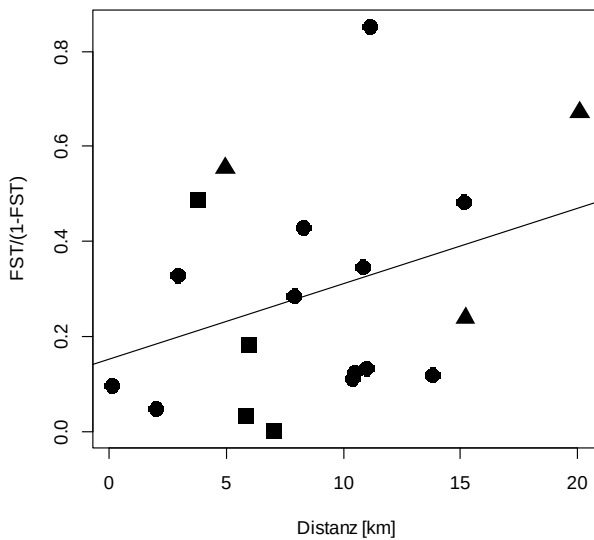


Abbildung 25 Darstellung der Beziehung ausgewählter Vorkommen (Tabelle 2) zwischen den $FST/(1-FST)$ -Werten und geographischen Distanz. $r = 0.34$; $P = 0.15$.
 ● Keine Barriere; ■ Schlucht; ▲ Geschiebesammler + Schlucht

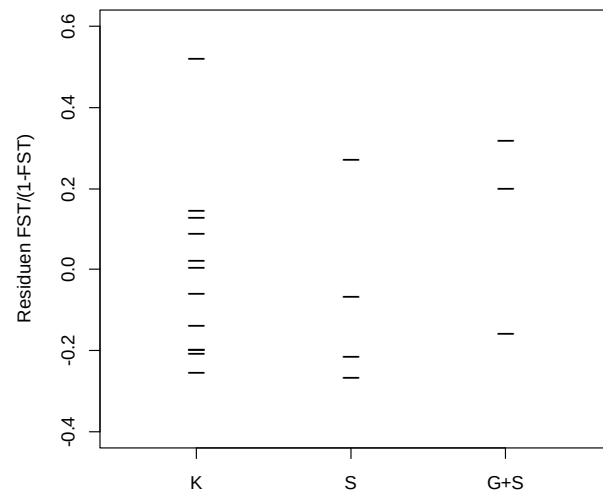


Abbildung 26 Verteilung der berechneten Residuen $FST / (1 - FST)$ nach Barrierentyp. K = Keine Barrieren, S = Schlucht, G + S = Geschiebesammler und Schlucht

Tabelle 8 Statistische Auswertung der Barrierewirkung von einem Geschiebesammler + Schlucht (G+S) und von Schluchten (S) mittels Kruskal-Wallis Test.

FST/(1-FST)			
Gruppen	Chi-Quadrat-Test	df	p-Wert
all	2.07	2	0.356
K / G+S	1.33	1	0.248
K / S	0.72	1	0.396
G+S / S	1.13	1	0.289

M-Wert			
Gruppen	Chi-Quadrat-Test	df	p-Wert
all	0.30	2	0.860
K / G+S	0.08	1	0.773
K / S	0.24	1	0.628
G+S / S	0.13	1	0.724

4 Diskussion

4.1 Methode

Aufgrund des hohen Wasserstandes während der Feldarbeiten waren nicht immer alle Kiesbänke eines Vorkommens begehbar (S2, K11, D3) und bei sehr grossen Beständen wurden Kiesbänke eines Vorkommens ausgelassen (K1, L4). Aus diesem Grund wurden möglicherweise Individuen mit anderen Genotypen und andere Genpools in dieser Studie nicht berücksichtigt.

Die Labormethode wurde bis auf kleine Anpassungen von Werth und Scheidegger (2011) übernommen. Dennoch war bei der Bestimmung der Allel Länge mit dem 3730xl DNA Analyzer eine Verschiebung erkennbar. Dieser Verschiebung konnten verschiedene Ursachen zugrunde gelegen haben, unter anderem auch die Einstellungen bei der Fragmentlängenanalyse ‚Run Module‘ sowie das verwendete Gerät. Für die Analyse dieser Arbeit hatte dies jedoch keinen Einfluss, da alle Proben gleich behandelt wurden und somit untereinander vergleichbar waren. Werden diese Daten aber noch weiter verwendet und mit den Daten aus den Studien von Werth und Scheidegger (2014) und Werth *et al.* (2014) ausgewertet, müsste diese methodische Unstimmigkeit berücksichtigt werden. Wie ein Vergleich mit DNA Proben von S. Werth zeigte, gab es Divergenzen bei der Heterozygotie. Detaillierte Analysen der Elektropherogramme haben stets unsere Interpretation gestützt. Die durchschnittliche H_E (0.234) von *M. germanica* über aller 21 Vorkommen unterschied sich jedoch nur leicht vom durchschnittlichen H_E – Wert, welchen Werth *et al.* (2014) in einer Untersuchung von 34 Vorkommen (H_E 0.288) berechnet hatte. Die Chloroplastenmarker konnten mit keinen Referenzproben verglichen werden.

Aufgrund der geringen Stichprobengrösse bei der Berechnung der Barrierewirkung kann keine sichere Aussage über den genetischen Effekt von Schluchten und Geschiebesammlern gemacht werden.

4.2 Genetische Diversität

Sowohl die ‚Mean Allelic Richness‘ A_R als auch die ‚Expected Heterozygosity‘ H_E variierten innerhalb der Vorkommen stark. Der tiefste H_E -Wert (0.05) konnte beim angepflanzten Drau Vorkommen D2 festgesellt werden. Weitere sehr tiefe Werte wiesen die Vorkommen I4 (0.15) und S2 (0.16) auf. Das I4 Vorkommen zeigte ebenfalls die tiefste A_R (1.63), gefolgt von den zwei Vorkommen am Tauernbach und Debantbach mit A_R 1.70. Die tiefe H_E an D2 und D3 kann damit erklärt werden, dass diese Vorkommen mit Pflanzenmaterial aus einer Schottergrube begründet wurden. Gut vorstellbar ist, dass der Bestand in der Schottergrube von Wunderstätten, von welcher das Pflanzenmaterial entnommen wurde, von wenigen *M. germanica* Individuen besiedelt

wurde und dadurch eine geringe genetische Variabilität aufwies. Die tiefe A_R im obersten untersuchten Vorkommen an der Schwarzach (S2) und im Vorkommen I4 wurde möglicherweise durch die Ansiedlung der Kiesbänke mit einer geringen Anzahl an *M. germanica* Individuen oder durch Selbstbestäubung hervorgerufen.

Die tiefe A_R am Debantbach und Tauernbach könnte eine Folge von fehlenden Quellpopulationen oberhalb und fehlendem flussaufwärtsgerichtetem Genfluss sein. Zudem könnte auch hier der Gründereffekt eine Rolle gespielt haben. Beim Vorkommen am Debantbach konnte im Vergleich zu den anderen untersuchten Beständen zudem erhöhte Inzucht festgestellt werden. Des Weiteren befanden sich einige Klone unter den untersuchten *M. germanica*.

Sowohl bei der A_R als auch bei der H_E befanden sich die höchsten Werte in den Lech Vorkommen. Im Isel Einzugsgebiet hatten das Vorkommen I5 und die Vorkommen am Kalserbach die grössten A_R und H_E . Der Kalserbach verfügte noch über das grösste *M. germanica* Vorkommen im Isel Einzugsgebiet (Egger *et al.* 2014). Es befinden sich auch oberhalb der untersuchten Vorkommen noch weitere Bestände. Diese Aspekte könnten die Ursache für die hohe genetische Diversität am Kalserbach sein. Beim Vorkommen I5 könnte es sich um eine Empfängerpopulation handeln, bei der sich Individuen von verschiedenen Vorkommen ansiedelten. In diesen Vorkommen trafen alle Genpools aufeinander. Diese genetische Vielfalt zeigte sich auch an der hohen H_E und der hohen A_R . Der untersuchte Lech Abschnitt zeichnete sich durch einen hohen Vernetzungsgrad der *M. germanica* Vorkommen aus. Dies widerspiegeln auch die M-Werte zwischen den Vorkommen und die homogene genetische Struktur. Es handelt sich aufgrund des hohen Genflusses und der damit verbundenen geringen genetischen Differenzierung zwischen den Vorkommen um eine kontinuierliche Population (Hedrick 2011, Werth *et al.* 2011).

Die durchschnittliche H_E (0.234) von *M. germanica* über alle 21 Vorkommen ist leicht tiefer als der durchschnittliche H_E – Wert, welchen Werth *et al.* (2014) in einer Untersuchung von 34 Vorkommen über vier Gewässersysteme (Rhein, Isar, Rissbach, Lech, Tagliamento) erhalten hatten (H_E 0.288). Der durchschnittliche A_R ist in dieser Untersuchung mit 2.1 leicht höher als die A_R (2.033) in der *Myricaria*-Studie von Werth *et al.* (2014). Obwohl in dieser Studie nicht dieselben Gewässersysteme untersucht wurden war die genetische Diversität dennoch sehr ähnlich zu der Untersuchung von Werth *et al.* (2014).

Im Einzugsgebiet der Isel nimmt die genetische Diversität in Flussrichtung tendenziell zu. *Myricaria germanica* kann sich mit ihren Samen sowohl flussaufwärts über Wind und Tiere als auch flussabwärts hauptsächlich über Hydrochorie verbreiten (Werth und Scheidegger 2014). Die Zunahme der genetischen Diversität in Flussrichtung deutet auf einen höheren Genfluss flussabwärts hin. Auch in früheren Untersuchungen von *M. germanica* konnte der hauptsächlich flussabwärts gerichtete Genfluss beobachtet werden (Werth und Scheidegger 2014).

Kleine Vorkommen von *M. germanica* im Einzugsgebiet der Isel weisen nicht zwingend eine geringere H_E auf als Grosse. Ebenfalls fanden Werth und Scheidegger (2014) in den von ihnen untersuchten *M. germanica* Vorkommen keine Beziehung zwischen Grösse der Vorkommen und der genetischen Diversität. Auch bei anderen Auenpflanzen konnte dies festgestellt werden (Liu et al. 2006, Tero et al. 2003).

Die Resultate der vorliegenden Untersuchung zeigen, dass sich die genetische Struktur von *M. germanica* zwischen den drei Gewässersysteme Isel, Drau und Lech um 31.5% voneinander unterscheiden. Die Seitenzubringer an der Isel unterschieden sich hingegen nicht signifikant voneinander.

Mit der Multilokus Genotypenanalyse konnten an der Drau und am Debantbach viele genetisch identische Individuen identifiziert werden. Die Bestände an der Drau wurden mit Stecklingen und Pflanzen mit Wurzelballen bestockt (Kammerer 2009). Mehrere Stecklinge aus einer *M. germanica* könnten für die Wiederansiedlung genutzt worden sein und dadurch diesen hohen Anteil an gleichen Genotypen hervorgerufen haben. Beim Debantbach könnte die vegetative Vermehrung über abgeknickte oder überschwemmte Äste die geringe Anzahl an unterschiedlichen Genotypen erklären. Individuen mit demselben Genotyp können einerseits durch die vegetative Vermehrung über Sprosssteile, Selbstbestäubung und andererseits durch zufällige Rekombination entstehen. Äste von *M. germanica* können sich, wenn sie mit Kies oder Sand überspült werden, wieder neu entwickeln (Bill et al. 1997, Staffler 1999), aus diesem Grund wurde beim Sammeln der Proben darauf geachtet, dass zwischen den einzelnen beprobten Individuen ein genügend grosser Abstand eingehalten wurde. Trotzdem kann nicht ganz ausgeschlossen werden, dass ein Individuen mehrmals beprobt wurde. Es ist ebenfalls nicht möglich genaue Gründe für den hohen Anteil an Individuen mit identischen Genotypen innerhalb der Vorkommen T2, S2 und I2 anzugeben. Ob es sich bei einzelnen beprobten *M. germanica* mit identischem Genotyp um angeschwemmte Sprosssteile, Selbstbestäubung oder um eine zufällige Rekombination handelte, muss noch weiter untersucht werden.

Die Vorkommen I5, K1, K11 und L4 wiesen keine und die Vorkommen K3, L2, L5, V1 nur einen gleichen Genotypen auf. Durch die hohe A_R innerhalb und hohen A_R in den Vorkommen oberhalb, ist das Auftreten wiederholt vorkommender Genotypen durch eine zufällige Rekombination weniger wahrscheinlich, aber dennoch wäre Selbstbestäubung und vegetative Ausbreitung möglich. Warum diese Vorkommen keine oder einen sehr tiefen Anteil an identischen Genotypen aufweisen kann nicht gesagt werden.

Individuen mit identischen Genotypen konnten zwischen den Vorkommen T1-I2, T2-I2, I2-K2, I4-K2, I4-K3, I2-Deb und D2-D3 gefunden werden. Eine natürliche Neuansiedlung von einem Sprosssteil über Wasser flussabwärts kann bei I4-K3 und I2-Deb ausgeschlossen werden, da sich diese

nicht entlang des selben Flusslaufs befanden. Die anderen fünf Paare sind miteinander vernetzt und eine Neuansiedlung flussabwärts über Sprossteile ist somit theoretisch möglich.

4.3 Genetische Struktur

Sowohl mittels Strukturanalyse als auch mit den ‚PCoA‘ Grafen liessen sich genetische Differenzierung sowohl zwischen als auch innerhalb von Gewässersystemen nachweisen. Der Lech und die Drau Vorkommen grenzten sich genetisch von dem Isel Einzugsgebiet ab. Der Villgratenbach, welcher oberhalb der Isel in die Drau fliesst, konnte anhand des PCoA Grafen von dem Isel Einzugsgebiet nicht abgegrenzt werden. Er wies aber in der Strukturanalyse einen hohen Anteil eines Genpools auf, welcher im Isel Einzugsgebiet und Debantbach nur vereinzelt auftauchte. Zwischen dem Villgratenbach und dem Isel Einzugsgebiet liegt eine 2600 Meter hohe Bergkette, wodurch das Vorkommen im Villgratental heute vermutlich isoliert von der Isel und ihren Seitenzubringern ist. Das untersuchte Vorkommen am Debantbach beinhaltete verschiedene Genpools, welche auch an der Isel und ihren Seitenzubringern zu finden waren. Vermutlich erfolgte die Besiedlung des Villgraten-, Debant- und Iseltal ausgehend von einem Refugium. Die Isolation von lokalen Vorkommen führte darauf hin zu einer genetische Differenzierung.

In den Jahren 1965/66 führten zwei grosse Unwetter zu Hochwasserkatastrophen an der Isel sowie ihren Seitenzubringern (Gemeinde St. Veit Datum unbekannt). Bereits früher gab es mehrere datierte Ereignisse, bei welchen grosse Geschiebemassen zu Zerstörungen an Infrastrukturen entlang der Gewässer führten. Ereignisse wie diese haben zur Folge, dass sich Auen stark verändert haben und sie teilweise wieder neu besiedelt wurden. Auch *M. germanica* musste sich auf den neu gebildeten Kiesbänken wieder von neuem etablieren. Aufgrund der Stärke der Ereignisse kann davon ausgegangen werden, dass ein grosser Teil der *M. germanica* Vorkommen bei den Unwettern 1965/66 zerstört wurde. Die Besiedelung der durch das Unwetter neu geschaffenen Lebensräume musste somit von Vorkommen erfolgt sein, welche vom Ereignis weitgehend verschont blieben oder allenfalls durch vegetative Ausbreitung von abgerissenen Sprossteilen während des Hochwasserereignisses.

Die stark strukturierten *M. germanica* Vorkommen, sowohl zwischen als auch innerhalb der Gewässer an der Isel und ihren Seitenzubringern sowie der angedeutete flussabwärts gerichtete Genfluss, sind Anzeichen für ein Quell-Empfänger-Metapopulationsgefüge. Aufgrund der häufig wiederkehrenden Ereignisse im Einzugsgebiet der Isel kann vermutet werden, dass hochgelegene (Klein-) Vorkommen von *M. germanica* in Quellgebieten, sowie in Gletschervorfeldern eine grosse Bedeutung als langfristige Quellpopulationen in der Metapopulationsdynamik dieser Art haben. Diese Vorkommen wurden im Rahmen dieser Untersuchung jedoch nicht untersucht. Werth *et al.* (2011) fanden am Ticino in der Schweiz Vorkommen von *M. germanica*, bei welchen es sich ebenfalls um eine Metapopulation mit Quell-Empfänger-Dynamik handelte.

Wie bei keinem anderen Seitenzubringer an der Isel, gibt es am Kalserbach einen deutlichen Genfluss zwischen den drei aufeinanderfolgenden Vorkommen K1, K11 und K3. Anzeichen dafür gab es aufgrund des tiefen F_{ST} , den hohen M-Werten sowie einem dominanten Genpool, welcher in allen drei Vorkommen wieder zu finden war. Diese Aspekte deuten auch darauf hin, dass die Schlucht, welche sich zwischen den Vorkommen K11 und K3 befindet, keinen negativen Einfluss auf den Genfluss hatte. Das Vorkommen beim Zusammenfluss der Isel und Kalserbach (K2) hob sich deutlich von den anderen Vorkommen am Kalserbach ab. Dieses Vorkommen wurde aufgrund der Genpoolzusammensetzung stärker von der Isel beeinflusst.

Der Genpool an der Drau lässt sich mit der Wiederansiedelung an den beiden Standorten Greifenburg und Kleblach-Lind in Kärnten (2000-2003) erklären. Das Pflanzenmaterial stammte aus der über 180 km weiter flussabwärts liegenden Schottergrube in Wunderstätten (Kammerer 2009). An der Drau 2 unterschied sich ein Individuum von den anderen beprobten *M. germanica*. Dieses Individuum konnte einem Genpool zugeordnet werden, welcher dem im Isel Einzugsgebiet vorkommenden Genpool sehr ähnlich war. Die Drau 3 wies bereits einige Hybriden F1 auf, die sich auf einer neuen Sandbank ansiedeln konnten. Es befinden sich in diesem Vorkommen somit auch noch Elternindividuen mit diesem Isel ähnlichen Genpool. Werth (unpubliziert) konnte mit ihren Analysen aufzeigen, dass sich die Genotypen an der Isel mit jenen in der Kiesgrube Kellerberg ähnlich sind. Möglich wäre, dass nebst Pflanzenmaterial aus der Schottergrube in Wunderstätten auch noch zusätzlich Material von der Kiesgrube Kellerberg oder aus dem Isel Einzugsgebiet verwendet wurde.

Die Lech Vorkommen konnten mit zwei Genpools beschrieben werden. Die genetische Struktur dieser Vorkommen war homogener als jene im Einzugsgebiet der Isel. Was einerseits auf den kurzen und linearen (es wurden keine Vorkommen an Seitenzubringern untersucht) Flussabschnitt zurückzuführen war.

4.4 Genetische Differenzierung und historischer Genfluss

„Isolation by Distance“ konnte sowohl im Isel Einzugsgebiet als auch am Lech festgestellt werden. Bereits andere Studien, die Untersuchungen mit *M. germanica* durchführten, konnten die Beziehung zwischen genetischer und geografischer Distanz an verschiedenen Orten bestätigen (Werth und Scheidegger 2014, Werth *et al.* 2014). Zu beachten ist, dass die Berechnung der „Isolation by Distance“ des Isel Einzugsgebiets nicht auf einem linearen Flusssystem basiert, die Seitenzubringer wurden ebenfalls berücksichtigt. Da sich *M. germanica* hauptsächlich über Wind und Wasser ausbreitet (Bill *et al.* 1997, Staffler 1999), ist der Genfluss von der Wasserfließ- und Windrichtung abhängig. Die Vorkommen am Lech wiesen eine geringere „Isolation by Distance“ auf als das Isel Einzugsgebiet, was einerseits auf die oben genannten Gründe zurückzuführen ist und andererseits aber auch an der guten Vernetzung der Vorkommen liegen kann.

Werth *et al.* (2014) konnte in einer Untersuchung der *M. germanica* einen signifikant reduzierten Genfluss zwischen den Vorkommen, welche durch eine Schlucht oder künstliche Barrieren (Dämme) unterbrochen wurden, zeigen. An den drei Seitenzubringern konnte keine signifikante Barrierewirkung durch Schluchten und Geschiebesammler festgestellt werden. Die Schluchten sind zwischen 1.6 km und 3.3 km lang. Diese kurze Distanz könnte mit verantwortlich sein, dass sich der Genfluss nicht signifikant von den anderen Vorkommen ohne Schluchten unterschieden. Die zwei Vorkommen am Tauernbach, zwischen welchen sich die Prosseggklamm befindet, wiesen im Vergleich zu den Vorkommen am Kalserbach einen gehemmten Genfluss auf. Der hohe Genfluss am Kalserbach kam möglicherweise durch die grossen Vorkommen oberhalb der Schlucht zustande. Aufgrund der grossen Menge an Samen, die die Vorkommen aussenden, ist die Chance auch höher, dass sich nach der Schlucht etwas ansamen kann, als wenn es sich um ein kleines Vorkommen handelt wie oberhalb der Prosseggklamm. Die Stichprobengrösse war jedoch zu klein und die Proben waren teilweise abhängig voneinander. Deshalb kann aus unseren Untersuchungen die Wirkung von Schluchten auf den Genfluss von *M. germanica* im Einzugsgebiet der Isel nicht abgeleitet werden.

Da in dieser Untersuchung lediglich ein Geschiebesammler untersucht wurde, kann aufgrund dieses Resultates keine allgemeine Aussage über den Einfluss von Geschiebesammlern auf den Genfluss von *M. germanica* gemacht werden. Tendenziell war die genetische Differenzierung höher zwischen den Vorkommen an der Schwarzach und an der Isel unterhalb des Geschiebesammlers und der 2 km Schlucht, als zwischen Vorkommen ohne Barrieren. Vermutlich sind für den geringeren Genfluss mehrere Faktoren verantwortlich. Einerseits die kleinen lokalen Vorkommen an der Schwarzach und andererseits die Schlucht und der Geschiebesammler.

4.5 Schlussfolgerungen

Im Folgenden wird auf die Fragestellungen des Auftraggebers eingegangen.

1. Unterschiede zwischen den Vorkommen an der Isel und am Lech

Anhand der genetischen Struktur konnten deutliche Unterschiede zwischen den Vorkommen in Osttirol und am Lech erkannt werden (Abbildung 20, S. 33). Die Vorkommen am Lech wiesen einen anderen Genpool auf als jede an der Isel und ihren Seitenzubringern. Diese Resultate bestätigen unsere Vermutungen, die in Müller (2014, S. 5) zitiert sind.

2. Genfluss zwischen der Isel und der Oberen Drau in Kärnten

a) Herkunft der Populationen an der Oberen Drau

Die Bestände in Greifenburg und Kleblach wurden angepflanzt. Das dafür verwendete Pflanzenmaterial stammt aus einer Schottergrube von Wunderstätten, flussabwärts der Drau (Kammerer 2009). In Greifenburg wurde ein Individuum beprobt, welches einen ähnlichen Genpool wie das Isel Einzugsgebiet aufwies (Abbildung 11, S.29). Die Hybriden aus dem Isel ähnlichen Genpool und dem Drau Genpool deuten darauf hin, dass sich in Kleblach noch weitere Individuen mit diesem Isel ähnlichen Genpool befinden. Woher diese Individuen stammen ist nicht klar. Möglicherweise wurde noch Pflanzenmaterial aus der Kiesgrube Kellerberg oder aus dem Isel Einzugsgebiet verwendet.

b) Barrierewirkung zwischen der Isel und der Oberen Drau

Diese Fragestellung kann nicht beantwortet werden, da die Vorkommen an der Oberen Drau angepflanzt wurden. Der Flusslauf zwischen dem Isel Einzugsgebiet und der Tamarisken Populationen an der Drau wird durch keine Barrieren in Form von Dämmen und Schluchten unterbrochen. Jedoch ist beinahe die gesamte, rund 40 km lange, Strecke zwischen Lienz und Greifenburg begradigt. Inwiefern dieser Abschnitt einen Einfluss auf den Genfluss zwischen der Isel und der Oberen Drau hat kann nicht abgeschätzt werden.

3. Genfluss innerhalb des Einzugsgebietes der Isel

a) Populationsdynamische Zusammenhänge und genetische Strukturen

Der Genfluss innerhalb der Seitenzubringern war sehr unterschiedlich. Die Vorkommen am Kalserbach wiesen einen sehr hohen Genfluss zwischen den Vorkommen auf, an der Schwarzach und dem Tauernbach jedoch einen deutlich geringeren (Abbildung 16, S.31). Die drei Seitenzubringer unterschieden sich genetisch nicht signifikant

voneinander (Tabelle 6, S.26). Inwiefern rezenter Austausch zwischen diesen Seitenzubringern stattfindet, kann nicht gesagt werden.

Die komplexe genetische Struktur (mit mehreren Genpools) der Tamariskenvorkommen im Einzugsgebiet der Isel deutet auf eine Metapopulation hin (Abbildung 16, S.31). Wir haben die Vermutung geäußert, dass lokale Vorkommen an Seitenzubringern von Flüssen als wichtige Quellpopulationen für das Haupttal fungieren (Müller 2014). Weil in unseren Untersuchungen jedoch kaum lokale Vorkommen im Quellgebiet der Seitenzubringer untersucht wurden, können gegenwärtig keine präziseren Aussagen zur Metapopulationsdynamik gemacht werden. Die Untersuchung von hochliegenden Vorkommen könnten aber vermutlich die Dynamik der regionalen Metapopulation klären.

Tendenziell nimmt die genetische Diversität in Flussrichtung zu (Tabelle 3, S.22). Ob der Genfluss von der Tamariske im Einzugsgebiet der Isel vorwiegend flussabwärts gerichtet ist oder ob der Genfluss flussaufwärts ebenfalls eine wichtige Rolle spielt, müsste mit der Berechnung des rezenten Genflusses noch weiter analysiert werden. Diese Analyse erfordert eine Computerrechenzeit von mehreren Wochen und konnte daher im Zeitrahmen dieser Arbeit nicht durchgeführt werden. Wir vermuten jedoch, dass die Seitenzubringer und der Oberlauf der Isel nach den Hochwasserereignissen von 1965/1966 für die Populationsstruktur der Deutschen Tamariske längs des Unterlaufes der Isel eine wesentliche Rolle gespielt haben.

b) Barrierewirkung von Geschiebesammler und Schluchten

Gefällestufen wie die Prosegglamm, die Schlucht an der Schwarzach und die Schlucht am Kalserbach zwischen Lesach und Unterpeischlach haben vermutlich einen geringen Einfluss auf den Genfluss von der Deutschen Tamariske (Tabelle 8 und Abbildung 26, S.36). Weil nur ein Geschiebesammler in die Untersuchung einbezogen werden konnte, lässt sich keine Aussage über den Effekt von Geschiebesammlern auf den Genfluss der Deutschen Tamariske machen. Bei einer Untersuchung von Werth et. al. (2014) konnte jedoch ein signifikant negativer Einfluss von Dämmen auf den Genfluss von der Deutschen Tamariske aufgezeigt werden.

4. Massnahmen zur Minimierung anthropogen verursachter Barrieren

Im Rahmen dieser Untersuchung konnten keine anthropogenen Barrieren für die Deutsche Tamariske erkannt werden, aber dennoch müssen für den Erhalt der Art im Einzugsgebiet der Isel einige Punkte beachtet werden. Um die Deutsche Tamariske im Einzugsgebiet der Isel erhalten zu können, ist es besonders wichtig, dass die Quellpopulationen erhalten und gefördert werden (Werth *et al.* 2011). Diese befinden sich häufig in den Gletschervorfeldern

und in den Quellgebieten. Je nach Hochwasserereignis können unterschiedliche Vorkommen zerstört werden und unterschiedliche Vorkommen als Quellpopulationen dienen. Aus diesem Grund ist es wichtig, dass sich der Schutz nicht auf einzelne Vorkommen beschränkt. Grössere Vorkommen in den Flussauen erfüllen wichtige Ökosystemleistungen, unter anderem für die Stabilisierung von Kiesbänken. Für die Erhaltung der genetischen Diversität tragen nicht nur grosse Vorkommen bei, auch kleine Vorkommen können über eine grosse genetische Diversität verfügen (Abbildung 6, S.23) und für die Wiederansiedelung von neuen Standorten verantwortlich sein. Nach unserer Auffassung gibt es keine redundanten Vorkommen, die über keine Funktion in der Metapopulation verfügen.

Des Weiteren muss die longitudinale Vernetzung erhalten bleiben, damit die Wiederansiedlung von neuen Standorten erfolgen und Genfluss zwischen den Vorkommen stattfinden kann. Ebenfalls sollte die Dynamik der Flüsse sichergestellt werden (Werth *et al.* 2011), so dass die Tamariske nicht durch konkurrenzstarke Arten wie Weiden und Grauerlen verdrängt wird.

4.6 Ausblick

Bei der vorliegenden Untersuchung wurde das ‚Sampling Design‘ so angelegt, dass insbesondere der Einfluss der Seitenzubringer auf die Isel untersucht werden konnte. Eine weitere Untersuchung mit den drei bis fünf höchstgelegenen Vorkommen (Quellpopulationen) wäre insofern wertvoll, da dadurch die Bedeutung dieser Vorkommen für die gesamte Metapopulation abgeschätzt, sowie die Hypothese eines bevorzugten unidirektionalen Genflusses überprüft werden könnte. Bei einem paarweisen Vergleich der ‚Expected Heterozygosity‘ von flussauf- und flussabwärts gelegenen Vorkommen, kann diese Hypothese ebenfalls bis zu einem gewissen Grad beantwortet werden. Diese Analyse wird in einem weiterführenden Projekt analysiert.

Die Berechnung des rezenten Genflusses könnte zusätzlichen Aufschluss über die Vernetzung der Bestände, Barrierewirkung und Wiederbesiedlung nach Ereignissen an der Isel und Seitenzubringern geben. Zudem könnte durch die Berechnung eines weiteren statistischen Tests auf einfache Weise noch eine grössere Aussagekraft über die Barrierewirkung von Schluchten und Geschiebesammlern erreicht werden. Dabei könnte man einerseits die Flussdistanz zwischen den Vorkommen und alle genetischen Distanzen (F_{ST} nach Slatkin) sowie alle historischen Genflüsse (M-Werte), bei welchen sich dazwischen eine Schlucht oder ein Geschiebesammler befindet, verwenden. Die ‚Isolation by Distance‘ ist im Einzugsgebiet sehr klein, daher wäre diese Berechnung besser geeignet, da diese auch Vorkommen an der Isel und die genaue Distanz zwischen den Vorkommen berücksichtigt. Jedoch ist auch bei dieser Berechnungsweise die Stichprobengrösse immer noch zu klein um eine sichere Aussage über den Effekt von Geschiebesammlern auf den Genfluss von *M. germanica* zu machen. Aus diesem Grund müssten zusätzlich in anderen Gebieten Geschiebesammler untersucht werden, damit eine genügend grosse Stichprobenzahl erreicht werden kann. Zudem könnte mit einer genauen Betrachtung des Fliessverhaltens des Wassers vor dem Geschiebesammler abgeschätzt werden, wie der Effekt auf die Samen und Sprossteile von *M. germanica* zu bewerten ist.

Da in vier Vorkommen Individuen mit demselben Genotypen in jeweils zwei Vorkommen auftraten, wäre in einer weiteren Analyse abzuklären wie hoch die Wahrscheinlichkeit ist, dass die identischen Genotypen durch zufällige Rekombination oder durch vegetative Ausbreitung, beziehungsweise durch Selbstbestäubung entstanden sind. Kann nachgewiesen werden, dass es sich bei den genetisch identischen Individuen um Klone handelt, könnte ein Genfluss zwischen einzelnen Vorkommen belegt werden.

5 Glossar (Auswahl)

Genfluss: Bewegung zwischen Vorkommen, welche zu genetischem Austausch führt (Endler 1977 in Hedrick (2011)).

Genotyp: Kombination der Allele innerhalb von einem Organismus von den 21 untersuchten Loci (Peakall und Smouse 2012).

Genpool: In einem Genpool werden Individuen zusammengefasst, welche über eine ähnliche genetische Struktur verfügen.

Locus/Loci: Ort wo sich ein Gen im Genom befindet (Hedrick 2011).

Vorkommen: Gesamtheit aller vorkommenden Individuen an einem abgrenzbaren Standort.

6 Literaturverzeichnis

- AdTLR (Amt der Tiroler Landesregierung), Abt. Umweltschutz, 2013: Übersichtskarte Osttirol - *Myricaria germanica*. tiris, Innsbruck.
- ATL (Amt der Tiroler Landesregierung), 2006: 39.Verordnung der Landesregierung vom 18. April 2006 über geschützte Pflanzenarten, geschützte Tierarten und geschützte Vogelarten (Tiroler Naturschutzverordnung 2006). Landesgesetzblatt für Tirol 18: 211-20.
- Barbas, C.F., Burton, D.R., Scott, J.K., Silverman, G.J., 2007: Quantitation of DNA and RNA. Cold Spring Harbor Protocols 2007: pdb. ip47.
- Bessetti, J., 2007: An introduction to PCR inhibitors. Journal of Microbiological Methods 28: 159-67.
- Bill, H., Spahn, P., Reich, M., Plachter, H., 1997: Bestandsveränderungen und Besiedlungsdynamik der Deutschen Tamariske, *Myricaria germanica* (L.) Desv., an der Oberen Isar (Bayern). Zeitschrift für Ökologie und Naturschutz 6: 137-50.
- Bürger, A., 1991: Geographie und Flussbettmorphologie des Lech. Der Lech–Wandel einer Wildflusslandschaft. Augsburg. Ökologische Schriften 2, Augsburg.
- Dieringer, D., Schlötterer, C., 2003: Microsatellite analyser (MSA): a platform independent analysis tool for large microsatellite data sets. Molecular Ecology Notes 3: 167-69.
- Egger, G., Steineder, R., Angermann, K., 2014: Erhebung und Bewertung der Deutschen Tamariske (FFH Lebensraumtyp 3230 Alpine Flüsse mit Ufergehölzen von *Myricaria Germanica*) an der Isel und deren Zubringern Tauernbach, Schwarzach und Kalserbach. eb&p Umweltbüro GmbH, Klagenfurt.
- Ellenberg, H., Leuschner, C., 1996: Vegetation mitteleuropas mit den Alpen: In ökologischer, dynamischer und historischer Sicht. 5. Auflage. Ulmer, Stuttgart.
- Excoffier, L., Lischer, H., 2011: Arlequin ver 3.5.1.3 User manual. Computational and Molecular Population Genetics Lab (CMPG), Bern.
- Excoffier, L., Lischer, H.E., 2010: Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. Molecular ecology resources 10: 564-67.
- Excoffier, L., Smouse, P.E., Quattro, J.M., 1992: Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. Genetics 131: 479-91.
- Falush, D., Stephens, M., Pritchard, J.K., 2007: Inference of population structure using multilocus genotype data: dominant markers and null alleles. Molecular ecology notes 7: 574-78.
- Fink, M.H., Moog, O., Wimmer, R., 2000: Fließgewässer-Naturräume Österreichs. Monographien, Band 128. Umweltbundesamt, Wien.

- Gemeinde St. Veit, D., Datum unbekannt: Die Hochwasserkatastrophe im September 1965. Abgerufen am 30.09.2014 von <http://www.defereggental.eu/index.php?PagelId=1287&CurrentId=3&LangId=1>.
- Gower, J.C., 1966: Some distance properties of latent root and vector methods used in multivariate analysis. *Biometrika* 53: 325-38.
- Habersack, H., Sereinig, N., 2004: Petutschnig W. & Honsig-Erlenburg W. (Ed.): Das Obere Drautal. Tiere, Pflanzen und Lebensräume einer inneralpinen Flusslandschaft. Verlag des Naturwissenschaftlichen Vereins für Kärnten, Klagenfurt 61: 24–41
- Hanski, I., 1998: Metapopulation dynamics. *Nature* 396: 41-49.
- Hanski, I., Zhang, D.-Y., 1993: Migration, metapopulation dynamics and fugitive co-existence. *Journal of Theoretical Biology* 163: 491-504.
- Hartl, D.L., Clark, A.G., 2007: Principles of Population Genetics. Sinauer Associates, Massachusetts.
- Hedrick, P., 2011: Genetics of populations. Jones & Bartlett Learning, Sudbury.
- Hegi, G., 1975: Illustrierte Flora von Mitteleuropa: Band 5., Teil 1. Paul Parey, Berlin: 1038-43.
- IDANE (Interdepartementaler Ausschuss Nachhaltige Entwicklung), 2012: Nachhaltige Entwicklung in der Schweiz – Ein Wegweiser. Bern.
- Kammerer, H., 2003: Artenschutzprojekt Deutsche Tamariske–Möglichkeiten und Aussichten einer Wiederansiedelung von *Myricaria germanica* im Gesäuse. Unveröff. Studie iA Nationalpark Gesäuse GesmbH, Graz.
- Kammerer, H., 2009: Machbarkeitsstudie Deutsche Tamariske, *Myricaria germanica*, im Gesäuse. Studie im Auftrag der NP Gesäuse GmbH., Graz.
- Kruskal, W.H., Wallis, W.A., 1952: Use of ranks in one-criterion variance analysis. *Journal of the American statistical Association* 47: 583-621.
- Kudrnovsky, H., Stöhr, O., 2013: *Myricaria germanica* (L.) DESV. historisch und aktuell in Österreich: ein dramatischer Rückgang einer Indikatorart von europäischem Interesse. *STAPFIA* 99: 13-34.
- Landmann, A., 2013: Die Deutsche Tamariske *Myricaria germanica* (L.) im Flusssystem der Isel (Osttirol) - Bedeutung der Bestände vor dem Hintergrund von Kraftwerksplänen an der Oberen Isel. Studie im Auftrag des WWF, Österreich.
- Lener, F.P., 2011: Etablierung und Entwicklung der Deutschen Tamariske (*Myricaria germanica*) an der oberen Drau in Kärnten. Uni Wien.
- Lienz, B.R., Michor, K., 1989: Ist-Zustandsdokumentation für das Gewässerbetreuungskonzept an der Isel. Baubezirksamt.

- Liu, Y., Wang, Y., Huang, H., 2006: High interpopulation genetic differentiation and unidirectional linear migration patterns in *Myricaria laxiflora* (Tamaricaceae), an endemic riparian plant in the Three Gorges Valley of the Yangtze River. *American Journal of Botany* 93: 206-15.
- Meusel, H., Jäger, E., Rauschert, S.W., Weiner, E., 1978: Vergleichende Chorologie der zentraleuropäischen Flora. Band 2. VEB Fischer Jena.
- Michor, K., 1989: Wasserbetreuungskonzept für die Isel in Osttirol. Ist-Zustandsdokumentat. Studie im Auftrag der Baubezirksamtes Lienz, Abteilung für Wasserbau.
- Müller, N. 2014. Wasserkraftanlagen und FFH Lebensräume „Alpine Flüsse“ unter besonderer Berücksichtigung der Deutschen Tamariske in Tirol. Institut für Landschaftspflege & Biotopentwicklung, Erfurt.
- Peakall, R., Smouse, P.E., 2012: GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics* 28: 2537-39.
- Petutschnig, W., 1994: Die Deutsche Tamariske (*Myricaria germanica* (L.) DESV.) in Kärnten. *Carinthia II* 184./104. Jahrgang: 19-30.
- Petutschnig, W., 2009: Die Deutsche Tamariske. Eine gelungene Wiederansiedlung an der Oberen Drau in Kärnten. Flüsse in Österreich. Lebensadern für Mensch, Natur und Wirtschaft: 284-86.
- Pollux, B., Luteijn, A., Van Groenendael, J., Ouborg, N., 2009: Gene flow and genetic structure of the aquatic macrophyte *Sparganium emersum* in a linear unidirectional river. *Freshwater Biology* 54: 64-76.
- Pritchard, J.K., Stephens, M., Donnelly, P., 2000: Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155: 945-59.
- Pulliam, H.R., Danielson, B.J., 1991: Sources, sinks, and habitat selection: a landscape perspective on population dynamics. *American naturalist* 137: 50-66.
- Rosgen, D.L., 1994: A classification of natural rivers. *Catena* 22: 169-99.
- Schälchli, U., Abegg, J., Hunzinger, L., 2005: Geschiebe-und Schwebstoffproblematik in Schweizer Fliessgewässern. Etude réalisée sur mandat de l'OFEV.
- Schletterer, M., Scheiber, T., 2008: Wiederansiedlung der Deutschen Tamariske (*Myricaria germanica* (L.) DESV.) an der Leutascher Ache (Nordtirol, Österreich). *Berichte des naturwissenschaftlichen-medizinischen Verein Innsbruck* 95: 53-65.
- Schober, S., 2006: Flussmorphologische Prozesse am Beispiel alpiner Einzugsgebiete. Guthmann-Peterson, Wien.
- Staffler, H., 1999: Die Deutsche Tamariske (*Myricaria germanica* (L.) Desv.)—Bepflanzung und Pflege von verbauten Bachböschungen in Südtirol. *Mitteilungen der Gesellschaft für Ingenieurbiologie* 14: 2-6.

- Tero, N., Aspi, J., Siikamäki, P., Jäkäläniemi, A., Tuomi, J., 2003: Genetic structure and gene flow in a metapopulation of an endangered plant species, *Silene tatarica*. *Molecular Ecology* 12: 2073-85.
- Werth, S., Scheidegger, C., 2011: Isolation and characterization of 22 nuclear and 5 chloroplast microsatellite loci in the threatened riparian plant *Myricaria germanica* (Tamaricaceae, Caryophyllales). *Conservation Genetics Resources* 3: 445-48.
- Werth, S., Scheidegger, C., 2014: Gene flow within and between catchments in the threatened riparian plant *Myricaria germanica*. *PloS one* 9: e99400.
- Werth, S., Schödl, M., Scheidegger, C., 2014: Dams and canyons disrupt gene flow among populations of a threatened riparian plant. *Freshwater Biology* 59: wb.12449.
- Werth, S., Weibel, D., Alp, M., Junker, J., Karpati, T., Peter, A., Scheidegger, C., 2011: Lebensraumverbund Fließgewässer: Die Bedeutung der Vernetzung. *Wasser Energie Luft* 3: 224-34.
- Wittmann, H., Rücker, T., 2006: Über ein Wiederansiedlungsprojekt der Deutschen Tamariske (*Myricaria germanica*) im Bundesland Salzburg (Österreich). *Beiträge zur Naturkunde Oberösterreichs* 16: 91-103.

7 Abbildungs- und Tabellenverzeichnis

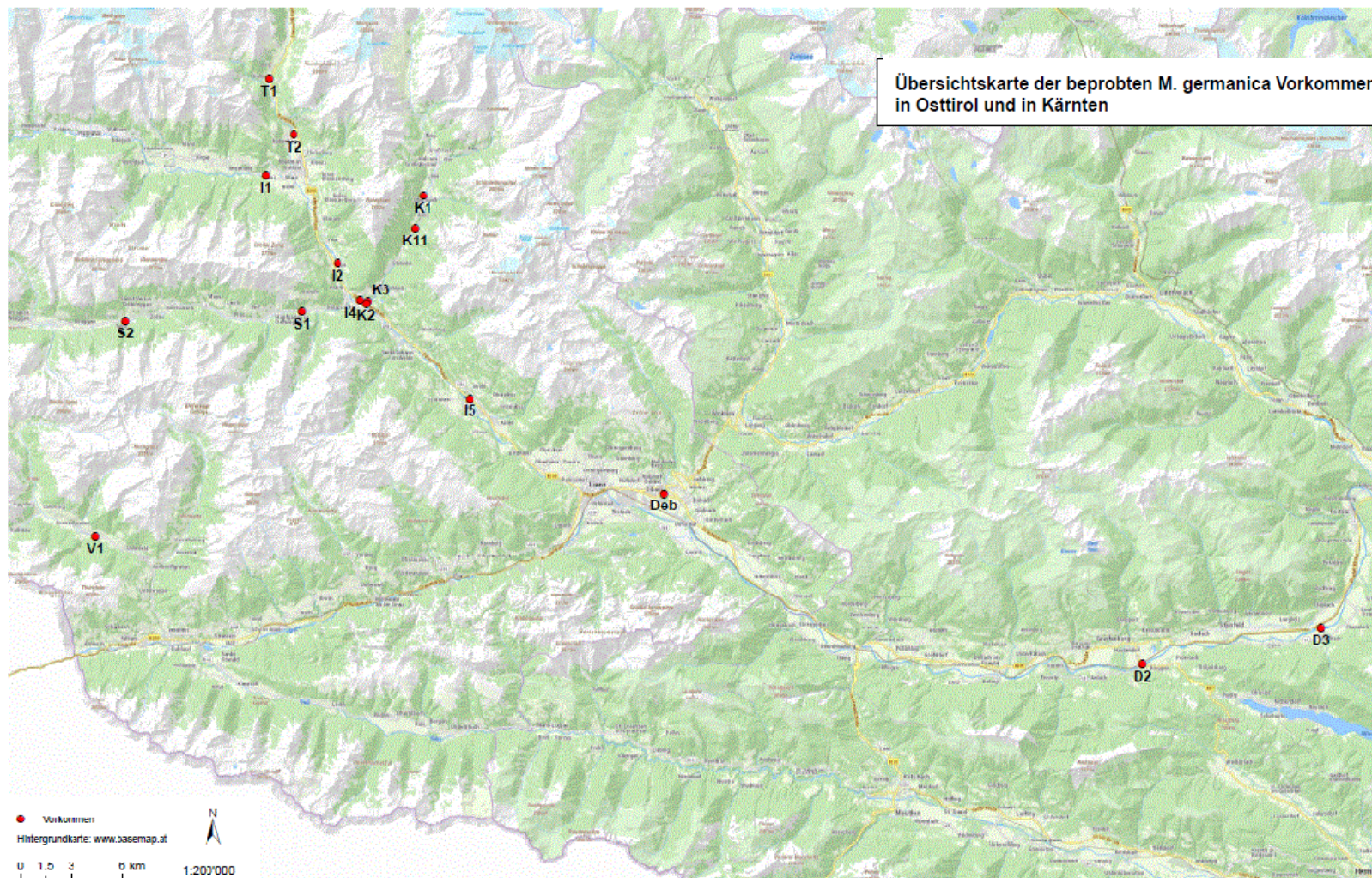
Abbildung 1 Karte vom Westen Österreichs.	9
Abbildung 2 Fragmentlängenanalyse ohne Anpassungen im Binset.	16
Abbildung 3 Fragmentlängenanalyse mit korrigierten Binset.	16
Abbildung 4 Darstellung der 'Expected Heterozygosity' der beprobten Vorkommen.	20
Abbildung 5 Darstellung der 'Allelic Richness' der beprobten Vorkommen.	21
Abbildung 6 H_E in Bezug auf die Grösse des Vorkommens. $r = 0.41$, $p = 0.19$	23
Abbildung 7 Darstellung von Genotypen, die in zwei verschiedenen Vorkommen im Isel Einzugsgebiet vorkamen.	25
Abbildung 8 'Principal coordinates' (Koordinaten 1 und 2) Darstellung mit allen Vorkommen..	27
Abbildung 9 'Principal coordinates' (Koordinaten 1 und 2) Darstellung mit dem Isel Einzugsgebiet.	28
Abbildung 10 'Principal coordinates' (Koordinaten 1 und 2) Darstellung mit den Lech Vorkommen..	28
Abbildung 11 Strukturanalyse des gesamten Untersuchungsgebietes.	29
Abbildung 12 'Tree plot' des gesamten Untersuchungsgebiets.	30
Abbildung 13 K Diagramm des gesamten Untersuchungsgebiets.	30
Abbildung 14 Strukturanalyse der Vorkommen in Osttirol; $K = 2$	31
Abbildung 15 Strukturanalyse der Vorkommen in Osttirol; $K = 4$	31
Abbildung 16 Strukturanalyse der Vorkommen in Osttirol; $K = 7$	31
Abbildung 17 Genintrogression der Vorkommen in Osttirol; $K = 7$	32
Abbildung 18 'Tree plot' der Vorkommen in Osttirol.	32
Abbildung 19 K Diagramm der Vorkommen in Osttirol.	32
Abbildung 20 Strukturanalyse der Vorkommen am Lech; $K = 2$	33
Abbildung 21 Genintrogression der Vorkommen am Lech; $K = 2$	33
Abbildung 22 K Diagramm der Lech Vorkommen.	33
Abbildung 23 Genetische Strukturen innerhalb der Lech Vorkommen; $K = 2$	34
Abbildung 24 Genetische Strukturen der Osttiroler und der zwei Drau Vorkommen; $K = 8$	34

Abbildung 25 Darstellung der Beziehung ausgewählter Vorkommen (Tabelle 2) zwischen den $F_{ST}/(1-F_{ST})$ -Werten und geographischen Distanz.	36
Abbildung 26 Verteilung der berechneten Residuen $F_{ST} / (1 - F_{ST})$ nach Barrierentyp.	36
Tabelle 1 27 Mikrosatelliten nach Werth und Scheidegger (2011)..	14
Tabelle 2 Auflistung der Vorkommenspaare mit den dazugehörigen Werten, die für die Berechnung der Barrierewirkung verwendet wurden.....	19
Tabelle 3 Beschreibung der Vorkommen mit Angaben zu der genetischen Diversität.....	22
Tabelle 4 Auflistung der Genotypen und Anteil an genetisch identischen Individuen pro Vorkommen.....	24
Tabelle 5 Genotypen welche im Einzugsgebiet der Isel in mehreren Vorkommen vorkamen.....	24
Tabelle 6 Resultate der 'Hierarchical analysis of molecular variance' (AMOVA).....	26
Tabelle 7 Resultate der 'Hierarchical analysis of molecular variance' (AMOVA).....	26
Tabelle 8 Statistische Auswertung der Barrierewirkung von einem Geschiebesammler + Schlucht (G+S) und von Schluchten (S) mittels Kruskal-Wallis Test.	36

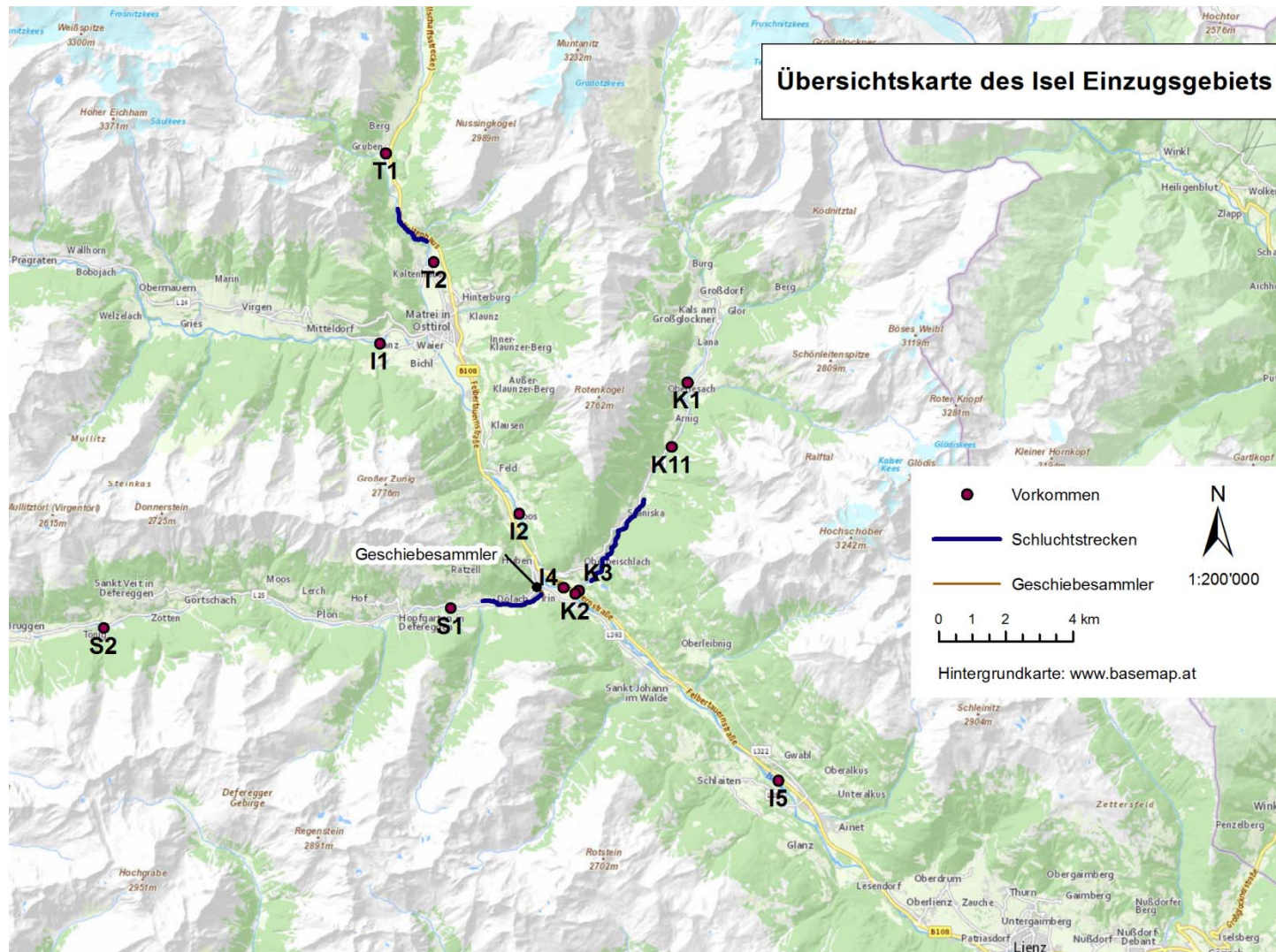
Anhang

Anhang 1 Übersichtskarte Isel und Obere Drau	2
Anhang 2 Übersichtskarte Isel mit Schluchten und Geschiebesammler	3
Anhang 3 Karte des Isel Einzugsgebiets mit der Grösse der Vorkommen.....	4
Anhang 4 Übersichtskarte Lech.....	5
Anhang 5 Beschreibung der Vorkommen.....	6
Anhang 6 DNA- und Proteinkonzentration der Proben nach der DNA Extraktion.....	28
Anhang 7 Protokoll Ethanolausfällung.....	29
Anhang 8 DNA- und Proteinkonzentration der Proben nach der Ethanolausfällung.....	30
Anhang 9 3730x DNA Analyzer Run Module.....	31
Anhang 10 Karte von Osttirol mit genetischer Struktur der Vorkommen.....	32

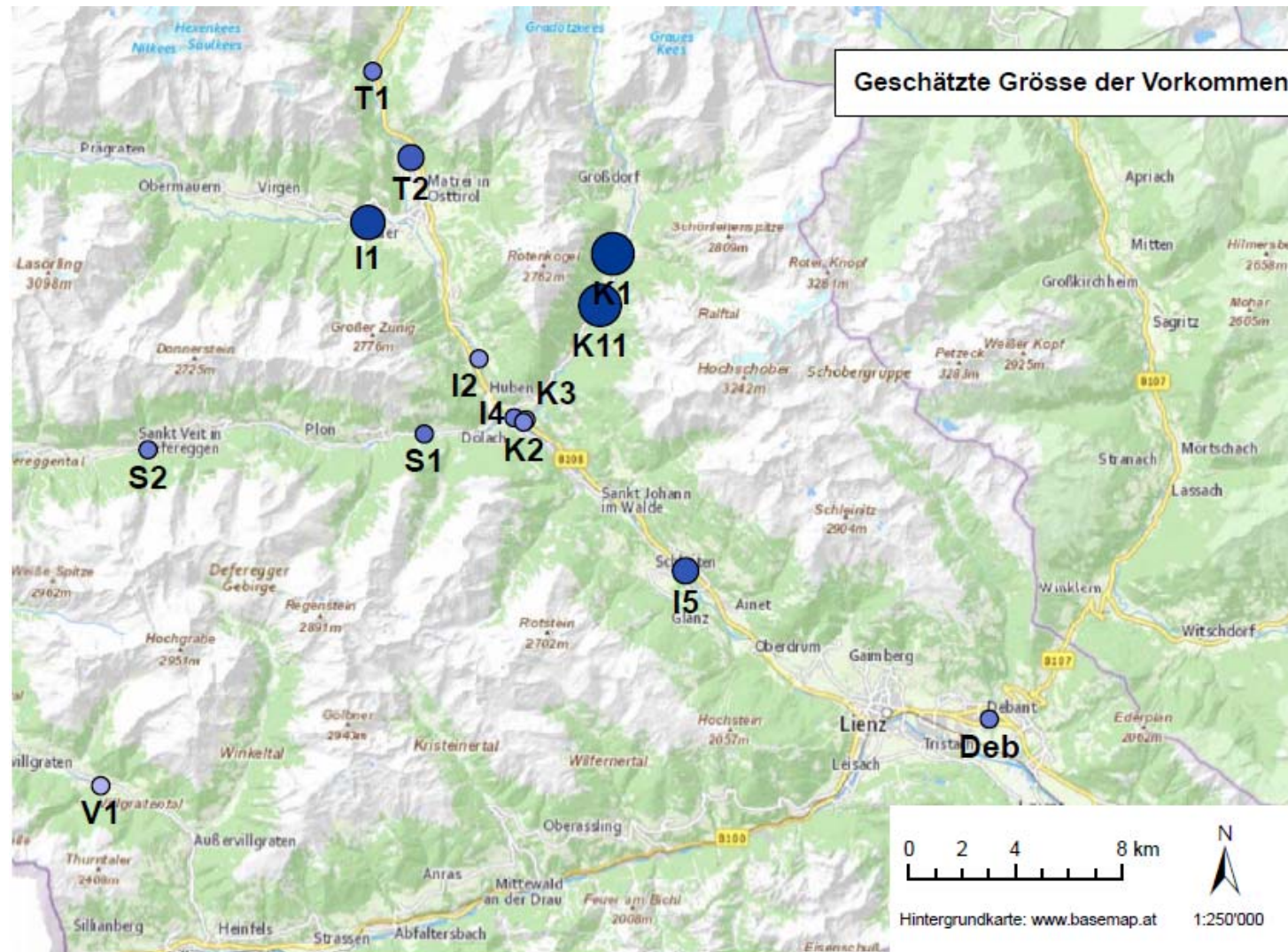
Anhang 1 Übersichtskarte Isel und Obere Drau (A3)



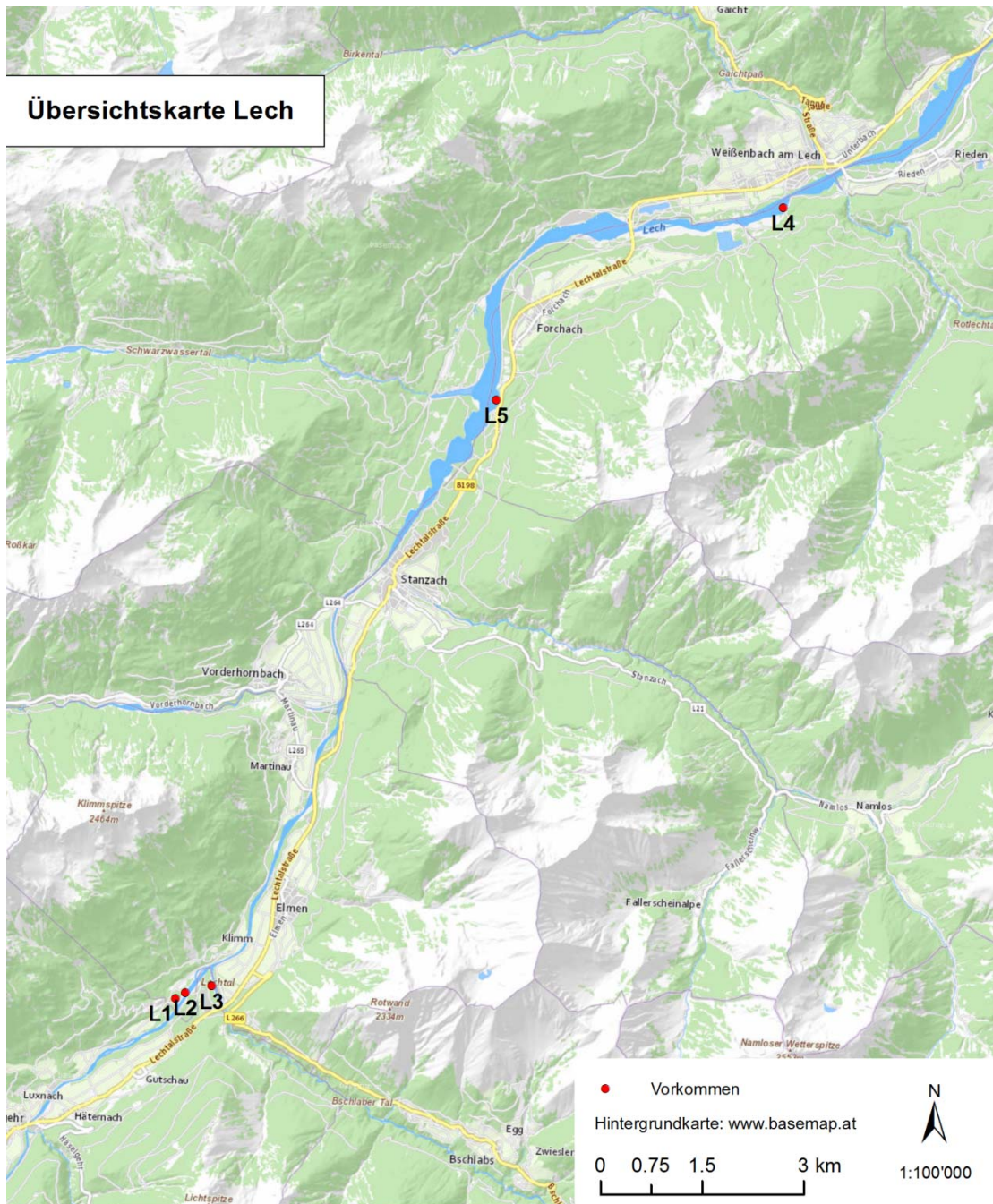
Anhang 2 Übersichtskarte des Isel Einzugsgebiets mit Schluchten und Geschiebesammler



Anhang 3 Karte des Isel Einzugsgebiets mit Grösse der Vorkommen



Anhang 4 Übersichtskarte Lech



Anhang 5 Beschreibung der Vorkommen

Nachfolgend werden die einzelnen untersuchten Vorkommen kurz beschrieben und mit Fotos dokumentiert (Bilder von Christoph Scheidegger). Zu jedem Vorkommen gibt es ein Orthofoto, aus Google Earth, mit den Koordinaten der beprobten Individuen einen Überblick über die Stichprobenverteilung. Aufgrund des teilweise schlechten GPS-Empfanges, kam es vor, dass die Stichproben leicht verschoben dargestellt wurden und einzelne Individuen sich beispielsweise fälschlicherweise im Fluss befinden.

Die angegebenen Grössen der Vorkommen beziehen sich auf die beprobten Kiesbänke. Befanden sich in der näheren Umgebung oder am gegenüberliegenden, Ufer nicht erreichbare weitere Vorkommen wurden diese nicht miteingerechnet. Geschätzt wurden die Anzahl adulter Individuen. Folgt der Zahl jedoch ein j, wurden auch die juvenilen Tamarisken eingerechnet.

Die Beschreibung der Flussmorphologie basiert auf den Begriffen von (Rosgen 1994). Es wurde versucht mit kurzen Beschreibungen die Geomorphologie des Gewässerabschnittes zu charakterisieren.

Isel		Vorkommen I1
Bundesland	Tirol (Osttirol)	
Gemeinde	Matrei in Osttirol	
Koordinaten	12.51214497/ 46.99425199	
Höhenmeter	946	
Stichprobengrösse	35	
Populationsgrösse	150 -250	
Flussmorphologie	Braided channel with longitudinal and transverse bars; eroding banks	



Abb. 1 Kiesbank umspült, mit sowohl juvenilen als auch adulten Tamarisken. Ansicht flussaufwärts.



Abb. 2 Selbe Kiesbank wie in Abb. 1. Ansicht flussaufwärts.



Abb. 3 Kiesbank am linken Ufer mit grossen adulten Individuen.



Abb. 4 Substrat der Kiesbänke mit Tamarisken Keimlingen.

Isel		Vorkommen I2
Bundesland	Tirol (Osttirol)	
Gemeinde	Matrei in Osttirol	
Koordinaten	12.56763903/ 46.94859199	
Höhenmeter	865-883	
Stichprobengrösse	28	
Populationsgrösse	30-40 _j	
Flussmorphologie	Braided channel with longitudinal bars; eroding banks	
Bemerkungen	An zwei Standorten Tamarisken beprobt.	



Abb. 5 Kiesbank 2. Ansicht flussaufwärts.



Abb. 6 Kiesbank 2, oberhalb Abb. 5. Blickrichtung flussaufwärts.



Abb. 7 Kiesbank 1. Ansicht flussabwärts.



Abb. 8 Kiesbank 1. Ansicht flussabwärts.



Abb. 9 Oberster Abschnitt der Kiesbank 1. Zusammenfluss Isel und Mellitzbach.



Abb. 10 Kiesbank 1. Tamariske beim Zusammenfluss Isel und Mellitzbach.

Isel		Vorkommen I4
Bundesland	Tirol (Osttirol)	
Gemeinde	Kals am Grossglockner	
Koordinaten	12.58526903/ 46.92874901	
Höhenmeter	818	
Stichprobengrösse	40	
Populationsgrösse	40-50 _j	
Flussmorphologie	Braided channel with longitudinal bars; eroding banks	



Abb. 11 Obere Abschnitt der Kiesbank. Ansicht flussabwärts.



Abb. 12 Seitenarm der Isel, zwischen linkem Ufer und beprobter Kiesbank. Ansicht flussabwärts.



Abb. 13 Rand der Kiesbank. Ansicht flussaufwärts.



Abb. 14 Tamariske auf Seite des Hauptflusses.

Isel		Vorkommen I5
Bundesland	Tirol (Osttirol)	
Gemeinde	Ainet	
Koordinaten	12.67046303/ 46.87751597	
Höhenmeter	722	
Stichprobengrösse	31	
Populationsgrösse	<100	
Flussmorphologie	Braided channel with longitudinal and transverse bars; eroding banks	



Abb. 15 Rand der Kiesbank im unteren Bereich. Ansicht flussaufwärts.



Abb. 16 Kiesbank im oberen Bereich. Ansicht flussaufwärts.



Abb. 17 Kiesbank im oberen Bereich. Ansicht flussabwärts.



Abb. 18 Kiesbank mit Tamarisken auf der gegenüberliegenden Seite der beprobten Kiesbank.

Tauernbach		Vorkommen T1
Bundesland	Tirol (Osttirol)	
Gemeinde	Matrei in Osttirol	
Koordinaten	12.51374398/ 47.04539199	
Höhenmeter	1142	
Stichprobengrösse	31	
Populationsgrösse	45- 55	
Flussmorphologie	Moderately entrenched, riffle dominated channel; stable plan, profile and banks	



Abb. 19 Zufluss von Frosnitzb in den Tauernbach. Auf der linken Bildseite befindet sich das Tamariskenvorkommen. Ansicht Richtung Tauernbach.



Abb. 20 Tamarisken und Weiden.



Abb. 21 Rechte Kiesbankseite mit hohen Birken und Fichten.

Tauernbach		Vorkommen T2
Bundesland	Tirol (Osttirol)	
Gemeinde	Matrei in Osttirol	
Koordinaten	12.53304298/ 47.01630796	
Höhenmeter	949	
Stichprobengrösse	32	
Populationsgrösse	75 - 100	
Flussmorphologie	Low-gradient, alluvial channels with broad, well-defined floodplains	



Abb. 22 Ansicht (flussaufwärts) der beprobten Kiesbank.



Abb. 23 Tamarisken am Rande der Kiesbank.



Abb. 24 Ansicht der Kiesbank flussabwärts.



Abb. 25 Höchstgelegenes einzelnes Individuum.

Schwarzach		Vorkommen S2
Bundesland	Tirol (Osttirol)	
Gemeinde	Sankt Veit in Deferegggen	
Koordinaten	12.40497496/ 46.91661403	
Höhenmeter	1264	
Stichprobengrösse	31	
Populationsgrösse	40 - 50	
Flussmorphologie	Braided channel; more or less stable plan and profile; channel with longitudinal bars	



Abb. 26 Links oben, beprobtes Flussufer. Rechts beprobte Kiesbank. Abbildung flussaufwärts.



Abb. 27 Übersicht des beprobten Ufers und Kiesbank in der Flussmitte.

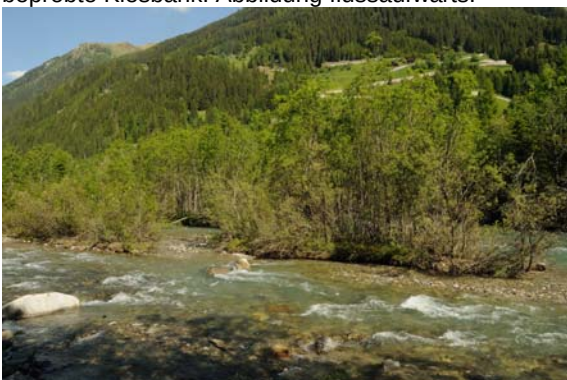


Abb. 28 Kiesbänke mit Tamarisken.



Abb. 29 Kiesbänke mit Tamarisken.

Schwarzach		Vorkommen S1
Bundesland	Tirol (Osttirol)	
Gemeinde	Hopfgarten in Deferegggen	
Koordinaten	12.54103303/ 46.92298997	
Höhenmeter	1001	
Stichprobengrösse	31	
Populationsgrösse	50 - 75	
Flussmorphologie	Boulder-dominated channel; riffle dominated channel; stable plan, profile and banks	



Abb. 30 Ansicht der Kiesbank flussaufwärts. Am rechten Flussufer hat es einzelne Tamariskenindividuen.



Abb. 31 Ansicht Kiesbank flussabwärts.



Abb. 32 Tamarisken inmitten grobem Schotter.



Abb. 33 Geschiebesammler 2.8 km (Luftlinie) unterhalb des S1 Vorkommens.

Kalserbach		Vorkommen K1
Bundesland	Tirol (Osttirol)	
Gemeinde	Kals am Grossglockner	
Koordinaten	12.63324402/ 46.98445598	
Höhenmeter	1240	
Stichprobengrösse	30	
Populationsgrösse	400 - 600	
Flussmorphologie	Braided channel with longitudinal and transverse bars; very wide channel with eroding banks	



Abb. 34 Eine der bepropten Tamariskenkiesbänke. Homogenes Tamariskenvorkommen.



Abb. 35 Weitere Kiesbank mit verstreuten älteren Individuen.



Abb. 36 Aufnahme der Kiesbänke flussaufwärts.



Abb. 37 Homogenes Tamariskenvorkommen auf einer Kiesbank in der Mitte des Kalserbachs.

Kalserbach		Vorkommen K11
Bundesland	Tirol (Osttirol)	
Gemeinde	Kals am Grossglockner	
Koordinaten	12.62713001/ 46.96703897	
Höhenmeter	1183	
Stichprobengrösse	31	
Populationsgrösse	300 - 400	
Flussmorphologie	Braided channel with longitudinal bars; eroding banks, riffle dominated	



Abb. 38 Oberer Bereich der beprobten Kiesbank.



Abb. 39 Unterer Teil der beprobten Kiesbank.



Abb. 40 Rechtes Flussufer mit einzelnen Tamarisken.



Abb. 41 Nahansicht des oberen Bereichs der Kiesbank.

Kalserbach		Vorkommen K3
Bundesland	Tirol (Osttirol)	
Gemeinde	Kals am Grossglockner	
Koordinaten	12.59118204/ 46.92805599	
Höhenmeter	805	
Stichprobengrösse	29	
Populationsgrösse	30 _j	
Flussmorphologie	Alluvial channels with well-defined floodplains	



Abb. 42 Auf der rechten Flussseite befindet sich das Tamariskenvorkommen mit hauptsächlich juvenilen Individuen. Ansicht flussaufwärts.



Abb. 43 Abbildung einer juvenilen Tamariske.



Abb. 44 Nahansicht der Kiesbank flussaufwärts.

Kalserbach		Vorkommen K2
Bundesland	Tirol (Osttirol)	
Gemeinde	Kals am Grossglockner	
Koordinaten	12.58997697/ 46.92727799	
Höhenmeter	795	
Stichprobengrösse	30	
Populationsgrösse	35-45	
Flussmorphologie	Moderately entrenched with well-defined floodplain, moderate- gradient; more or less stable banks	



Abb. 45 Mündung des Kalserbach in die Isel. Ansicht flussabwärts.



Abb. 46 Auf der linken Uferseite befinden sich einige Tamarisken. Ansicht flussaufwärts.



Abb. 47 Tamarisken im Mündungsbereich.

Villgratenbach		Vorkommen V1
Bundesland	Tirol (Osttirol)	
Gemeinde	Innervillgraten	
Koordinaten	12.38363204/ 46.80284302	
Höhenmeter	1372	
Stichprobengrösse	22	
Populationsgrösse	22 - 25	
Flussmorphologie	Low-gradient, meandering, little deposition; stable	



Abb. 48 Tamariskenvorkommen in mitten eines Fichtenwaldes.



Abb. 49 Alte Tamariske mit vielen abgestorbenen Ästen.



Abb. 50 Mündung des Tafinbachs in den Villgratenbach. Ansicht flussabwärts.



Abb. 51 Auf der rechten Uferseite befindet sich das Tamariskenvorkommen. Der grösste Teil befindet sich einige Meter vom Ufer entfernt. Ansicht flussaufwärts.

Debantbach		Vorkommen Deb1
Bundesland	Tirol (Osttirol)	
Gemeinde	Nussdorf-Debant / Dölsach	
Koordinaten	12.82057403/ 46.82814497	
Höhenmeter	660	
Stichprobengrösse	35	
Populationsgrösse	40 - 50 _j	
Flussmorphologie	Braided channel with longitudinal bars; eroding banks, riffle dominated	



Abb. 52 Auf der Kiesbank in der Mitte des Baches befindet sich das Tamariskenvorkommen. Ansicht flussaufwärts.



Abb. 53 Auf der linken Flusseite befindet sich die bepropte Kiesbank. Ansicht flussaufwärts.



Abb. 54 Dichte Vegetation mit eingestreuten Tamarisken auf der Kiesbank.



Abb. 55 Oberster Bereich der Kiesbank. Ansicht Flussaufwärts.

Drau		Vorkommen D2
Bundesland	Kärnten	
Gemeinde	Greifenburg	
Koordinaten	13.188901/ 46.73919898	
Höhenmeter	596	
Stichprobengrösse	31	
Populationsgrösse	50 - 80 _j	
Flussmorphologie	Low-gradient, meandering, stable, well-defined floodplain	



Abb. 56 Auf der linken Flussseite befindet sich das Tamariskenvorkommen. Ansicht flussabwärts.



Abb. 57 Von Abb. 56 gegenüberliegendes Ufer.



Abb. 58 Vorderer Bereich des Tamariskenvorkommen.



Abb. 59 Vegetation auf der beprobten Sandbank.

Drau		Vorkommen D3
Bundesland	Kärnten	
Gemeinde	Kleblach-Lind	
Koordinaten	13.32593104/ 46.75858498	
Höhenmeter	562	
Stichprobengrösse	45	
Populationsgrösse	20 + > 300;	
Flussmorphologie	Low-gradient, meandering, alluvial channel, well-defined floodplain. Billabong Braided with longitudinal bars; eroding banks, riffle dominated.	



Abb. 60 Standort 1: Linke Uferseite mit einzelnen Tamarisken. Ansicht flussabwärts.



Abb. 61 Standort 2: Kiesbank mit vielen juvenilen Tamarisken und Keimlingen.



Abb. 62 Gegenüberliegendes Tamariskenvorkommen.



Abb. 63 Gegenüberliegendes Tamariskenvorkommen.

Lech		Vorkommen L1
Bundesland	Tirol (Nordtirol)	
Gemeinde	Elmen	
Koordinaten	10.52145503/ 47.32746097	
Höhenmeter	978	
Stichprobengrösse	31	
Populationsgrösse	30-35j	
Flussmorphologie	Braided channel with longitudinal and transverse bars; very wide channel with eroding banks	
Bemerkung	Hangaufwärts befindet sich der Zufluss des Wasserfallbach, welcher bei geringer Wasserführung ins Grundwasser fließt. Das Vorkommen wird vermutlich durch diesen Bach unterirdisch mit Wasser versorgt.	



Abb. 64 Überblick über den Standort.



Abb. 65 Einige Tamarisken befanden sich in dichter Vegetation, zwischen Weidegebüsch und anderen Gehölzarten.



Abb. 66 Uferbereich mit einzelnen Tamarisken.

Lech		Vorkommen L2
Bundesland	Tirol (Nordtirol)	
Gemeinde	Elmen	
Koordinaten	10.52333702/ 47.32827703	
Höhenmeter	977	
Stichprobengrösse	30	
Populationsgrösse	30-35 _j	
Flussmorphologie	Braided channel with longitudinal and transverse bars; very wide channel with eroding banks	



Abb. 67 Linkes Flusssufer. Ansicht flussabwärts.



Abb. 68 Linkes Flusssufer. Ansicht flussabwärts.



Abb. 69 Ausschnitt des beprobten Tamariskenvorkommen.



Abb. 70 Einzelne Individuen befanden sich innerhalb dieser Weidegebüsche.

Lech		Vorkommen L3
Bundesland	Tirol (Nordtirol)	
Gemeinde	Häselgehr	
Koordinaten	10.528370/ 47.329277	
Höhenmeter	976	
Stichprobengrösse	1	
Populationsgrösse	1	
Flussmorphologie	Low-gradient, meandering, alluvial channels with broad, well-defined floodplains	



Abb. 71 Zusammenfluss des Streimbachs mit dem Lech.



Abb. 72 Übersicht über den Standort im oberen Bereich, wo sie die Tamariske befand. Ansicht flussaufwärts.

Lech		Vorkommen L5
Bundesland	Tirol (Nordtirol)	
Gemeinde	Forchach	
Koordinaten	10.57985301/ 47.40831499	
Höhenmeter	917	
Stichprobengrösse	25	
Populationsgrösse	25 - 30 _j	
Flussmorphologie	Braided channel with longitudinal and transverse bars; very wide channel with eroding banks	



Abb. 73 Überblick über den Standort.



Abb. 74 Blick über das Tamariskenvorkommen. Ansicht flussaufwärts.



Abb. 75 Ausschnitt der Kiesbankvegetation mit eingestreuten Tamarisken.

Lech		Vorkommen L4
Bundesland	Tirol (Nordtirol)	
Gemeinde	Reutte	
Koordinaten	10.63456798/ 47.43518796	
Höhenmeter	884	
Stichprobengrösse	30	
Populationsgrösse	80 - 150 _j	
Flussmorphologie	Braided channel with longitudinal and transverse bars; very wide channel with eroding banks	
Bemerkung	Die Populationsgrösse bezieht sich auf das bepropte homogene <i>M. germanica</i> Vorkommen, die etwas weiter obenliegenden Vorkommen wurde nicht einberechnet.	



Abb. 76 Überblick über den Flussabschnitt. Ansicht flussaufwärts.



Abb. 77 Nahansicht des Standorts.



Abb. 78 Tamariske mit abnormaler Wuchsform. Einige Individuen mit diesem Erscheinungsbild in diesem Vorkommen.

Anhang 6 DNA und Proteinkonzentration nach der DNA Extraktion

Tabelle Anhang 1 DNA und Proteinkonzentrationen Proben nach der DNA Extraktion. Gemessen mit dem Spektrophotometer ND-1000 [ThermoScientific].

Sample	ng/ul	A260	A280	260/280	260/230
D2.01	34.55	0.69	0.64	1.08	0.71
D2.10	30.43	0.61	0.61	1.00	0.68
D2.29	22.03	0.44	0.42	1.05	0.84
D3.01	22.63	0.45	0.25	1.78	-58.92
Deb1.01	22.45	0.45	0.23	1.97	-8.64
I1.01	34.91	0.70	0.53	1.32	3.58
I2.01	9.81	0.20	0.08	2.45	-0.73
I2.06	5.50	0.11	0.07	1.65	-0.50
I2.21	45.17	0.90	0.58	1.55	1.57
I4.01	31.20	0.62	0.34	1.84	9.39
I5.01	22.60	0.45	0.30	1.51	8.29
K1.01	15.90	0.32	0.17	1.91	-2.25
K1.01	67.40	1.35	1.38	0.98	1.09
K11.01	40.09	0.80	0.43	1.86	5.62
K2.01	49.88	1.00	0.52	1.93	7.52
K2.30	46.75	0.94	0.48	1.95	8.77
K3.01	-2.58	-0.05	-0.06	0.89	0.10
K3.20	16.01	0.32	0.44	0.73	0.42
K3.5	28.05	0.56	0.27	2.06	-5.47
K3.9	20.66	0.41	0.48	0.86	0.50
L1.01	27.89	0.56	0.36	1.54	3.34
L1.16	-1.42	-0.03	-0.01	3.40	0.11
L2.01	9.58	0.19	0.16	1.20	-4.77
L2.03	35.90	0.72	0.79	0.91	0.71
L2.05	55.61	1.11	1.53	0.73	0.42
L2.07	0.67	0.01	0.05	0.25	-0.08
L2.09	20.67	0.41	0.35	1.18	1.66
L2.10	50.15	1.00	1.65	0.61	0.33
L2.11	53.04	1.06	1.52	0.70	0.39

Sample	ng/ul	A260	A280	260/280	260/230
L2.12	69.62	1.39	2.11	0.66	0.37
L2.13	95.36	1.91	2.93	0.65	0.37
L2.14	67.39	1.35	2.09	0.64	0.37
L2.15	3.86	0.08	0.12	0.67	-2.23
L2.16	19.56	0.39	0.38	1.03	1.00
L2.17	9.05	0.18	0.19	0.94	1.83
L2.18	225.58	4.51	7.27	0.62	0.42
L2.20	11.27	0.23	0.36	0.62	0.51
L2.22	2.05	0.04	0.09	0.44	-0.42
L2.24	25.97	0.52	0.79	0.66	0.39
L4.01	-1.81	-0.04	-0.01	2.83	0.11
L4.03	63.24	1.27	2.02	0.62	0.36
L4.05	14.73	0.30	0.33	0.90	0.98
L4.08	1.66	0.03	0.08	0.41	-0.29
L4.10	-1.33	-0.03	0.02	-1.20	0.18
L5.01	2.35	0.05	0.01	4.22	-0.17
S1.01	32.01	0.64	0.37	1.71	6.73
S1.03	15.53	0.31	0.18	1.72	-2.09
S1.12	29.44	0.59	0.42	1.40	2.10
S1.25	131.09	2.62	3.59	0.73	0.41
S2.01	37.18	0.74	0.67	1.11	0.86
S2.01	25.66	0.51	0.41	1.26	1.45
S2.01	26.71	0.53	0.40	1.34	2.14
S2.15	10.56	0.21	0.13	1.58	-2.03
T1.01	30.41	0.61	0.35	1.74	-12.91
T2.1	40.40	0.81	0.46	1.76	3.74
V1.01	32.69	0.65	0.35	1.87	14.89
V1.03	61.53	1.23	0.62	1.99	5.49
B13-kontr.	16.78	0.34	0.18	1.86	0.61

Anhang 7 Protokoll Ethanolfällung

Add 60ul DNA Extraction in a PCR Plate (96xwell plate). Add 1/10 volume (6ul) of 3 M sodium acetate to the DNA -> pH 5.3. Mix and centrifuge the plate. Add 2 volumes of cold ethanol puriss. 99.8% (Fluka, No. 02860), mix gently and wait for some minutes. Centrifuge the plate for 30 min at 6'000 g and 18°C. Remove supernatant by spill with strength over a sink for one time, place the plate immediately upside down on a paper. Carefully add 200ul cold 70% Ethanol. Again centrifuge for 15 min at 6'000 g and 18°C. Remove supernatant on the same way as before. Evaporate off residual ethanol at 38°C for around 20 min. Resuspend the DNA in Buffer AE (QIAGEN, No. 1014571) to desired concentration.

Anhang 8 DNA und Proteinkonzentration nach der Ethanolfällung

Tabelle Anhang 2 DNA und Proteinkonzentrationen Proben nach der DNA Extraktion. Gemessen mit dem Spektrophotometer ND-1000 [ThermoScientific].

Sample ID	ng/ul	A260	A280	260/280	260/230
L1.01	11.52	0.23	0.10	2.23	-2.36
L1.16	1.54	0.03	0.01	5.00	-0.21
L1.23	11.40	0.23	0.10	2.20	-5.90
L2.07	-1.82	-0.04	-0.05	0.79	0.22
L2.09	8.58	0.17	0.12	1.47	2.48
L2.10	5.05	0.10	0.06	1.61	-1.35
L2.11	2.72	0.05	0.03	1.58	-0.52
L2.12	1.66	0.03	0.02	2.17	-0.33
L2.13	4.55	0.09	0.06	1.62	-1.24
L2.14	-0.28	-0.01	0.03	-0.18	0.17
L2.15	-1.15	-0.02	-0.01	4.33	0.23
L2.16	7.49	0.15	0.08	1.79	-19.49
L2.17	0.40	0.01	0.01	1.03	-0.07
L2.18	7.33	0.15	0.16	0.94	1.18
L2.22	-0.21	0.00	0.00	-3.30	0.03
L2.24	2.24	0.05	0.05	0.95	-0.41
L3.1	-3.22	-0.06	-0.03	2.08	0.39
L4.1	-1.96	-0.04	0.00	11.21	0.28
L4.10	-4.77	-0.10	-0.04	2.49	0.62
L4.20	-4.47	-0.09	-0.02	4.34	0.77
L4.3	-3.09	-0.06	-0.01	5.46	0.64
L4.5	1.94	0.04	0.03	1.35	-0.34
L4.8	-2.69	-0.05	-0.03	2.00	0.39
L5.1	0.49	0.01	0.01	0.73	-0.08
L5.4	-2.11	-0.04	-0.02	2.61	0.34
B13-kontr.	21.07	0.42	0.21	2.04	0.58

Anhang 9 3730x DNA Analyzer Run Module

GeneMapper36_POP7_6s_G5	Oven Temperatur	66°C
	Buffer Temperatur	35°C
	PreRun Voltage	15 kV
	PreRun Time	180 s
	Injection Voltage	2 kV
	Injection Time	6 s
	First ReadOut Time	200 ms
	Second ReadOut Time	200 ms
	Run Voltage	15 kV
	V Number of Steps	10 Steps
	Voltage Step Interval	20 s
	Voltage Tolerance	0.6 kV
	Current Stability	30 uA
	Ramp Delay	1 s
	Data Delay	120 s
	Run Time	1200 s
	Filter	G5-RTC

Anhang 10 Karte von Osttirols mit genetischer Struktur der Tamariske

