

BRYOLOGISCHE RUNDBRIEFE

Nr. 78

Informationen zur Moosforschung in Deutschland

Juni 2004

Herausgegeben von der Bryologischen Arbeitsgemeinschaft Deutschlands in der BLAM e.V.

Moose im „Artenschutzprojekt Feldhamster“ in Rhein Hessen

Albert Oesau

Noch vor einigen Jahrzehnten galt der Feldhamster (*Cricetus cricetus*) als eine Leit- und Charakterart großflächiger Agrarlandschaften. Auch in Rhein Hessen fand er als ursprünglicher Steppenbewohner Osteuropas ideale Lebensbedingungen und war auf den tiefgründigen Lössböden weit verbreitet. Aufgrund jahrelanger direkter Verfolgung, zunehmender Intensivierung der Landwirtschaft, schnelle und verlustarme Aberntung der Getreidefelder mit sofortigem Stoppelumbruch, Rückgang der Diversität der Nutzpflanzen sowie sich ständig ausweitender Bebauung brachen jedoch viele Populationen zusammen oder mussten zumindest erhebliche Arealverluste hinnehmen. Dieser Rückgang wurde bereits vielfach dokumentiert (vgl. z.B. Godmann 1998, Stubbe, Seluga & Weidling 1997, Simon & Thiele 1999, Weinold 1997). Heute zählt der Feldhamster zu den gefährdetsten Säugetieren Deutschlands zu dessen Schutz einige Rechtsnormen erstellt werden mussten. So ist der Feldhamster nach § 20 BnatSchG in Verbindung mit § 1 BnatSchV eine besonders geschützte Tierart. In der FFH-Richtlinie (Flora-Fauna-Habitat) 97/62/EG des Rates vom 27. Oktober

1997 wieder im Anhang IV geführt und gehört somit zu den „streng zu schützenden Tier- und Pflanzenarten von gemeinschaftlichem Interesse“.

Vor diesem Hintergrund hat das Land Rheinland-Pfalz 1995 ein „Artenschutzprojekt Feldhamster“ begonnen, um die Verbreitung zu dokumentieren und Möglichkeiten der Arterhaltung zu prüfen. Zu den geprüften Maßnahmen zählte auch die Nichtbeerntung einer ca. 100 m² großen Fläche um den Hamsterbau herum, während die Restfläche praxisüblich bearbeitet werden konnte (NN 2001). Auf diesen Flächen entwickelte sich in den Projektjahren 2001-2002 nach relativ reichen Niederschlägen im Sommer und Herbst eine vielfältige Moosflora. Da in Rhein Hessen Getreidefelder in der Regel sofort nach der Ernte umgebrochen werden und somit die Ausbildung einer Moosflora nicht zulassen, wurde in den genannten Jahren die Gelegenheit genutzt, die Flora dieser zum Teil bis in den Winter stehenden Stoppelbrachen zu erheben. Insgesamt standen in Rhein Hessen 41 Hamsterbiotope zur Verfügung, auf denen Moose und Blütenpflanzen notiert wurden.

Es zeigte sich, dass die Artenvielfalt der Blütenpflanzen wesentlich größer war als die der Moose (Abb.1). Dabei handelte es sich allerdings nur um weit verbreitete Arten, wie *Agropyron repens*, *Chenopodium album* oder *Cirsium arvense*, gefährdete Arten traten nicht auf. Neben den Blütenpflanzen wurden folgende Moose festgestellt:

Acaulon triquetrum, *Barbula convoluta*, *Barbula unguiculata*, *Bryum argenteum*, *Bryum bicolor* s.str., *Bryum rubens*, ***Bryum ruderale***, *Bryum violaceum*, ***Dicranella howei***, *Dicranella staphylinia*, *Ditrichum cylindricum*, ***Phascum curvicolle***, *Phascum cuspidatum*, ***Phascum floerkeanum***, ***Phascum leptophyllum***, *Pottia intermedia*, *Pottia lanceolata*, *Pseudocrossidium hornschurchianum* und ***Pterygoneurum ovatum***.

In dieser Aufstellung sind nach der Roten Liste für Rheinland-Pfalz (Ludwig et al. 1996) sieben Rote-Liste-Arten enthalten (fett gedruckt). Ihr Auftreten ist sicher nicht an die von Feldhamstern besetzten Ackerflächen gebunden, sondern an die vom Projekt geforderten bis in den Herbst stehenden Stoppelbrachen.

INHALT:

Limprichtia-Preise.....	2
Was ist eigentlich	
Molekularsystematik?.....	3
Zu welcher Jahreszeit findet man	
Mannia triandra?.....	6
Limprichtia 24.....	8

Für die einjährigen Stoppelarten soll *Phascum floerkeanum* exemplarisch hervorgehoben werden. Diese Art wurde auf allen untersuchten Flächen gefunden. Dieses häufige Auftreten auf landwirtschaftlich intensiv genutzten Ackerflächen fiel bereits bei einer vorangegangenen Erhebung auf (Oesau 2000). Die vorliegende Bestandsaufnahme bestätigt die bereits seinerzeit ausgesprochene Vermutung, dass diese Art im Untersuchungsgebiet wesentlich weiter und vermutlich flächendeckend verbreitet ist. Einjährige Arten wie *Phascum floerkeanum* können aber nur gefunden werden, wenn günstige Lebensbedingungen in Form von langwährenden Stoppelbrachen gekoppelt mit ausreichenden Niederschlägen vorliegen, da es nur dann zur Ausbildung von Sporophyten kommt. Es muss angenommen werden, dass die ephemeren Arten in Jahren fehlender Stoppelbrachen bzw. in trockenen Jahren in ihren Sporen, bzw. Rhizoiden überdauern (vgl. Ahrens 2003). Wie lang eine Reihe ungünstiger Jahre sein kann bis eine Art ausstirbt, ist nicht bekannt.

Den einjährigen Arten angepasste Bewirtschaftungsweisen sind in Rheinhessen sehr selten, obwohl das Land Rheinland-Pfalz im Rahmen des „Förderprogramms Umweltschonende Landbewirtschaftung“ ein finanziell gefördertes Stoppelprogramm anbietet (Ministerium für Wirtschaft, Verkehr, Landwirtschaft und Weinbau 2003). Landwirte machen jedoch kaum davon Gebrauch. Soll eine vollständige Erfassung der Stoppelmoose auf landwirtschaftlich genutzten Flächen stattfinden, ist es deshalb erforderlich, die Ackerbauggebiete jahre- bzw. jahrzehntelang im Herbst nach zufällig nicht umgebrochenen Stoppelfeldern abzusuchen. Auf diese Art und Weise besteht die Wahrscheinlichkeit, auf die genannten oder auf andere Arten zu stoßen und damit ein gerechtes Verbreitungsbild zu erhalten. Die Untersuchung unterstreicht somit die Bedeutung von Stoppelbrachen für die Erfassung ephemerer Moose.

Ahrens, M. (2003): Untersuchungen zum Lebenszyklus von *Acaulon triquetrum* (Bryopsida, Pottiaceae). – *Herzogia* 16: 239-274. Halle/Saale.

Godmann, O. (1998): Zur Bestandssituation des Feldhamsters (*Cricetus cricetus* L.) im Rhein-Main-Gebiet. – *Jahrbuch des Nassauischen Vereins für Naturkunde* 119: 93-102. Wiesbaden.

Ludwig, G., Düll, R., Philippi, G., Ahrens, M., Caspari, S., Koperski, M., Lütt, S., Schulz, F. & Schwab, G. (1996): Rote Liste der Moose (Anthocerophyta et Bryophyta) Deutschlands. – *Schriftenreihe für Vegetationskunde* 28: 189-306. Bonn-Bad Godesberg.

Ministerium für Wirtschaft, Verkehr, Landwirtschaft und Weinbau (Hrsg.) (2003): Grundsätze des Landes Rheinland-Pfalz für den umweltschonenden Ackerbau des Förderprogramms Umweltschonende Landbewirtschaftung (FUL), Programmteil I. – 3. Aufl., 31 S. Mainz.

NN (2001): Feldhamsterschutz durch Hamsterpacht. –

Landwirtschaftliches Wochenblatt Nr. 19: 41. Mainz.

Oesau, A. (2000): *Phascum floerkeanum* F. Weber & D. Mohr, ein wieder entdecktes Laubmoos auf Stoppeläckern und stillgelegten Ackerflächen in Rheinhessen (Rheinland-Pfalz). – *Fauna und Flora in Rheinland-Pfalz* 9: 447-464. Landau.

Simon, L. & Thiele, R. (1999): Artenschutzprojekt Feldhamster (*Cricetus cricetus* Linne 1758) in Rheinland-Pfalz – Anforderungen an die Agrarlandschaft und Programme des Vertragsnaturschutzes. – *Mitteilungen der Biologischen Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft Berlin-Dahlem*, Heft 369: 183-187.

Stubbe, M., Seluga, Kk. & Weidling, A. (1997): Bestandssituation und Ökologie des Feldhamsters *Cricetus cricetus* L. 1758. – *Tiere im Konflikt* 5: 5-60. Halle/Saale.

Weinold, U. (1997): Der Feldhamster – ein schützenswerter Schädling? – *Natur und Museum* 127: 445-452. Frankfurt.

LIMPRICHTIA-Preise

Seit mehr als 10 Jahren gibt es nun die Limprichtia. Die Bezahlung erfolgt ja nun pro Band und nicht über den Jahresbeitrag wie bei der BLAM, da bekommt man immer den Gegenwert für sein Geld. Da macht es mal Sinn zu sehen, was der Leser für sein Geld bekommt und wie sich die Preise in den letzten 10 Jahren entwickelt haben. In anderen ereichen haben sich die Preise bei jährlichen kleinen Preiserhöhungen verdoppelt, dann kam dann noch die Euroeinführung, und die Kiwi, die früher 29 Pfennig im Supermarkt gekostet hat, kostet jetzt 29 Cent. Nicht so bei der Limprichtia: Rechnet man den Seitenpreis von

normalen Ausgaben aus (also ohne Extra-Tabellen, Faltblätter, Transparentfolien, CD oder Farbseiten), so kostete

Bd. 1 7,4 Cent pro Seite,

Bd. 4 8,0 c.,

Bd. 6 6,6 c.,

Bd. 7 8,5

Bd. 10 8,5

Bd. 11 9

Bd. 12 8,5

Bd. 14 10,5

Bd. 17 8,6

Bd. 18 10,1

Bd. 19 8,6

Bd. 20 8,4

Bd. 21 8,5

Molekularsystematik – wie geht das eigentlich ?

Heutzutage kommt dauernd die Formulierung: nach molekularsystematischen Untersuchungen gehört die Art xy jetzt nicht in die sondern in jene Gattung, gehört diese Familie in eine andere Familie, ist diese Untergattung eher eine Gattung. Da lassen sich innerhalb der Arten Populationen unterscheiden, die anatomisch-morphologisch nicht kenntlich sind, aber doch Hinweise auf die „Geschichte“ der Art geben, oder noch schlimmer, da tauchen sog. kryptische Arten auf, die nur auf molekularer Ebene unterschieden werden können. Für die Nicht-Fachleute ist das ein Buch mit sieben Siegeln, etwas unheimlich, weil man das nicht durchschaut oder nachvollziehen kann. Dabei ist das in der Bryologie noch harmlos, in anderen systematischen Gruppen wie den Pilzen wird – so sagen die Amateure – alles auf den Kopf gestellt. Dann werden molekulare Ergebnisse vielfach als der Weisheit letzter Schluss dargestellt, was sie nicht sind. Es ist eben auch nur eine Hypothese zur Rekonstruktion der Phylogenie, die aber vielfach etwas für sich hat. Man glaubte ja schon öfter, die Natur auf irgendwelche Weise entschlüsseln zu können. Als die Cytologie aufkam, glaubte man im Überschwang alle Arten über ihre Chromosomen bestimmen zu können, und als man sah, dass das über die Zahl alleine nicht geht, nahm man die Chromosomenbande zur Hilfe. Der Bryologie bescherte das solche Arten wie *Metzgeria simplex* oder *Pellia borealis*, die sich nicht halten ließen. Dann kam die Phytochemie, und man glaubte, die Arten oder systematische Einheiten über ihre Inhaltsstoffe bestimmen zu können. Das ging auch in gewissem Rahmen, aber war auch nicht der Stein des Weisen. Zumal durfte man die phytochemischen Ergebnisse nicht konsequent anwenden. So wurden phytochemische Bezüge von den

Moosen zu den Braunalgen aufgestellt. Dann kamen die Computer auf und damit die Kladistik. Und wieder glaubte man, mit dieser neuen Methode alles lösen zu können. Und obgleich der Erfinder der Kladistik, der Entomologe Hennig, dies als wiederum nur ganz vorsichtig als Versuch einer Rekonstruktion der Phylogenie hingestellt hatte, wurde doch sein Buch falsch ins Englische übersetzt und seine Methode so dargestellt, als wenn sie nicht hypothetisch wäre. Und dann kamen die molekularen Methoden auf und wieder fuhr man völlig allein darauf ab, obgleich schon bald auch widersprüchliche Ergebnisse zustande kamen. Zudem muss man alle Methoden richtig beherrschen und sie beinhalten vielerlei Fehlerquellen, so dass auch manchmal Unsinn dabei herauskommen kann.

Damit sich die Leser ein besseres Bild davon machen können, ist hier in einer Fortsetzungsserie behandelt, was da eigentlich bei molekularsystematischen Untersuchungen gemacht wird, wie man den Moosen die DNA extrahiert, wie man bestimmte Bereiche davon sequenziert, wie man daraus Stammbäume bekommt und was uns die Ergebnisse sagen.

Grundlagen

Benutzt wird die genetische Information aus den Nucleinsäuren DNA. Die bestehen aus verknüpften Einzelmolekülen, den Nucleotiden. Ein Nucleotid besteht aus einer Base, einer Phosphorsäure und einem Kohlenhydrat (Desoxyribose). An Basen gibt es Adenin, Guanin, Cytosin und Thymin (bei DNA) bzw. Uracil (bei RNA), abgekürzt mit A, G, C, T (U). Die Abfolge der Basen in den Nucleinsäuren enthält die genetische Information. Die Abfolge von je drei Basen (ein Triplet) codiert für die Synthese einer Aminosäure (Kodon). Proteinkodierende Gene sind an einem speziellen Start-(ATG, GTG) und Stoppkodon (TAG, TAA, TGA) in ihrer

Sequenz erkennbar. So kodiert das rbcL-Gen z.B. für die Produktion von Ribulose 1,5 biphosphat. Die DNA Moleküle liegen bekanntlich zu Doppelsträngen spiralisiert (in einer Doppelspirale) vor, was Platz spart (ein großes Chromosom ist entspiralisiert 1 cm lang). Die Nucleinsäurespiralen sind auf die Chromosomen verteilt. Bei jeder Zellteilung werden die Chromosomen d.h. die DNA-Doppelstränge dupliziert. Die Doppelspiralen werden dabei aufgetrennt und es bilden sich komplementäre Stränge.

Die DNA besteht nur zum geringen Teil aus kodierenden Abschnitten. Der größte Teil eines Genoms besteht aus nicht-kodierenden Bereichen sogenannten „Spacern“ (trennen die Gene voneinander) und Introns (werden während der Proteinsynthese ausgeschnitten). Bei den kodierenden Bereichen unterscheidet man proteinkodierende Gene sowie ribosomal und transfer RNA (rRNA bzw. tRNA). Innerhalb der Gene können kodierende Bereiche sog. Exons und nicht kodierende Bereiche, Introns unterschieden werden. Die Information für die Synthese eines Proteins wird als Gen bezeichnet. Die Gesamtheit aller Gene als Genom.

Unter den Moosen ist bislang nur die gesamte Abfolge aller Basenpaare im Chloroplastengenom bei *Physcomitrella patens* sowie *Marchantia polymorpha* bestimmt. Sie bestehen aus ca. 121.000 Basenpaaren. Unter Sequenzieren versteht man somit die Bestimmung der Abfolge der Basen A, C, G und T. In der DNA sind alle die Informationen wie ein Organismus aufgebaut ist in Form von Genen gespeichert. Die DNA kann sich selbst replizieren so dass diese Informationen an die nächste Generation weitergegeben werden. Der Replikationsvorgang der DNA ist nicht perfekt und so treten beim kopieren des DNA Strangs immer wieder Mutation auf, d.h. einzelne

Basen werden ausgetauscht. Da sich die Mutationsereignisse im Laufe der Zeit akkumulieren, unterscheiden sich Organismen die sich erst kürzlich aufgespalten haben weniger stark von einander als jene deren Vorfahren sich in ferner Vergangenheit aufgespalten haben. Anhand dieser Mutationsereignisse kann man die evolutionären Pfade zurückverfolgen.

1. Das Sammeln

Ein Problem ist, dass Nukleinsäuren von totem Pflanzenmaterial im Laufe der Zeit abgebaut werden; sie zerfallen in immer kleinere Bruchstücke. Deswegen bekommt man auch keine großen DNA-Abschnitte aus dem Blut einer Mücke in Bernstein gewinnen, wie es uns der Film „Jurassic Park“ klar machen wollte.

Will man später Proben erfolgreich sequenzieren, sollte man schon im Gelände entsprechend Vorsorge tragen. Gute Voraussetzungen bietet das Material, welches trocken ist oder schnell und gut getrocknet wird. Will man speziell Material zum Sequenzieren sammeln, so packt man die Moospflanzen in Plastik-Weithalsflaschen (oder Film Dosen) mit Silica-Gel. Dadurch werden sie schockgetrocknet. Aber auch normale gesammelte und getrocknete Proben haben noch gute Aussicht auf Erfolg. Wird das Moosmaterial aber in feuchten Kapseln über längere Zeit aufbewahrt (z.B. auf Reisen), dann trocknen die Pflanzen nicht sondern „vergammeln“. Dabei zerfallen die Molekülketten. Die Art der Trocknung ist (unter anderem) dafür verantwortlich, wie altes Herbarmaterial noch verwendet werden kann. Gut getrocknetes Material kann schon bis 20 Jahre alt sein. Manchem ist vielleicht schon einmal aufgefallen, dass selbst bei 1-2 Jahre altem Herbarmaterial noch die Chloroplasten intakt sind. Aus solchen Proben lässt sich dann immer noch gut Chloroplasten-DNA extrahieren.

2. Der DNA-Aufschluss

Die für eine Sequenzierung benötigte Menge an Pflanzen kann ganz unterschiedlich sein. Bei Verwendung von Chloroplasten DNA kommt es

z.B. darauf an, wie chlorophyllreich das Material ist. Das absolute Minimum sind ein halbes dutzend kleine Pflänzchen z.B. von *Pterygoneurum*. Es kommt sehr vom Geschick des Bryologen darauf an. Manche kommen mit weniger Material aus als andere. Da braucht man also ein „Händchen“.

Von den Pflanzen werden dann die grünen, lebenden Teile verwendet und unter dem Binokular sorgsam von anhaftendem Dreck oder Begleitpflanzen in destilliertem Wasser oder zusätzlich auch in einem Ultraschallgerät gesäubert. Organismische Verunreinigungen sind ein Problem, Pilze oder anhaftende Algen haben ja auch DNA und können die Probe kontaminieren. Deswegen nimmt man von *Anthoceros* wegen der *Nostoc*-Symbionten gerne Material aus Sterilkulturen, die aus Sporen gezogen werden.

Problematisch ist schon, dass bei Moosen mehrere Pflanzen genommen werden müssen, die u.U. schon genetisch unterschiedlich sein können. Das merkt man später daran, dass in der Sequenz zwei Basen an einer Stelle sind. Normalerweise gehören aber die Pflanzen eines Rasens zu einem Klon.

Die Pflanzen müssen dann zerkleinert werden, d.h. die Zellwände müssen aufgebrochen werden, damit man an die DNA rankommt. da gibt es viele Möglichkeiten und manch einer hat sich sein eigenes Verfahren dafür ausgedacht. Oft werden die Pflanzen in ein Eppendorf-Gefäß gegeben, Sterilsand dazugegeben und das Ganze dann manuell mit einem Glasstab lange gemörsert. Eppendorf-Gefäße („Eppis“ genannt) sind kleine verschließbare, unten spitze Plastikgefäße, in denen alle Arbeitsschritte ablaufen. Man kann auch das Pflanzenmaterial in flüssigem Stickstoffzermörsern. Neuerdings gibt es auch kugelmühlen-artige Geräte zum Zerkleinern. Das zerkleinerte Pflanzenmaterial in den Eppendorfgefäßen wird in ein Wasserbad (60° C) gestellt. Dort erfolgt das Auflösen der Zellmembranen durch Zugabe eines Detergenz-Puffers (CTAB-Puffer) der ebenso den Abbau der DNA verhindert. Nach anschließender

Chloroformextraktion gefolgt von einer Isopropanolfällung (2h bei -20° C) und Zentrifugation der Proben erhält man ein Pellet mit DNA. Nach mehreren Waschkvorgängen mit Ethanol wird die DNA in einem Puffer (pH 8) gelöst.

Die DNA kann dann in dieser Form in einem Tiefkühlschrank konserviert werden, vorzugsweise bei -80°. Das gelelektrophoretische Auftrennen einer Probe dieser DNA ermöglicht das Abschätzen der Quantität der extrahierten DNA. Die Quantifizierung der DNA ist wichtig da in der nachfolgenden PCR (Punkt 4) in einem Reaktionsansatz eine spezifische Menge (10 ng/µl) an DNA eingesetzt wird.

3. Molekulare Marker

Als molekulare Marker bezeichnet man Abschnitte im Genom, die sequenziert werden. Sie können aus den Chloroplasten, dem Kern oder den Mitochondrien stammen. Welche Marker davon verwendet werden, hängt von der Fragestellung ab. Zwischen Kern-, Chloroplasten- und Mitochondriengenom aber auch zwischen Genen des gleichen Genoms z.B. (*rps4*, *matK* und *rbcL*) und nicht kodierenden Abschnitten (e.g. Intron und Spacer) treten unterschiedliche Evolutionsraten auf. Aber auch innerhalb eines proteinkodierenden Gens (z.B. *rps4*) können unterschiedliche Mutationsraten auf Erster, Zweiter und Dritter Kodonposition auftreten, da ein Basenaustausch an der Dritten Kodonposition (durch Mutation) nicht notwendigerweise eine andere Aminosäure bzw. keine Funktionsänderung des Proteins zur Folge hat. Hingegen ist bei einer Mutation an der Zweiten bzw. Ersten Kodonposition die Bildung einer anderen Aminosäure und somit einer Funktionsänderung des Proteins wahrscheinlicher.

Sequenziert werden dann auch nicht nur Gene (Introns und Exons), sondern auch die Abschnitte zwischen den Genen, sog. Spacer. Proteinkodierende Gene sind an speziellen Start-(ATG, GTG) und Stopkodon (TAG, TAA, TGA) erkennbar.. Introns sind

sogenannte nicht codierende Bereiche, sie werden nicht exprimiert, haben keine Funktion. Solche Bereiche haben sich im Genom der Organismen in großen Mengen angesammelt. Sie verändern jedoch auch im Laufe der Zeit ihre Struktur durch Mutationen und Kopierfehler, wobei wie bei der Halbwertszeit beim radioaktiven Zerfall bestimmte Mutationsraten pro Zeit passieren. Das ist wichtig für die Populationsbiologie und Systematik: je länger Populationen von einander isoliert sind, um so größer sind die Unterschiede bei den abweichenden Basenpaaren. Das ist das Prinzip der molekularen Uhr. Es besagt, dass Veränderungen von DNA-Molekülen über die Jahrtausende in einer bestimmten gleichmäßigen Rate erfolgen, ähnlich wie die Halbwertszeit bei der Radioaktivität. Aber genauso wie es dort verschiedenen Halbwertszeiten gibt, gibt es nicht eine molekulare Uhr, sondern sie geht bei jedem molekularen Marker und jeder Art unterschiedlich schnell. Daher sind unterschiedliche Gene bzw. nicht-kodierende Abschnitte auch für unterschiedliche systematische Fragestellungen geeignet: ein Abschnitt mit niedriger Mutationsrate (z.B. 18S rRNA) kann für Fragestellungen bezüglich der Position der Moose innerhalb der Landpflanzen Aufschluß geben (Capesius & Bopp 1998). Hingegen lassen nichtkodierende Abschnitte des Kerngenoms (Intern transkribierender Spacer "ITS") und das *trnL*-Intron aus dem Chloroplasten z.B. Aussagen über die Evolution der hängenden Lebensform bei pleurokarpen Moosen (Quandt & Huttunen 2004) zu.

Mitochondriale Marker gelten als konservativ. Sie werden daher meist für grobsystematische Fragestellungen verwendet, also z.B. für Stammbäume der grünen Landpflanzen. Das mitochondriale Genom ist haploid und wird nur maternal vererbt, ergibt also eine Evolutionslinie.

Chloroplasten-DNA stammt ja eigentlich von grünen Einzellern, die endosymbiontisch geworden sind, sind ja eigentlich nicht Teil der Pflanze.

Sie machen jedoch auch eine Evolution mit. In jedem Genom gibt es – von der Art des Genoms unterschiedliche und bei jeder Art unterschiedlich schnelle verlaufende Mutationen. Das betrifft auch die Chloroplasten. Es kommt hinzu, dass Chloroplasten DNA im Laufe der Zeit in den Kern übergewandert ist. Die Evolutionsrate des Chloroplasten Genoms liegt zwischen dem der Mitochondrien und dem Kern, ist z.B. für Fragen nach der systematischen Stellung von Gattungen relevant. Ein bekannter und am häufigsten in der Pflanzensystematik benutzter Chloroplasten-Marker ist die *trnL-trnF* Region, d.h. Teile der Gene (Exons und Introns) und der intergene Spacer. Andere viel verwendete Chloroplasten-Marker sind die *rbcL*, *matK* oder *rps4* Gene.

Die **Kern-DNA** gibt teilweise Unterschiede bis auf Populationsebene. Von ihr wird die nukleär-ribosomale DNA (nrDNA) bzw. die ribosomale RNA (rRNA) benutzt. Bekannte Gene sind das 5S Gen (120 bp), das 26S Gen (3300 bp), das 5,8S und 18S Gen (1800 bp). Zwischen 18S und 5,8S liegt der intragenic spacer 1 (ITS1), zwischen 5,8S und 26 S der intragenic spacer 2 (ITS2), die beide große Bedeutung bei der Sequenzierung von Moosen haben. Nun ergeben nicht etwa alle molekularen Marker dieselben Ergebnisse! Ein Beispiel aus der Grobsystematik: Je nach verwendetem Marker sind mal die Hornmoose mit den Farnen, mal die Farne mit den Laubmoosen, mal die Hornmoose mit den Laubmoosen, mal die Lebermoose mit den Laubmoosen oder mal die Hornmoose mit gar keinem anderen Moos verwandt. Es gibt also hier keine absoluten Wahrheiten. Vielfach wird in den Publikationen der Anschein erweckt, dass das denn auch so ist. Das ist aber nicht der Fall. Grund ist, dass alle Marker unterschiedlich evolvieren. Man hilft sich heute aus dem Dilemma, in dem man mehrere Marker z.B. aus dem Chloroplasten- und Kernbereich sequenziert. Wenn dann ähnliche Stammbäume dabei herauskommen, hat man eine große Wahrscheinlichkeit, dass es wirklich so ist. Neuerdings werden auch die

Sequenzen von verschiedenen Markern zusammengepackt und zu einem Stammbaum verrechnet. Zudem sollten alle molekularen Ergebnisse an Hand von anatomisch-morphologischen Merkmalen nachvollziehbar sein und letzteren nicht grob widersprechen. Manchmal öffnen molekulare Stammbäume auch erst die Augen für anatomisch-morphologische Zusammenhänge. Ein Beispiel: In den Arbeiten von Michael Stech landete *Diobelon squarrosus* bei *Dichodontium*! Das ist ja nun eine Gattung, mit der man nicht wusste, wohin man sie stellen sollte. Aufgrund des Sporophyten wurde sie zu *Dicranella* gestellt, was aber wenig sagt, denn die Sporophyten der *Dicranaceae* (*Leucobryaceae* und *Fissidentaceae*) sind alle sehr ähnlich. *Diobelon* war eine sogenannte Verlegenheitsgattung, weil man sonst nicht wusste, wohin damit. Sieht man sich aber die Blätter von „*Diobelon*“ und *Dichodontium* an, so fällt einem die völlige Übereinstimmung auf. Da ist es eigentlich verwunderlich, dass noch keiner zuvor darauf gekommen ist. Aber erst das Ergebnis der molekularen Untersuchung hat das aufgedeckt.

Forts. in der nächsten Nummer

Forts. von S. 2

Bd. 22 8,2

alles natürlich inkl. der Kosten für die Abholung der Bände in Mülheim/R., Porto und Versand. Der Preis ist also im Schnitt in den letzten 10 Jahren bei 8-8,5 € konstant geblieben !! Geringfügig höhere Preise zwischendurch dienten dem Versand von Probeexemplaren zum Anwerben von neuen Subskribenten (leider ohne rechten Erfolg) und der Kompensation von Ausfällen, die durch Nichtzahler entstanden sind, welche dann von der Verteilerliste gestrichen wurden (der Rekord liegt bei 12 nicht bezahlten Nummern).

ZU WELCHER JAHRESZEIT FINDET MAN MANNIA TRIANDRA?

von Dieter Reinhardt

- Herrn Bernhard Kaiser gewidmet,
der mir in Velden den ersten
Fundort zeigte –

Eine sorgfältige Literaturrecherche ist ein solides wissenschaftliches Fundament, um über eine seltene Pflanzenart einen ersten Überblick zu erhalten; eine wirklich genaue Artenkenntnis bei derartigen Pflanzen, die nicht in Botanischen Gärten gehalten werden, setzt aber oftmals eine ausdauernde Geländearbeit voraus. Dieser Sachverhalt kam mir wieder zu Bewußtsein, als ich unter den in den letzten 2 Jahren gewaltig angeschwollenen Internet-Nennungen des seltenen Thallus-Lebermooses „*Mannia triandra*“ (über 200 Zitate durch die Google-Suchmaschine) zwar sehr viel Administratives, aber sehr wenig im eigentlichen Sinne Botanisches finden konnte. Immerhin stieß ich auch auf die Schrift „Empfehlungen zum Monitoring der Moose...“ von Weddelling et al. (1), die hiervon eine Ausnahme macht und auch auf das zur FFH-Art avancierte *Mannia triandra* eingeht.

Aus eigener Erfahrung in der praktischen Geländearbeit mit etwa 6 Jahren *Mannia-triandra*-Suche und der Kenntnis von nunmehr vierzig Fundstellen (2 weitere aktuelle Fundstellen, die mir aus Deutschland bekannt sind, habe ich noch nicht einsehen können) komme ich allerdings nicht immer zu den von den Autoren von (1) angegebenen Sachverhalten und Schlußfolgerungen. Ich will dies am Fall des Fundzeitpunktes exemplifizieren. In (1) wird angegeben, die Art sei im Sommer nicht mehr nachweisbar, sie sei erst im Spätherbst und in milden Wintern wieder aufzufinden. Dieser Schluß geht wohl auf eine Feststellung von Gams (2) zurück, die Art sterbe nach der Sporenreife ab und erscheine erst im Winter wieder, eine Ansicht, die Gauckler (3) cum grano salis auch für

den deutschen Verbreitungsschwerpunkt des Moores, die Nördliche Frankenalb, übernommen hat.

Nach meinen eigenen Erfahrungen ist die Art dagegen sehr wohl auch im Sommer in lebenden Thalli nachweisbar, aber nicht so leicht aufzufinden wie zur Zeit der Ausbildung der Sporogonköpfe, die als hellgrüne „Stecknadelköpfchen“ über den meist dunkelgrünen Thallusrasen einen aus der Nähe auffälligen Blickfang ergeben. Aus meinen Aufzeichnungen habe ich 52 eigene Nachweise von den 40 Fundstellen nach ihrer jahreszeitlichen Abhängigkeit im „Saisondiagramm“ Abbildung 1 aufgetragen, um dies zu illustrieren. (Die höhere Zahl der Nachweise als der Fundpunkte kommt dadurch zustande, daß ich an bereits bekannten Standorten eingetretene Änderungen ebenfalls notierte).

Wie ist das Diagramm nun zu lesen? Aufgetragen ist in Halbmonatsschritten die jahreszeitliche Verteilung der Nachweise in Polarkoordinaten, die sich mit Hilfe eines Tabellenkalkulationsprogramms mit Diagrammoption, z.B. der Software „Excel“, leicht erstellen läßt. (Der Hersteller nennt dies „Netzkoordinaten“). Die erste Januarhälfte bzw. Neujahr ist oben, die weiteren Monate folgen im Uhrzeigersinn. Die Anzahl der Nachweise pro halbem Monat ist dabei nach innen aufgetragen, wobei eine vorgegebene Höhe von 20 Skalenteilen in ein Koordinatennetz von jeweils 2 radialen Skalenteilen gegliedert ist. In der zweiten Aprilhälfte – dem ungefähren Höhepunkt der Ausbildung der Sporogone – sind also 16 Nachweise der Art vorhanden, in der 1. Augusthälfte beispielsweise 2 Nachweise, Anfang Februar 1 Nachweis. Daß im Oktober bis Januar keine Nachweise vorliegen, beruht nicht darauf, daß die Art in dieser Zeit

verschwinden würde, sondern liegt daran, daß der Autor sich zu dieser Zeit anderen Schwerpunkten zuwandte (z.B. der Suche nach Ackermooßen im Juli und Oktober) oder infolge äußerer Umstände (kurze Taglängen durch die Winterzeit, Nebelwetter, Schneelage) keine gezielte Suche nach *Mannia triandra* durchführte.

Eine starke Stütze der Feststellung, daß die Art auch im Sommer aufzufinden sei, ist im übrigen die Tatsache, daß der „Entdecker“ (erste wissenschaftliche Beschreiber) von *Mannia triandra*, der große Bryologe Nees von Esenbeck, für den Fundzeitpunkt seines Erstfundes den Juli 1810 angibt: „detegi hane plantulam mense Julio 1810“ (4), allerdings unter dem seinerzeitigen Artnamen „*Duvalia rupestris*“. (Die Nomenklaturfrage für *Mannia triandra* ist im übrigen sehr kompliziert und wäre ein langes Kapitel für sich).

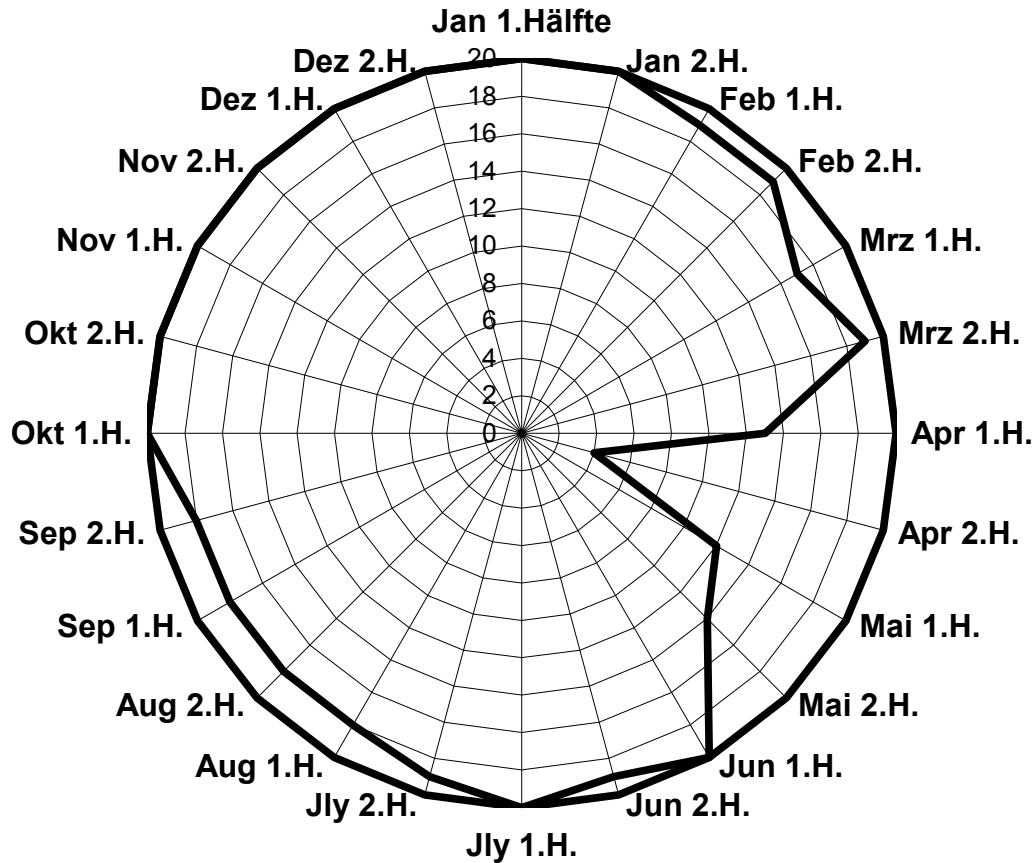
(1) K. Weddelling et al., „Empfehlungen zum Monitoring der Moose der FFH-Anhang-II Arten in Deutschland im Rahmen der Berichtspflichten in Natura-2000-Gebieten.“ 2. Überarbeitete Fassung, Oktober 2002

(2) K. Gams, zitiert in K. Müller, *Die Lebermoose Europas*, 3. Auflage 1954, Leipzig; unter „*Grimaldia rupestris*“ (= *Mannia triandra*)

(3) K. Gauckler, Beiträge zur Kenntnis der Laubmoose und der Lebermoose Frankens und der Bayerischen Ostmark. *Berichte Bayer. Botan. Ges.* 24(1940), 67–72.

(4) C.G. Nees von Esenbeck (latinisiert „Nees ab Esenbeck“), *Duvalia novum Genus ex ordine Hepaticorum etc.*, *Der Gesellschaft naturforschender Freunde zu Berlin Magazin etc.*, 8 (1817), 269-272 + Abbildung 10.

eigene Nachweise von MANNIA TRIANDRA - "SAISONDIAGRAMM"



Im Mai erscheint Band 24 der *Limprichtia* mit fast 300 Seiten, jetzt der fünfte Band mit Einzelbeiträgen in jährlicher Folge. Das wird wohl auch so weitergehen, denn für 2005 liegen bereits jetzt schon Beiträge vor. Das zeigt, dass hier ein Bedarf vorliegt, auch wenn der frühere *Herzogia*-Herausgeber das nicht sehen wollte und die *Limprichtia* mit dem etwas hilflosen Argument, sie sei "ja auf Klopepaier gedruckt" abtun wollte. Die British Bryological Society hat auch die Notwendigkeit zu floristischen Publikationen gesehen und die Zeitschrift "Field Bryology" ins Leben gerufen., eine Konsequenz aus der Tatsache, dass sich die Vereinszeitschrift "Journal of Bryology" zu einer internationalen Zeitschrift gemauert hat, in der die Mitglieder des Vereins nicht mehr publizieren können. Die *Limprichtia* war diesem Trend also voraus. Vielleicht bringen ja auch mal die deutschen Lichenologen eine ähnliche Zeitschrift auf die Beine, denn gerade die lichenologischen Beiträge in der *Herzogia* beziehen sich wenig auf Mitteleuropa. Es scheint, dass allein die Möglichkeit zur Publikation potentielle Autoren anregt, ihre Ergebnisse zu Papier zu bringen. Was nutzen die eigenen bryologischen Forschungen, wenn die Ergebnisse sich nur im Kopf des Bryologen oder in dessen Notizbuch befinden.

LIMPRICHTIA 24

Oesau, A.	
Zur Artenvielfalt epiphytischer Moose in Rebanlagen.....	1
Lüth, M.	
Die Rückkehr von <i>Ulotia coarctata</i>	35
Frahm, J.-P.	
Archivalien aus dem Nachlass von Adalbert Geheeb.....	41
Frahm, J.-P.	
Eine einfache Methode zur Bestimmung der Umweltqualität eines Gebietes mit Hilfe epiphytischer Moose.....	61
Frahm, J.-P.	
Zur Identität von <i>Fontinalis cavifolia</i> Fleisch. & Warnst. und der var. <i>rhenana</i> Roth.....	67
Marstaller, R.	
Die Moosgesellschaften des Naturschutzgebietes "Bottendorgfer Hügel" (Kyffhäuserkreis). 87. Beitrag zur Moosvegetation Thüringens.....	71
Marstaller, R.	
Die Moosgesellschaften des Naturschutzgebietes "Bocksberg" bei Probstzella (Kreis Saalfeld-Rudolstadt). 95. Beitrag zur Moosvegetation Thüringens.....	91
Marstaller, R.	
Bryozoologische Erhebungen an den Wartbergen bei Seebach (Wartburgkreis, Eisenach). 96. Beitrag zur Moosvegetation Thüringens.....	127
Manzke, W., Wentzel, M.	
Zur akuten Gefährdung von <i>Helodium blandowii</i> (Web. & Mohr) Warnst. (Bryophyta) in Hessen.....	163
Müller, F., Baumann, M.	
Zur Bestandssituation der Moosarten der FFH-Richtlinie in Sachsen.....	169
Stapper, N.J., Kricke, R.	
Epiphytische Moose und Flechten als Bioindikatoren von städtischer Überwärmung, Standorteutrophierung und verkehrsbedingten Immissionen.....	187
Tautz, P., Weddeling, K.	
Die Moosflora des nordrhein-westfälischen Teils des Waldgebietes Leuscheid östlich von Eitorf (Süderbergland, Rhein-Sieg-Kreis).....	209
Manzke, W., Wentzel, M.	
Zur Ökologie des Grünen Gabelzahnmooses <i>Dicranum viride</i> am Beispiel des Jägersburger Waldes und anderer Waldgebiete der niederschlagsarmen Rhein- und Mainebene (Hessen).....	237

IMPRESSUM

Die Bryologischen Rundbriefe sind ein Informationsorgan der Bryologischen Arbeitsgemeinschaft Deutschlands. Sie erscheinen unregelmäßig und nur in elektronischer Form auf dem Internet (<http://www.bryologische-arbeitsgemeinschaft.de>) in Acrobat Reader Format.

Herausgeber: Prof. Dr. Jan-Peter Frahm, Botanisches Institut der Universität, Meckenheimer Allee 170, 53115 Bonn, Tel. 0228/732121, Fax /733120, e-mail frahm@uni-bonn.de

Beiträge sind als Textfile in beliebigem Textformat, vorzugsweise als Winword oder *.rtf File erbeten. Diese können als attached file an die obige e-mail-Adresse geschickt werden. An Abbildungen können Strichzeichnungen bis zum Format DIN A 4 sowie kontrastreiche SW- oder Farbfotos in digitaler Form (*.jpg, *.bmp, *.pcx etc.) aufgenommen werden.
