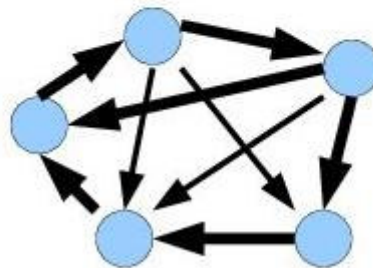
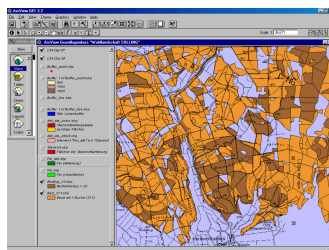


Auswirkungen von Landschaftsstrukturen auf genetische Variation am Beispiel der Fichte im Solling

(Beteiligt: Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Waldbau und Waldökologie der gemäßigten Zonen)

Im Solling zeichnet sich auch die Fichte durch inselartige Anordnung aus. Die genetische Variation innerhalb der einzelnen Bestände wird sowohl durch interne Anpassungsvorgänge an ihre jeweiligen Umweltbedingungen und Zufallseffekte wie auch durch den Genfluss über Pollen (und eventuell Samen) aus anderen Beständen bestimmt. Ausmaß und Richtung von Genfluss zwischen Beständen wird wiederum durch die geographischen bzw. meteorologischen Gegebenheiten bestimmt.

Diese Faktoren erzeugen eine zeitliche Dynamik in der genetischen Variation innerhalb jedes Bestandes wie auch in der genetischen Differenzierung zwischen den Beständen. Zur Modellierung dieser Dynamik bietet sich der Ansatz einer Metapopulationsanalyse an, d.h. die Analyse eines Systems von räumlich getrennten Subpopulationen, welche über Migration (Genfluss) miteinander verbunden sind.



Da extranukleare genetische Information wie etwa in den Chloroplasten bei der Fichte paternal weitergegeben wird, bietet sich die Fichte für Untersuchungen der Vernetzung über großräumige Pollenverbreitung und deren genetische Konsequenzen besonders an.

Die Bearbeitung des Themas beinhaltet:

- 1) **Räumliche Erfassung** der (wesentlichen) **Fichtenvorkommen** und ihrer jeweiligen Größenordnung im Solling **auf der Basis vorhandener GIS-Daten**. Schätzungen von Richtung und Ausmaß des Genflusses anhand geographischer (und meteorologischer) Daten. Erstellung von Migrationsmatrizen, welche die Verbindungen innerhalb des Netzwerkes von Populationen beschreiben.
- 2) Untersuchung der möglichen Entwicklung der genetischen Variation (Ausmaß, Richtung) anhand von **Simulationsläufen** mit dem Programm „**metamodel**“. Die Eingaben sollen die Landschaftsstruktur reflektieren. Die ausgegebenen Strukturen sind zu charakterisieren.

Anzahl Teilnehmer: Maximal 2

Literatur:

Gillet, E.M., Gregorius, H.-R., Ziehe, M. (2009) Wie beeinflusst die Verteilung genetischer Variation die Stabilität von Populationssystemen? Pp. 47-72 in Foraita, R., Hemmelmann, C., Ziegler, A. (Hrsg.): Biometrische Aspekte der Genomanalyse IV. Schwerpunkt: Epigenetik. Shaker-Verlag, Herzogenrath (ISBN 978-3-8322-8358-2)

<http://www.uni-goettingen.de/de/document/download/b5721513fef13d9bd5044db5546d7c4.pdf/700-Gillet-Gregorius-Ziehe-2009-RHH.preprint.pdf>