

SEMINARARBEIT

Rahmenthema des Wissenschaftspropädeutischen Seminars:

Ökoklimatologischer Vergleich der bayerischen Alpen und Jotunheimen (Norwegen)

Leitfach: GEOGRAPHIE

Thema der Arbeit:

Morphologische und genetische Charakterisierung der Zwergbirke (*Betula nana*) im Bernrieder Filz (Deutschland) und in Jotunheimen (Norwegen)

Verfasser/in:

Severin Brock
Auf der Höhe 4
Pfaffenhofen a. d. Ilm

Seminarleiter:

Thomas Ludwig
Elke Leppelsack

Abgabetermin: *spätestens 8. November 2016, 10 Uhr*

Bewertung	Note	Notenstufe in Worten	Punkte		Punkte
schriftliche Arbeit				x 3	
Abschlusspräsentation				x 1	
				Summe:	
				Gesamtleistung nach § 61 (7) GSO = Summe:2 (gerundet)	

Datum und Unterschrift der Seminarleiterin bzw. des Seminarleiters

Inhalt

1 Einleitung	3
2 Methodik	5
2.1 Charakterisierung der <i>Betula nana</i>	5
2.2 Untersuchungsgebiet im Voralpenland	6
2.3 Untersuchungsgebiet in Jotunheimen	6
2.4 Datenaufnahme im Gelände	7
2.5 Genetische Analyse	8
2.5.1 DNA-Extraktion	8
2.5.2 PCR-Methode	9
3 Ergebnisse	11
3.1 Morphologische Analyse	11
3.1.1 Voralpenland	11
3.1.2 Jotunheimen	12
3.2 Genetische Analyse	13
3.2.1 Voralpenland	14
3.2.2 Jotunheimen	14
3.2.3 Zusätzliche Proben	15
4 Diskussion	16
4.1 Ursachen morphologischer Unterschiede	16
4.2 Gründe für Mutationen	18
4.2.1 Voralpenland	19
4.2.2 Jotunheimen	20
4.2.3 Zusätzliche Proben	20
4.3 Zukünftiger Verlauf/ Ausblick	21
5 Literaturverzeichnis	23
Anhang	25

1 Einleitung

„Der Mensch hat das normale Klima unserer Erde nie kennengelernt.“ (Chorlton, W.)

Mit diesem Statement ist gemeint, dass der moderne Mensch (*Homo sapiens*) während der längsten Phasen der Erdgeschichte, in denen es unwirtlich heiß oder trocken war, noch gar nicht existierte. Siebenmal traten in der Erdgeschichte jedoch Eiszeitalter auf, die niedrige Temperaturen mit sich brachten. (Chorlton, W.)

Nach Kehl, H. unterscheidet man zwischen Eis-Zeitaltern (Dauer ca. 50 bis 65 Ma, alle 150 Ma) und Eis-

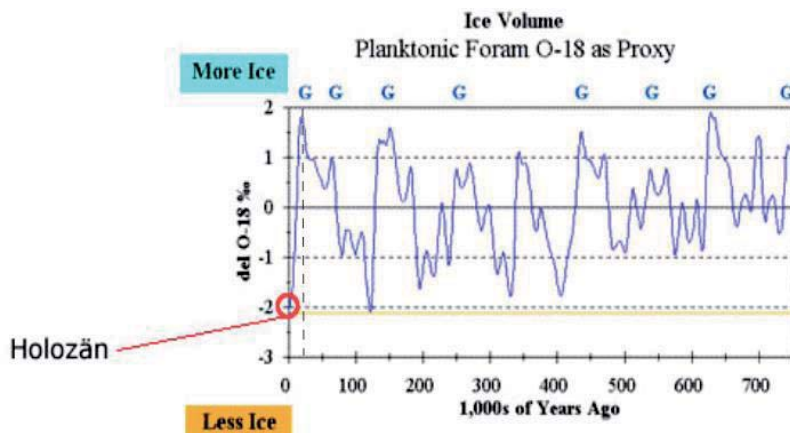


Abbildung 1; verändert nach Kehl, H., 2014 (screenshot):
<http://lv-twk.oekosys.tu-berlin.de/project/lv-twk/002-kalt-und-warmzeiten.htm>

„[...] [Während der Eiszeit] besiedelte die Zwergbirke [...] weite Flächen im Vorfeld der Gletscher, die von Skandinavien und den Alpen vorrückend, in Mitteleuropa nur noch eine spärliche Tundravegetation zwischen den Eismassen zuließen.“ (Quinger, B., 2009) Seit dem letzten Glazial, in Abbildung 1 durch die senkrechte Linie markiert, ist ein deutlicher Rückgang der Eisbedeckung zu erkennen (Als Indikator für diese wird der $\delta O-18$ Wert verwendet: vgl. Anhang: $\delta O-18$ Wert). Nach Maier, B. (2011) geht mit dem postglazialen Rückgang der Eisbedeckung auch ein Rückzug der Populationen von *Betula nana* in „Klimainseln“ einher, was potentiell zu einer Isolation der Inselstandorte führt.

Ziel dieser Arbeit ist es, die *Betula nana* im Bernrieder Filz, Deutschland, und in Jotunheimen, Norwegen, morphologisch sowie genetisch zu charakterisieren und zu vergleichen. Dabei wird besonderes Augenmerk auf eine mögliche Isolation einzelner Standorte gelegt.

Äußere Faktoren wie z.B. das Klima sind bei beiden Standorten sehr unterschiedlich, was die Vermutung nahelegt, dass sich die Zwergbirken an den jeweiligen Standorten an die dortigen Gegebenheiten angepasst haben. Somit könnten morphologische Unterschiede zwischen den untersuchten Standorten (vgl. 2 Methodik) im Voralpenland und in Jotunheimen vorhanden sein.

¹ Bezeichnung „Warmzeit“ missverständlich: in der Erdgeschichte sind weitaus wärmere Temperaturepochen zu finden.

Die oben genannte Fragmentierung der *Betula nana* und die folgend erwähnte Isolation der beiden untersuchten Standorte mit dem dadurch verhinderten Austausch genetischen Materials lässt vermuten, eine unterschiedliche evolutionäre Entwicklung der *Betula nana* an beiden Standorten feststellen zu können.

2 Methodik

Um die Datengrundlage für weitere Nachforschungen zu legen, werden zwei Exkursionen durchgeführt: nach Jotunheimen, Norwegen, sowie ins Bernrieder Filz, Deutschland. Dort werden im Gelände verschiedene Daten der Pflanze erhoben. Im Folgenden werden grundsätzliche Informationen über die Zwergbirke dargelegt, auf die Exkursionsgebiete eingegangen und der Ablauf der Datenaufnahme beschrieben. Zuletzt wird die genetische Analyse der *Betula nana* im Labor beschrieben.

2.1 Charakterisierung der *Betula nana*

Die Zwergbirke ist in Bayern nur in Mooren, im Speziellen in Hoch- und Übergangsmooren, aufzufinden. Verstärkt kommt die *Betula nana* zusammen mit Torfmoosen vor, wohingegen Moorkiefern die Vegetationsdichte senken. Eine Präferenz von minerotrophen oder ombrotrophen Mooren ist nicht zu erkennen, jedoch ist der Wasserstand des Moores ausschlaggebend. (Schwarz, B. 2015) Die Verteilung der *Betula nana* erstreckt sich global gesehen über eurosibirische sowie nordamerikanische Ökosysteme (Aeschimann, D. 2004).

Die Strauchhöhe der Zwergbirke beträgt 30 cm bis 100 cm Wuchshöhe. Ihre drüsenlosen Triebe sind anfangs dicht flaumig behaart; die daraus wachsenden Zweige sind zunächst braungrau, können später jedoch auch eine schwärzliche bis graue Farbe annehmen. (Aeschimann, D. 2004)

Der Rand der an der Oberseite dunkelgrünen Blätter ist einfach stumpf gezahnt, wie es für Birken typisch ist. Die Unterseite ist farblich heller als die Blattoberseite und weist deutlich sichtbar 2 bis 4 Äderchen auf. (Quinger, B. 2009)

Die *Betula nana* hat männliche sowie weibliche Kätzchen ("Amentum"). Dabei erreichen die ungestielt-walzenförmigen männlichen eine Länge von 5 mm bis 15 mm; die sehr kurz gestielten, eher länglich-eiförmigen, weiblichen Kätzchen messen 7 mm bis 10 mm. (Quinger, B. 2009)

Nach Ellenberg (2010) wird die *Betula nana* als sommergrüner „holziger Chamaephyt“ eingestuft, also als Zwergstrauch, dessen Höhe nur selten einen halben Meter übersteigt. Die folgende Tabelle bietet einen Auszug der Zeigerwerte der *Betula nana* nach Ellenberg, H. (2010).

Lichtzahl	Temperaturzahl	Feuchtezahl	Blattausdauer	Lebensform
8	3	9	S	Z

Tabelle 1: Auszug aus den Zeigerwerten nach Ellenberg

Alle Werte sind mit Erläuterung im Anhang zu finden.

2.2 Untersuchungsgebiet im Voralpenland

Das Untersuchungsgebiet im Voralpenland ist das Bernrieder Filz, westlich des Starnberger Sees, wo die drei Datenaufnahmepunkte ringförmig um das Moorage liegen. Das Naturschutzgebiet wurde 1935 vom Bund Naturschutz gekauft und ist knapp 43 ha groß. Es gehört zu den letzten fünf Prozent der Hochmoore Deutschlands, die sich noch in einem natürlichen Zustand befinden, was wesentlich auch einer Renaturierungsaktion des Bund Naturschutz zu verdanken ist. Hier befindet sich noch ein größeres Vorkommen der *Betula nana*, „wohl das zweitgrößte von Mitteleuropa“. (Bund Naturschutz, letzter Zugriff 25.06.2016)

„Die Zwergbirke ist in Bayern auf Moore beschränkt“ (Schwarz, B. 2015). Als Reliktart zog sie sich postglazial „in 'Klimainseln', wie sie unter anderem Moore darstellen“, zurück. Dies geschah infolge des Temperaturanstiegs, der mit dem Vorübergehen des letzten Glazials einherging. (Mayer, B.C. 2010)

Nach Schwarz, B. (2015) spielt der Wasserstand des Moores eine wichtige Rolle für das Wachstum der *Betula nana*. Dies schließt er aus Beobachtungen im Bernrieder Filz und im Rothfilz: In Letzterem wirkt sich ein ombrotropher Untergrund positiv auf das Wachstum der Zwergbirke aus. Im Bernrieder Filz hingegen bewirkt Minerotrophie ein verstärktes Wachstum. Dies bestätigte sich auch bei der dortigen Datenaufnahme, bei welcher Dr. Helmut Hermann vom Bund Naturschutz e.V. (Kreis Weilheim-Schongau) über die Renaturierungsaktion (siehe oben) des Filzes berichtete: Während der Arbeiten sei es zu einer temporären Anbindung des Moores an das Grundwasser gekommen, wodurch ionenhaltiges Grundwasser das Filz minerotroph beeinflusst.

Der Niederschlag im Monat Juli, dem Zeitpunkt der Expedition ins Voralpenland, beträgt durchschnittlich 138 mm, die Durchschnittstemperatur beträgt 16,6 °C. (vgl. Anhang: Klimadaten Bernrieder Filz)

2.3 Untersuchungsgebiet in Jotunheimen

Das Untersuchungsgebiet in Jotunheimen liegt entlang des Gletscherflusses „Leira“, der einem Gletschersee auf 1.400 m Höhe entspringt. Hier erfolgt die erste Datenaufnahme, die folgenden werden flussabwärts im Abstand von 200 Hm durchgeführt. (vgl. Anhang 3, Anhang 4)

Dieses Gebiet stellt zwar kein Hochmoor dar, allerdings bietet der Untergrund dort aufgrund von Niederschlag, Schmelzwasser und der Lage am Gewässer trotzdem ausreichend Feuchtigkeit für *Betula nana*.

Der Niederschlag im Monat Juli, dem Zeitpunkt der Expedition nach Jotunheimen, beträgt durchschnittlich 91 mm, die Durchschnittstemperatur beträgt 7,4 °C. (vgl. Anhang: Klimadaten Jotunheimen)
Der Niederschlag sowie die Temperatur sind in diesem Monat also deutlich niedriger zu erwarten als im Voralpenland.

2.4 Datenaufnahme im Gelände

Pro untersuchtem Individuum wird ein eigener Aufnahmebogen verwendet; auf diesem wird das Datum der Aufnahme, eine kurze Beschreibung der Witterung sowie die Koordinaten und Höhe ü. NN notiert. Die Koordinaten und die Höhe werden mit einem GPS-Gerät (Garmin eTrex 10) bestimmt. Fotos vom Individuum und ggf. des Standortes werden mit einer Digitalkamera aufgenommen und die Dateinamen im Aufnahmebogen vermerkt.

Die Bodentemperatur sowie die Umgebungstemperatur im Schatten werden mit einem Thermometer gemessen und eingetragen. Außerdem wird je eine Bodenprobe dem Standort entsprechend beschriftet und zur späteren Analyse mitgenommen.

Diese erfolgt am Schyren-Gymnasium Pfaffenhofen in den Räumlichkeiten der Biologie und Chemie. Analysiert werden die Bodenproben mit Bezug auf den pH-Wert und den Nitrat-Wert. Hierzu werden zunächst jeweils 15 g Erde mit destilliertem Wasser aufgeschwemmt und in einen Erlenmeyerkolben filtriert. Anschließend werden der pH- und der Nitrat-Wert des Filtrats gemessen. (für genauen Versuchsablauf vgl. Anhang 6)

Zunächst werden bei der morphologischen Datenaufnahme die Stammdurchmesser an mehreren Stellen mit einer Schieblehre erhoben, die zuerst ca. 10 cm über Grund angesetzt wird. So wird einer Verfälschung des Messergebnisses durch Verdickungen unmittelbar über Grund vorgebeugt. Danach werden die Durchmesser nach der jeweils nächsten Verzweigung bzw. am jeweils nächsten Trieb fortlaufend gemessen. Anschließend wird die Höhe mit einem Zollstock gemessen, wobei immer der höchste Punkt des Strauchs betrachtet wird. Bei der Ausbreitung des Individuums wird von einer rechteckigen Grundfläche ausgegangen, deren Kantenlängen mit dem Zollstock erhoben werden. Zudem wird die Gehölzdeckung durch die Zwergbirke, bezogen auf ihre Ausbreitung, in Prozent abgeschätzt.

Die Vermessung der Blätter erfolgt hinsichtlich Länge, Breite und Dicke: Alle drei Maße werden mit einer digitalen Schieblehre vermessen und im Aufnahmebogen festgehalten. Bei Länge und Breite wird jeweils der größte Wert erhoben. Pro Pflanze werden sechs Blätter untersucht.

Die Blüten werden, sofern vorhanden, gleichermaßen mittels einer Schieblehre auf Länge und Durchmesser analysiert. Hierbei werden an jeder Pflanze maximal drei vermessen. Zudem wird die ungefähre Zahl der Blüten pro Pflanze festgehalten.

Alle Daten werden im Aufnahmebogen aufgenommen und später zum Vergleich der verschiedenen Populationen verwendet. Für die genetische Analyse wird eine Pflanzenprobe von ca. 10 Blättern von jedem untersuchten Individuum entnommen und in einem Tütchen mit Silikagel aufbewahrt. Eine Sammelgenehmigung für die geschützte Pflanze wurde von der Regierung von Oberbayern für das Bernrieder Filz ausgestellt (München, 06.06.2016).

2.5 Genetische Analyse

Genetisch analysiert werden die 3 Pflanzenproben aus dem Voralpenland und die 3 aus Jotunheimen. Dazu kommt eine Probe aus Estland, die von Dr. Helmut Hermann vom Bund Naturschutz, Sektion Weilheim-Schongau, zur Verfügung gestellt wurde. Die Probe wurde erst nach dem Transport von Estland nach Deutschland getrocknet, daher ist ihre Qualität ungewiss.

2.5.1 DNA-Extraktion

Die Extraktion der DNA aus den 7 Blattproben erfolgt an der TUM in Weihenstephan, Fachgebiet Biodiversität der Pflanzen, bei Prof. Dr. Hanno Schäfer. Im Folgenden werden die 5 Arbeitsschritte erläutert.

Homogenisierung:

Hierbei werden circa 20 mg (ca. 2 Blätter) Blattprobe zusammen mit 1 Spatelspitze Silikagel sowie 4 Stahlkugeln (d=3 mm) in ein Reaktionsgefäß („Eppi“) gegeben und in einer Schwingmühle fein pulverisiert, sodass die Zellwände zerstört sind. Abkühlungspausen verhindern die Denaturierung der DNA durch Reibungswärme.

Zersetzung der RNA (Lyse):

Das Pflanzenmaterial wird nun in 400 µl „Buffer PL1“-Lösung gelöst und mit 10 µl „RNase A“ versetzt, die während der 60-minütigen Inkubation sämtliche RNA in der Probe zersetzt. Danach wird das Lysat 5 Minuten bei 11000 g zentrifugiert², sodass sich Silikagel und Metallkugeln am Boden absetzen. Das flüssige Lysat wird in ein neues Eppi überführt.

Binden der DNA:

Die Lösung wird hierfür mit 350 µl „Buffer PC“-Lösung versetzt und in einem Eppi durch eine integrierte Membran filtriert. Das Eppi wird noch 1 Minute bei 11000 g zentrifugiert und der Durchfluss anschließend entsorgt. Die gelöste DNA haftet jetzt mehr oder weniger verunreinigt an der Membran.

Waschung:

Die Aufreinigung erfolgt in drei Durchgängen, die schematisch analog laufen, nämlich jeweils durch Zugabe eines Lösungsmittels, das die Membran durchfließt und Verunreinigungen dabei herauslöst. Anschließend wird jedes Mal zentrifugiert und der Durchfluss entsorgt.

Lösen:

Zuletzt muss die aufgereinigte DNA aus der Membran gelöst werden. Hierzu gibt man auf die Membran ein spezifisches Lösungsmittel (50 µl „Buffer PE“), das bei 62 °C 5 Minuten inkubiert wird. Durch anschließendes Zentrifugieren liegt die gelöste DNA im Eppi unter der Membran vor.

² g=9,81 m/s²

Zuletzt wird die quantitative und qualitative Güte der extrahierten DNA in einem Spektrometer untersucht. Die Ergebnisse werden in einer Excel-Datei aufgeführt. (vgl. Anhang 7)

2.5.2 PCR-Methode

Um nun aus der extrahierten DNA eine zur Sequenzierung ausreichende Stoffmenge zu erhalten, wird die PCR-Methode durchgeführt. Diese ermöglicht es, eine bestimmte DNA-Sequenz zu markieren und zu replizieren (in analoger Weise zur Proteinbiosynthese).

Repliziert wird zum einen DNA aus den Chloroplasten und zum anderen jene aus dem Zellkern. Dies gelingt durch die Verwendung zweier unterschiedlicher Primer, die sequenzspezifisch an den DNA-Einzelstrang binden. Für die Chloroplasten-DNA wird ein „psbA“-Primer verwendet, für die DNA des Zellkerns ein „ITS“-Primer. Mit jeweils einer Blindprobe durchlaufen somit insgesamt 16 Reaktionsgefäße („PCR-Reaktionsstreifen“) die PCR-Reaktion.

Die PCR-Reaktion selbst erfolgt in einem Thermocycler, der die thermischen Arbeitsoptima der beteiligten Reaktionspartner regelt. Hierfür müssen die verschiedenen DNA-Proben jeweils mit den entsprechenden Reagenzien versetzt werden.

Aus diesen werden zwei „Mastermixe“ erstellt; einer mit psbA-Primern und einer mit ITS-Primern. Hierin sind sämtliche Reaktionspartner in für alle Proben ausreichender Menge gemischt. Ein Mastermix besteht aus $H_2O_{(dest.)}$, einem Puffer (hält Ionenkonzentration und Säuregrad stabil), den freien Nukleotiden (= „dNTP“s: Desoxynucleosidtriphosphat), der Polymerase zur Biokatalysation, einem F (forward) Primer sowie einem R (reverse) Primer der jeweils entsprechenden Sorte psbA oder ITS.

Bei der PCR-Reaktion werden zyklisch drei Schritte wiederholt: Denaturierung, Hybridisierung und Polymerisation. Nach 35 Zyklen ist ausreichend DNA zur Sequenzierung vorhanden.

Denaturierung:

Die Wasserstoffbrückenbindungen, die die beiden komplementären DNA-Stränge zu einem Doppelstrang verbinden, werden durch Erhitzen auf 95°C aufgebrochen. Dadurch liegen nun zwei getrennte, komplementäre Einzelstränge vor.

Hybridisierung:

Während dieses Schritts binden unter Abkühlen auf 50°C die Primer an die Einzelstränge. Primer sind Oligonukleotide und binden aufgrund des Abkühlens an eine primerspezifische Stelle des Genoms: der F Primer am Anfang, der R Primer am Ende der so definierten Sequenz.

Polymerisation:

In diesem Schritt lagern sich nun, am 3'-Ende des Primers ansetzend, freie Nukleotide an den Einzelstrang an. Dies erfolgt aufgrund von Katalyse durch die „Taq-Polymerase“.

Da die Reaktionsbedingungen in jedem Zyklus 3-mal wechseln und 20 - 30 Zyklen stattfinden, verwendet man einen Thermocycler, der die Temperatur entsprechend des Reaktionsstadiums regelt. Die Dauer eines Reaktionsschritts mit dessen zugehörigem Temperaturoptimum sowie die Anzahl der Zyklen können programmiert werden.

(Gesamter Absatz: Brott, A., 2009: S.82)

3 Ergebnisse

Im Folgenden werden die Ergebnisse der Datenaufnahme im Gelände, bezüglich Exkursionsgebiet gegliedert, dargestellt. Zudem werden die Resultate der genetischen Analysen der Zwergbirken - ebenfalls in die Kategorien „Voralpenland“ bzw. „Jotunheimen“ eingeteilt - präsentiert.

3.1 Morphologische Analyse

Da zum Zeitpunkt der Datenaufnahme in Jotunheimen die Zwergbirken dort schon verblüht waren und deshalb nur morphologische Daten der regenerativen Merkmale der Pflanzen aus dem Voralpenland vorliegen, werden diese bei der Auswertung nicht berücksichtigt.

3.1.1 Voralpenland

Bei Betrachtung der Durchschnittswerte für die Blattlängen sticht der Standort „Voralpenland III“ leicht heraus, da hier deutlich längere Blätter aufzufinden sind als bei den beiden ersten Datenaufnahmen (vgl. Tabelle 2). Für Einzelwerte vgl. Anhang 13 bis Anhang 18.

STANDORT:	VORALPENLAND I	VORALPENLAND II	VORALPENLAND III	DURCHSCHNITT ³
BLATTLÄNGE (Ø)	7,63	6,49	9,34	7,82
BLATTBREITE (Ø)	7,45	6,82	9,10	7,79
BLATTDICKE (Ø)	0,26	0,26	0,22	0,25

Tabelle 2: Blattmorphologie im Voralpenland; Werte in [mm]

Die Einzelwerte der Blattbreiten der untersuchten Blätter von „Voralpenland I“ und „-II“ bewegen sich zwischen ca. 6 und 8,5 mm. Die Blattbreiten von „Voralpenland III“ liegen wesentlich höher; ca. zwischen 9 und 10 mm. Im Durchschnitt bewegen sich die Werte aller Proben zwischen 6,8 und 9,1 mm (vgl. Tabelle 2).

Bei den Werten für die Blattdicken ist vorab zu erwähnen, dass alle Daten mit einer Schieblehre ohne einen Mechanismus, der konstanten Druck gewährleisten könnte, erhoben wurden. Da die Blattdicken sehr geringe Messwerte liefern, wirken sich schon minimale Druckunterschiede bei der Messung stark auf die Ergebnisse aus. Das macht diesen morphologischen Parameter sehr fehleranfällig.

Die Ergebniswerte bewegen sich im Bereich zwischen 0.2 und 0.3 mm (vgl. Tabelle 2). Für die Einzelwerte vgl. Anhang.

Das Erscheinungsbild der Individuen im Voralpenland weist einen deutlich sichtbaren „Haupttrieb“ in der Mitte auf. Dieser strebt stark in die Höhe und bleibt wenig holzig. Zudem ist zu erwähnen, dass die Individuen

³für Tabelle 1-6: Durchschnitt der Durchschnittswerte aus den Einzelergebnissen aller drei Standorte; nur Endwert gerundet

im Bernrieder Filz in starker Konkurrenz mit anderen Pflanzen wachsen, die das Gebiet dicht bedecken. Aus den drei erhobenen Einzelwerten für den Stammdurchmesser wurde ein Durchschnittswert pro Individuum gebildet. Die Wuchshöhe war im Bernrieder Filz gut zu messen und birgt wohl keine verfälschenden Faktoren. Da die Unterschiede in der Ausbreitung bei schlichter Angabe der Fläche sehr weit auseinanderklaffen würden, wird als Referenzwert die Diagonale⁴ („Ausbreitungsdiagonale“) des Rechtecks (vgl. 2.4 Datenaufnahme im Gelände), also ein linearer Wert statt einer Fläche, genommen. (vgl. Tabelle 3)

STANDORT:	VORALPENLAND I	VORALPENLAND II	VORALPENLAND III
STAMMDURCHMESSER	4,20 mm	5,64 mm	3,90 mm
WUCHSHÖHE	42 cm	71 cm	34 cm
AUSBREITUNG (DIAGONALE)	31 cm	120 cm	23 cm

Tabelle 3: Stammdurchmesser, Wuchshöhe und Ausbreitung im Voralpenland

3.1.2 Jotunheimen

Die Standorte in Jotunheimen weisen für die Länge höhere Werte auf als die im Voralpenland. Ein Standort, der mit auffällig höheren Werten aus der Reihe fällt, ist nicht dabei.

Die Einzelwerte für die Blattlänge bewegen sich in Norwegen zwischen ca. 5,7 und 11,5 mm (vgl. Anhang 13 bis Anhang 18). Die Durchschnittswerte der einzelnen Standorte bewegen sich zwischen 7,9 und 9,3 mm (vgl. Tabelle 4).

STANDORT:	JOTUNHEIMEN I	JOTUNHEIMEN II	JOTUNHEIMEN III	DURCHSCHNITT
BLATTLÄNGE (∅)	8,40	7,85	9,28	8,51
BLATTBREITE (∅)	9,87	8,21	10,04	9,37
BLATTDICKE (∅)	0,22	0,24	0,31	0,26

Tabelle 4: Blattmorphologie in Jotunheimen; Werte in [mm]

Bei Betrachtung der Blattbreiten an den drei Standorten in Jotunheimen bestätigt sich die Tendenz zu in Norwegen höheren Werten. Einzelwerte zeigen eine Ergebnisspanne zwischen ungefähr 5,8 und 11,3 mm (vgl. Anhang). Die durchschnittlichen Ergebnisse der einzelnen Standorte bewegen sich hingegen nur zwischen 8,2 und 10 mm (vgl. Tabelle 4).

Die Dicke der Blätter aus Norwegen bewegt sich bezüglich der Einzelwerte zwischen 0.20 mm und 0.38 mm. Die Durchschnittswerte bewegen sich zwischen 0,22mm und 0,31mm (vgl. Tabelle 4). Jedoch ist ebenso die Fehleranfälligkeit der Datenerhebung zu berücksichtigen wie im Voralpenland (vgl. oben).

⁴Diagonale = $\sqrt{\text{Länge}^2 + \text{Breite}^2}$; auf ganze [cm] gerundet

Bei der Datenaufnahme in Jotunheimen fiel auf, dass die Stämme der Pflanzen dort sehr holzig ausfallen. Auch hier wurde pro Individuum ein Durchschnittswert für den Stammdurchmesser aus den drei Einzelwerten gebildet. Die Konkurrenz der *Betula nana* durch andere Pflanzen ist sehr schwach: Entweder wächst sie allein oder mit anderen Zwergbirken vergesellschaftet. Das Individuum von Standort „Jotunheimen I“ lag auf einem Stein auf, weshalb die Wuchshöhe über Grund gemessen 16 cm betrug. Um Vergleichbarkeit gewährleisten zu können, wurde der Wert für die tatsächliche Größe dieser Zwergbirke auf 10 cm bereinigt (vgl. Tabelle 5). Die Ausbreitung wird analog zu den Daten des Alpenraumes als Ausbreitungsdiagonale angegeben.

STANDORT:	JOTUNHEIMEN I	JOTUNHEIMEN II	JOTUNHEIMEN III
STAMMDURCHMESSER	7,11 mm	7,04 mm	5,93 mm
WUCHSHÖHE	10 cm	66 cm	33 cm
AUSBREITUNG (DIAGONALE)	104 cm	251 cm	52 cm

Tabelle 5: Stammdurchmesser, Wuchshöhe und Ausbreitung in Jotunheimen

3.2 Genetische Analyse

Die Sequenzierung der PCR-Produkte verlief bei allen eingeschickten Proben erfolgreich. Sie wurde bei einer privaten Firma (GATC Biotech AG, 78467 Konstanz, Deutschland) vorgenommen. Dort wurde eine weitere PCR durchgeführt, wobei den dNTPs ein geringer Prozentsatz von fluoreszenzmarkierten „Abbruch-Nukleotiden“ zugefügt wurde. Diese haben nur eine Phosphor-Gruppe statt zweien, weshalb die Extension des Einzelstrangs stoppt, sobald sich ein solches „Abbruch-Nukleotid“ an das Ende des sich verlängernden Strangs anlagert. Die Spanne der Längen der PCR-Produkte reicht also von der vollständigen Länge der eingeschickten DNA-Sequenz (800 - 900 Nukleotide lang) bis hin zu 1 Nukleotid Länge. An welcher Stelle sich solch ein zuvor genanntes „Abbruch-Nukleotid“ einfügt, geschieht zufällig, weshalb – angesichts der großen Anzahl an Strängen – zum Schluss Stränge jeder Länge an Nukleotiden (Nt) innerhalb der Spanne vorliegen (1 Nt, 2 Nt, 3 Nt, ..., ca. 900 Nt).

Um die verschiedenen Kettenlängen untereinander aufzutrennen, führt man nun eine Kapillarelektrophorese durch. Diese arbeitet nach dem Prinzip der Gel-Elektrophorese und ermöglicht es, die vorliegenden DNA-Stränge der exakten Länge nach voneinander zu sortieren. Auf die genaue Funktionsweise und die Unterschiede soll hier nicht weiter eingegangen werden.

Durch Anregung mit einem Laser wird nun vom jeweils letzten Molekül der Nukleotid-Kette entsprechender Kettenlänge ein Fluoreszenz-Signal emittiert, da die Abbruch-Nt fluoreszenzmarkiert sind. Die Fluoreszenzmarkierung und somit auch die Emissionen sind basenspezifisch, weshalb an der jeweils letzten Position der Kette die dort befindliche Base durch Detektion des jeweiligen Signals bestimmt werden kann.

Bei einer Kette der Länge 1 Nt erhält man so die Base an der ersten Position der DNA-Sequenz, bei einer Länge von 2 Nt die Base an der 2. Position und so weiter. Die Emissionen und die daraus abgeleitete Base an der jeweiligen Position können in einem Programm („Geneious“: Biomatters Ltd, Auckland, New Zealand) dargestellt, bearbeitet und verglichen werden.

3.2.1 Voralpenland

Für die genetische Analyse liegt nur für zwei von drei Proben aus dem Alpenraum ein Ergebnis vor. Die Probe des Standortes „Voralpenland III“ wurde aufgrund mangelhafter Qualität des PCR-Produktes nicht zur Sequenzierung geschickt.

Die Proben der Standorte „Voralpenland I“ und „Voralpenland II“ weisen in der Chloroplasten-DNA keine Mutationen auf. Jedoch befindet sich an Position 278 der Sequenz bei beiden Proben ein „Gap“. (vgl. Anhang 11) Diese Position ist die erste Stelle einer Poly-T-Sequenz, an der 9 Thymidine aufeinanderfolgen.

In der DNA des Zellkerns der Probe „Voralpenland II“ ist an der Position 224 durch „K“ eine Ambiguität zwischen „G“ (Guanin) oder „T“ (Thymin) markiert (Für alle IUPAC Ambiguity Codes: vgl. Anhang 8). Das Genom der Zwergbirke von „Voralpenland I“ weist an dieser Position Guanin auf (vgl. Anhang 12).

An Position 244 der Standorte „Voralpenland I“ und „Voralpenland II“ befindet sich jeweils Thymin.

Die Position 304 zeigt bei beiden Standorten im Voralpenland jeweils Cytosin als Base an.

3.2.2 Jotunheimen

Durch den Gap bei den Proben aus dem Voralpenland bedingt, haben die in Jotunheimen genommenen Proben in der Poly-T-Sequenz von Position 278 bis 287 mit 10 statt 9 Thymidinen ein Thymin mehr. Weitere Ergebnisse sind der genetischen Analyse der DNA aus den Chloroplasten bei den Proben der Zwergbirke aus Jotunheimen nicht zu entnehmen.

Die Proben der Standorte „Jotunheimen I“ und „Jotunheimen II“ weisen an Position 224 eine Unsicherheit zwischen Thymin und Guanin auf, wie sie auch bei „Voralpenland II“ zu erkennen ist (vgl. oben). Bei der Probe „Jotunheimen III“ ist jedoch eindeutig Thymin als Base zu erkennen.

An Position 244 tragen die Standorte „Jotunheimen I“ und „-III“ Thymin im Genom. Die Base des Standorts „Jotunheimen II“ konnte hier nicht definitiv bestimmt werden.

Bei zwei von drei Standorten Jotunheimens findet man an Position 304 Thymin als Base. Beim Standort „Jotunheimen I“ kann jedoch nicht eindeutig gesagt werden ob sich Thymin oder Cytosin an dieser Stelle des Genoms befindet.

3.2.3 Zusätzliche Proben

Wie auch die Proben aus Jotunheimen weist das estnische Individuum an Stelle 278, der Stelle des Gaps im Genom des Voralpenlandes, Thymin auf.

An Position 224 trägt die estnische Probe Guanin im Genom.

Die Position 244 zeigt Cytosin als Base für die Probe aus Estland.

Ebenso stellt Cytosin an Position 267 die Base dar.

An der Stelle 304 wird Thymin als Base des Genoms der Probe vom Standort Estland detektiert.

4 Diskussion

Nach der Darlegung der Ergebnisse werden diese nun folgend aufbereitet, gegenübergestellt und verglichen. Zugleich werden mögliche Gründe für sich abzeichnende Auffälligkeiten gesucht, abgewogen und diskutiert.

4.1 Ursachen morphologischer Unterschiede

Bei einem direkten Vergleich der Blattoberflächen an den beiden Standorten lässt sich eine Tendenz zu im Norden größeren Blättern der *Betula nana* feststellen. Es gibt zwar Standorte, bei denen die Blattoberfläche⁵ im Voralpenland größer ist als in Norwegen, jedoch ist nach Parallelsetzung der Schwankungen der Werte innerhalb einer Population unverkennbar, dass die Blätter in Norwegen bzw. Jotunheimen eine größere Fläche aufweisen als im Alpenraum (vgl. Anhang 9).

Dieser Unterschied in den Blattflächen könnte mit der in Norwegen längeren Schneebedeckung bzw. längeren Winterperiode zusammenhängen. Die Aufnahmepunkte in Norwegen sind 400 Hm, 600 Hm und 800 Hm höher gelegen als jene im Alpenraum. Zudem liegt Jotunheimen rund 13 Breitengrade nördlicher als das Bernrieder Filz, weshalb die Strahlungsintensität der Sonne dort zum gleichen Zeitpunkt im Jahr geringer ist.

Hieraus resultiert unter anderem auch ein signifikanter Temperaturunterschied zwischen Jotunheimen und dem Voralpenland: In Norwegen liegt die Durchschnittstemperatur in 7 Monaten im Jahr unter 0 °C, wohingegen die Durchschnittstemperatur im Bernrieder Filz nur in 3 Monaten des Jahres unter 0 °C sinkt. (vgl. Abbildung 2)

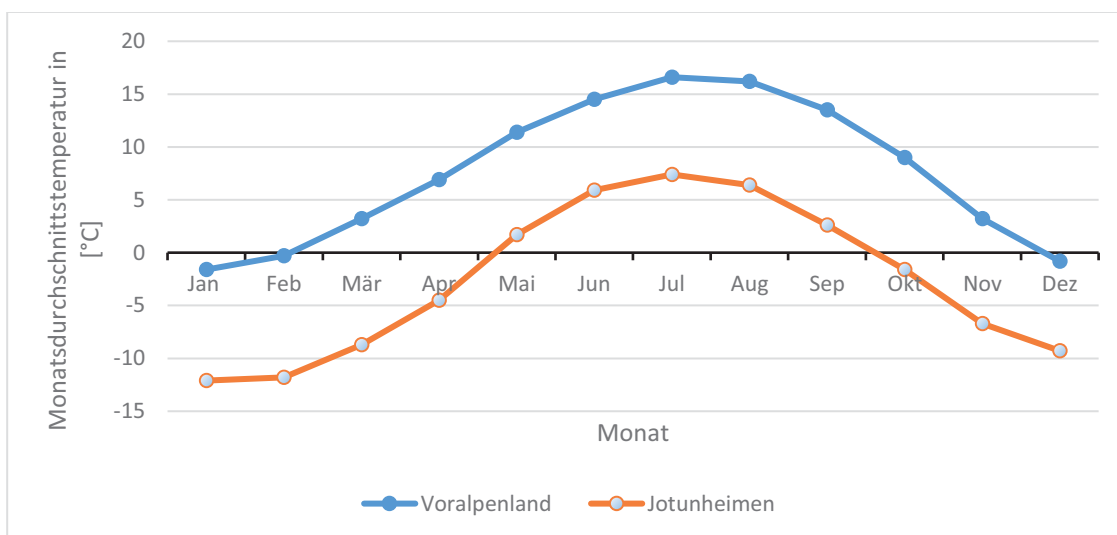


Abbildung 2: klimatische Gegenüberstellung⁶

⁵ Berechnet aus aufgenommenen Daten: Länge (\emptyset aus Einzelwerte), Breite (\emptyset aus Einzelwerte) (vgl. Anhang); gerundet auf ganze Zahlen

⁶ Diagramm basierend auf Daten von „Klimadiagramm der Geo-Koordinaten X: 8.25 / Y: 61.75“ sowie „Klimadiagramm der Geo-Koordinaten X: 11.25 / Y: 47.75“

Die *Betula nana* ist von Ellenberg als „sommergrün“ beschrieben (vgl. 2.1 Charakterisierung der *Betula nana*), sie trägt photosynthetisch aktive Blätter also nur in der wärmeren Jahreszeit (vgl. Ellenberg, H. 2010). Dementsprechend kann Photosynthese nur in den sommerlichen Temperaturperioden betrieben werden.

Diese Spanne ist in Jotunheimen signifikant kürzer als im Alpenraum. Durch eine größere Blattfläche mit entsprechend mehr Chloroplasten pro Blatt würde die Photosyntheserate pro Zeiteinheit erhöht, wodurch die notwendige Photosyntheseleistung gewährleistet werden könnte.

Ein Unterschied im Gesamterscheinungsbild der *Betula nana* an beiden Standorten ist ihr Stamm sowie ihre Ausbreitung und Wuchshöhe. Die Stämme der norwegischen Pflanzen fallen sichtbar holziger aus, was durch die Datenlage (größere Stammdurchmesser) unterstützt wird. Bei Gegenüberstellung der beiden Populationen kann man erkennen, dass die Stämme der Zwergbirken Jotunheimens deutlich dicker sind als jene im Voralpenland (vgl. Anhang 10).

Eine weitere Auffälligkeit ist der im Voralpenland charakteristische „Haupttrieb“, der in Jotunheimen nicht zu finden ist. Hier strebt die *Betula nana* nicht so stark in die Höhe, sondern breitet sich eher in der Fläche aus. Abbildung 3 zeigt die Wuchshöhe der *Betula nana* in Beziehung zu ihrer Ausbreitungsdiagonalen. Man kann einerseits sehen, dass die Wuchshöhe der deutschen Pflanzen höher ist, wohingegen für die Ausbreitung der Pflanzen in Jotunheimen größere Werte zu finden sind. Andererseits ist zusätzlich zu beobachten, dass bei Betrachtung eines einzelnen (beliebigen) Standorts mit größeren Werten für die Höhe des Individuums eine geringere Ausbreitung einhergeht. Im Voralpenland wächst die Zwergbirke also mehr in die Höhe und bleibt dabei am Stamm eher dünn, während sie in Jotunheimen bodennäher bleibt und sich flächiger ausbreitet sowie an Stammmasse zulegt (vgl. Abbildung 3).

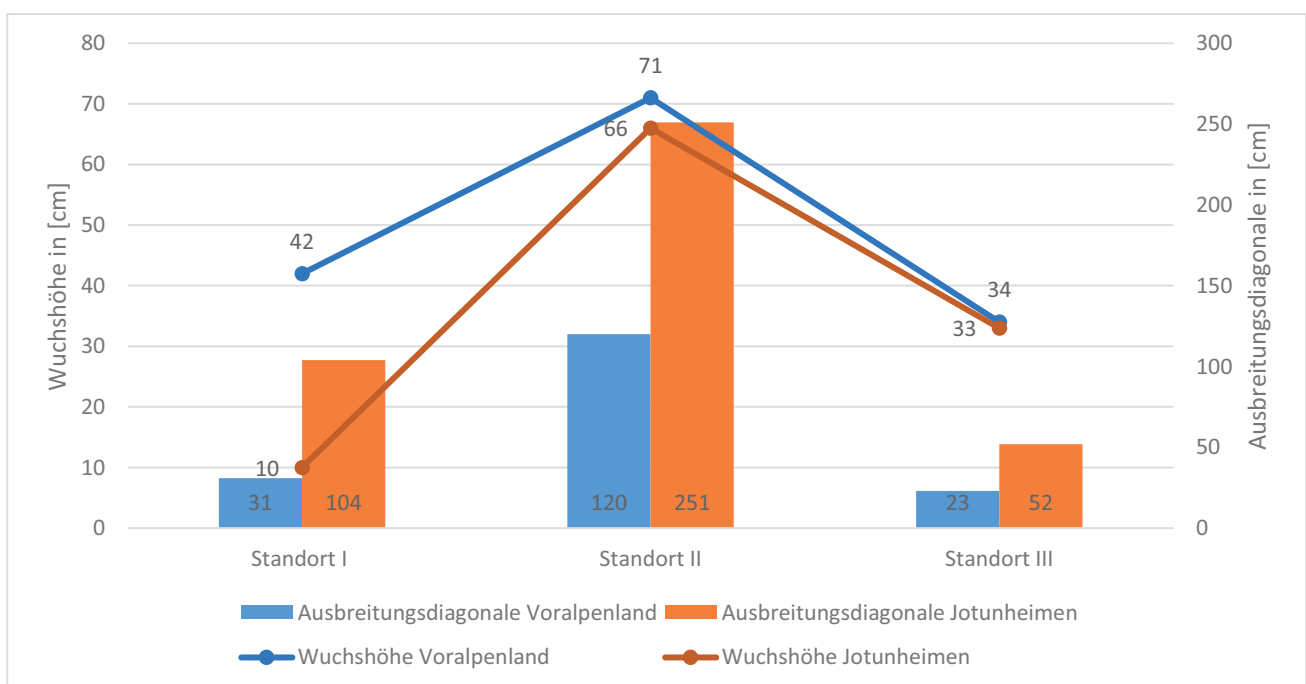


Abbildung 3: Vergleich der Wuchshöhe in Beziehung zur Ausbreitung

Zu begründen könnte dies mit dem unterschiedlichen Konkurrenzdruck an den beiden Standorten sein. Im Bernrieder Filz steht die *Betula nana* in starker Konkurrenz mit anderen Pflanzen und vor allem auch Sträuchern. Mit diesen konkurriert sie um Sonnenlicht, wobei das hohe Lichtbedürfnis der Zwergbirke besonders zu betonen ist (vgl. 2.1 Charakterisierung der *Betula nana*: Lichtzahl). Hierdurch könnte auch das starke Streben eines einzelnen „Haupttriebs“ nach oben bedingt sein. Die geringere Ausbreitung könnte zusätzlich durch das deutlich geringere Platzangebot zu erklären sein.

Dies weist auf eine „Vergeilung“ der *Betula nana* im Bernrieder Filz hin: vergeilte Pflanzen wachsen unter Lichtmangel und weisen dafür charakteristische Merkmale auf, wie unter anderem typischerweise eine Streckung nach oben. Diese Vergeilung ist durch die Konkurrenz der *Betula nana* bedingt und erklärt das Streben nach oben und die geringe Ausbreitung.

In Jotunheimen steht die Zwergbirke meist allein oder in Vergesellschaftung mit anderen Zwergbirken, weshalb hier keine Einschränkung und kein Konkurrenzdruck durch andere Pflanzen vorliegt. Es gibt also auch keinen Anlass, wieso sich ein Individuum aus Jotunheimen entgegen der Schwerkraft vertikal statt horizontal ausbreiten sollte. Dazu kommen Faktoren wie Wind und winterlicher Schneedruck, die die Ausbreitung nach oben hemmen.

Man kann also das Fazit ziehen, dass die Pflanzen im Voralpenland aufgrund deutlich größerer Konkurrenz stärker vergeilt sind als jene in Jotunheimen.

4.2 Gründe für Mutationen

Analysiert wurde bei der Sequenzierung eine nicht-kodierende Sequenz, also ein DNA-Abschnitt, der keine für die Pflanze relevanten Informationen in sich trägt. Demnach sind auch keine morphologischen Auswirkungen etwaiger Mutationen zu erwarten. Das bedeutet aber auch, dass Selektion als Grund für eine Mutation zu vernachlässigen ist, da aus einer genetischen Veränderung in dieser Sequenz keine bessere oder schlechtere Anpassung an regionale Bedingungen resultieren kann. Somit bleibt als einziger Erklärungsgrund für genetische Veränderungen die genetische Drift. Dieser Terminus beschreibt auf Zufall basierende Veränderung des Erbmaterials einer Population, die nicht durch selektiven Druck bedingt ist.

These der unterschiedlichen Isolationsdauern:

Da die glaziale Eisbedeckung Europas vom Nordpol ausging und sich mit zunehmender Erwärmung Richtung Norden zurückgezogen hat, ist anzunehmen, dass südlichere Standorte schon länger eisfrei sind als nördlichere. Unter der Annahme, dass die Isolation der jeweiligen Standorte von dem Rückgang der glazialen Eisbedeckung rührt, kann man schließen, dass ein südlicherer Standort schon länger als isolierte Population existiert als ein nördlicherer. Die Voraussetzung für eine Mutation im Genom einer Population, die im Genom einer anderen Population nicht zu sehen ist, ist die Isolation der beiden Standorte voneinander. Somit kann eine solche Mutation in Form einer genetischen Drift erst stattfinden, wenn die entsprechenden

Populationen voneinander isoliert vorliegen. Daraus folgt erstens, dass mehrere Individuen, die Teil derselben Population sind, sich genetisch synchronisieren und somit die gleiche DNA tragen. Zweitens kann daraus gefolgert werden, dass die Wahrscheinlichkeit für eine genetische Drift im Genom einer Population, die in einem heutigen Vergleich der Populationen sichtbar ist, aufgrund der längeren Isolationszeit an einem südlicheren Standort höher ist als an einem nördlicheren.⁷

4.2.1 Voralpenland

Der erste genetische Vergleich basiert auf den Ergebnissen der Analyse der aus den Chloroplasten extrahierten DNA (vgl. Anhang 11). Hier sieht man bei zwei Standorten einen „Gap“ am Rand einer Poly-T-Sequenz (vgl. 3.2.1). Auffällig ist, dass der Gap bei allen Standorten im Voralpenland vorkommt, bei den nördlich gelegenen jedoch nicht. Unter Berufung auf die aufgestellte These (vgl. oben) kann man hieraus schließen, dass das Voralpenland und Jotunheimen zwei isolierte Standorte darstellen, da sonst kein Unterschied zu sehen wäre bzw. der Gap bei beiden Populationen auftreten müsste.

Da allerdings bei den anderen Standorten an der Position der Gaps Thymin vorliegt, ist die Poly-T-Sequenz, die dort beginnt, auch zu berücksichtigen: Es besteht die Möglichkeit, dass der Unterschied auf einem Messfehler beruht, der durch eine Beeinflussung durch besagte Poly-Nukleotid-Sequenz bedingt ist. Dies ist jedoch eher unwahrscheinlich, da sich sonst keine solch eindeutige Abgrenzung der Standorte im Alpenraum ergäbe. Deshalb ist es eher wahrscheinlich, dass im Voralpenland eine Base an dieser Position 278 der Chloroplasten-DNA verloren gegangen ist, die in Norwegen wie auch in Estland noch vorhanden ist.

Bei Betrachtung der Position 304 der analysierten DNA ist zunächst eine Abgrenzung der DNA zwischen den Standorten im Voralpenland und den nördlichen Populationen (Norwegen und Estland) erkennbar: südlich findet man Cytosin im Genom, die nördlichen weisen Thymin auf (vgl. Tabelle 6). Ferner kann man annehmen, dass in der DNA am Standort „Jotunheimen I“, wie bei Standort „-II“ und „-III“, ebenfalls Thymin vorliegt: Dieser Standort ist, zusammen mit den anderen beiden, Teil einer norwegischen Population (vgl. These). (vgl. Tabelle 7)

POSITION:	224	244	267	304
VORALPENLAND I	G	T	T	C
VORALPENLAND II	K	T	T	C
JOTUNHEIMEN I	K	T	T	Y
JOTUNHEIMEN II	K	Y	T	T
JOTUNHEIMEN III	T	T	T	T
ESTLAND	G	C	C	T

Tabelle 6: Übersicht der Mutationen im Zellkern-Genom

⁷ Diese These wird inhaltlich in der Dissertation von Mátyás, G. (1999) auf Seite 78 teilweise bestätigt.

Da das Voralpenland die zeitlich länger isolierte Population darstellt, kann man davon ausgehen, dass bei einem Unterschied das Voralpenland diejenige DNA mit der Mutation aufweist. Daraus würde folgen, dass die nördlichen Standorte die Erbinformation tragen, die die *Betula nana* während der letzten Glazialen trug. Dies würde bedeuten, dass die *Betula nana* während der letzten Glazialen an Position 304 Thymin trug. Daraus folgt dementsprechend auch, dass an dieser Stelle des Genoms bei der Population im Alpenvorland eine genetische Drift von Thymin nach Cytosin stattgefunden haben muss.

4.2.2 Jotunheimen

Die Abgrenzung der Standorte anhand der Genetik ist an Position 224 schwierig, da die Hälfte der Standorte Unsicherheiten im Messergebnis aufweisen. Jedoch passen diese Unstimmigkeiten zu den sicheren Ergebnissen. Will man sich auf die oben formulierte These stützen, so müsste man davon ausgehen, dass das Individuum von „Voralpenland II“ Guanin trägt, während die beiden Zwergbirken von „Jotunheimen I“ und

POSITION:	224	244	304	
VORALPENLAND I	G	T	C	„-II“ Thymin tragen müssten. Diese Annahme ist im genetischen Austausch innerhalb einer Population begründet, aufgrund dessen verschiedene Individuen einer Population mit großer Wahrscheinlichkeit das gleiche Genom haben. So ergäbe sich an Position 224 eine Konstellation, wie sie in Tabelle 7 beschrieben ist.
VORALPENLAND II	G	T	C	
JOTUNHEIMEN I	T	T	T	
JOTUNHEIMEN II	T	T	T	
JOTUNHEIMEN III	T	T	T	
ESTLAND	G	C	T	

Tabelle 7: hypothetische Basenverteilung

Stützt man sich nun auf die These, so kann man einerseits den Schluss ziehen, dass zumindest die Populationen des Voralpenlandes und Estlands isoliert von der Norwegischen Population existieren. Zudem kann auch hier wieder unter Berufung auf die These die Vermutung gestützt werden, dass die Base im Genom der *Betula nana* an der Position 224 während des letzten Glazials Thymin war, wie es im Genom der nördlichsten Population vorkommt.

An Position 244 konnte die Base eines Standorts in Norwegen nicht genau bestimmt werden. Aufgrund der beiden anderen Norwegischen Standorte ist es jedoch wahrscheinlich, dass das Individuum von „Jotunheimen II“ ebenfalls Thymin an Position 244 des Genoms trägt (vgl. Tabelle 7). Nach diesem Schluss ist auch hier davon auszugehen, dass Thymin die „glaziale“ Base ist, da die drei nördlichsten Aufnahmepunkte, somit die am kürzesten isoliert existierenden Populationen, an dieser Position 244 Thymin tragen.

4.2.3 Zusätzliche Proben

Eine zusätzliche Abgrenzung der Standorte anhand des Genoms kann zwischen der Population in Estland und den restlichen Standorten getroffen werden. Diese Abgrenzung ist bei Betrachtung der Position 267 gut zu erkennen: Die beiden Standorte in Deutschland sowie alle drei Standorte Jotunheimens tragen Thymin,

wohingegen nur der estnische Standort Cytosin aufweist. Dies widerspricht nicht zwangsläufig der These der unterschiedlichen Isolationsdauern (vgl. oben), da sie lediglich Aussagen über die Wahrscheinlichkeit einer genetischen Veränderung einer Population trifft. Die Lage Estlands ist verglichen mit dem Alpenraum zwar nördlicher und in Relation zu Jotunheimen leicht südlicher. Trotzdem ist nicht ausgeschlossen, dass die dort befindliche Population eine Änderung des Genoms durchläuft, ohne dass der Population im Voralpenland eine genetische Drift widerfährt.

Was jedoch definitiv ausgesagt werden kann, ist, dass aufgrund des Vorhandenseins eines Unterschieds eine Isolation des Standorts Estland vorliegt (vgl. These der unterschiedlichen Isolationsdauern).

Die gleiche Auffälligkeit ist bei Position 244 zu erkennen, wo Estland ebenso eine andere Base aufweist wie die beiden anderen Populationen. Dies sichert die Schlussfolgerung, dass Estland ein weiterer, von den anderen Populationen isolierter Standort sei.

4.3 Zukünftiger Verlauf/ Ausblick

Was für einen Blick in die Zukunft relevant ist, ist die offensichtliche Isolation aller Populationen voneinander. Jeder Standort hat für sich eine Wahrscheinlichkeit, eine genetische Drift zu durchlaufen, die in einem Vergleich der jeweiligen Genome entsprechend der Isolation sichtbar ist. Dies konnte beobachtet werden, seitdem sich die glaziale Eisbedeckung zurückzog und die *Betula nana* in Klimainseln zurückdrängte, deren jeweiliger Bestand nun isoliert vorliegt. Dementsprechend wird sich der so beobachtete Verlauf mit weiteren, auf Dauer unzähligen genetischen Driften im nicht-kodierenden Bereich fortsetzen.

Die in 4.1 zum Ausdruck gebrachte Vergeilung der *Betula nana* wird mit dem dort enormen Konkurrenzdruck begründet. Laut Schwarz, B. (2015) steht die Stabilität der Populationen von *Betula nana* in negativer Korrelation zur Deckung der Fläche durch andere Pflanzen sowie in positiver Korrelation zur Deckung durch *Betula nana*. Dies würde bedeuten, dass die Gefährdung der *Betula nana* im Bernrieder Filz immens höher ist als in Jotunheimen, da die untersuchten Zwergbirken in Jotunheimen fast keine Konkurrenz haben wohingegen sie im Voralpenland von einer Vielfalt anderer Sträucher und Gräser gänzlich umgeben sind. Nichtsdestotrotz stellt die Zwergbirken-Population im Bernrieder Filz „wohl das zweitgrößte [Vorkommen] von Mitteleuropa“ (Bund Naturschutz, letzter Zugriff 25.06.2016) dar. Dies klingt paradox, kann jedoch durchaus zutreffen, wenn man die Vergeilung berücksichtigt. Durch eben jene Konkurrenz ergibt sich die vergeilte Form der *Betula nana*, die es ihr ermöglicht, entgegen Schwarz, B., stabil zu bestehen. Doch wird sie deshalb im Bernrieder Filz und in vergleichbaren Mooren auch nicht mehr in einer Form aufzufinden sein, wie es in Jotunheimen zu beobachten ist: bodennah, flächig, holzig mit dickem Stamm. In unseren Breiten wird man sich weitgehend an das Bild einer *Betula nana* als „Zwergbirkchen“ gewöhnen müssen, bei denen ein Haupttrieb als Stängelchen stark nach oben strebt. Außerhalb der von Mayer, B.C. so titulierten

„Klimainseln“ wird man - zumindest mittelfristig - auch zukünftig vergebens auf eine Ausbreitung der *Betula nana* hoffen.

Kurzfristig (über Jahrhunderte) gesehen, wird ein weiterer Punkt interessant: die anthropogenen Faktoren des Klimawandels. Diese wirken sich in verschiedenen Regionen der Erde unterschiedlich aus, weshalb es nicht überraschen würde, durch unterschiedliche Veränderungen der äußeren Bedingungen in Jotunheimen und im Voralpenland zukünftig auch selektiv bedingte Mutationen isolierter *Betula nana* Populationen beobachten zu können.

Der kontinuierliche natürliche Wechsel zwischen Wärme- und Kälteperioden hat - langfristig betrachtet - jedoch ebenso Auswirkungen auf die Vegetation. Eine weitere Erwärmung der Erde wird die Bestände der Zwergbirke höchstwahrscheinlich dezimieren, wohingegen das Eintreten einer Kälteperiode mit - sehr langfristig gesehen - einer erneuten Vergletscherung weiter Teile Europas zu einer Fusion der momentan isolierten Populationen führen und somit dem genetischen Austausch alle Türen öffnen würde. Morphologisch gesehen, wird sich die *Betula nana* in so einem Fall auf die neuen klimatischen Gegebenheiten einstellen müssen, wobei ihr - als Pionierart - durchaus ihre Anpassungsfähigkeit zugute kommt. Die erneute Verbreitung der europäischen *Betula nana* oder ihr Verbleib in isolierten Inselformen - bis hin zu ihrer Ausrottung - hängt also stark von der zukünftigen Entwicklung des Erdklimas ab. Dies liegt wiederum nicht zuletzt an uns Menschen, die wir durch unser Verhalten die klimatische Entwicklung in den kommenden Epochen stark beeinflussen werden.

„πάντα ῥεῖ“

„alles fließt“

(Heraklit)

5 Literaturverzeichnis

Aeschimann, D., [et al.] (2004): Flora alpina. 1. Auflage. Bern [u.a.]: Haupt.

Bund Naturschutz: „Moorrenaturierung Bernrieder Filz“ Homepage Bund Naturschutz in Bayern e.V. Kreisgruppe Weilheim-Schongau:

<http://www.weilheim-schongau.bund-naturschutz.de/projekte/bernrieder-filz.html> letzter Zugriff am 25.06.2016 um 16:55 Uhr

Brott, A. [et al.] (2009): Fokus Biologie Gymnasium Bayern Jahrgangsstufe 11. 1. Auflage. Berlin: Cornelsen.

Chorlton, W. (1985): Der Planet Erde: Eiszeiten. o.O.: Time-Life-Bücher.

Ellenberg, H., Leuschner, C. (2010): Vegetation Mitteleuropas mit den Alpen. 6. Auflage. Stuttgart: Ulmer.

Kehl, H. (2014): Erläuterungen zur Vorlesung TWK an der TU-Berlin. TU-Berlin - Institut für Ökologie. <http://lv-twk.oekosys.tu-berlin.de/project/lv-twk/002-kalt-und-warmzeiten.htm> letzter Zugriff am 03.11.2016 um 22:56 Uhr

Kehl, H. (2015): Vegetationsökologie Tropischer & Subtropischer Klimate. TU-Berlin - Institut für Ökologie. <http://lv-twk.oekosys.tu-berlin.de/project/lv-twk/002-klimageschichte-kleiner%20ueberblick.htm> letzter Zugriff am 03.11.2016 um 12:29

„Klimadiagramm der Geo-Koordinaten X: 8.25 / Y: 61.75“ Homepage Marcel Gladebeck: <http://www.mappedplanet.com/klima/index.php?lat=61.63333000&lon=8.30000000> letzter Zugriff am 06.09.2016 um 15:22 Uhr

„Klimadiagramm der Geo-Koordinaten X: 11.25 / Y: 47.75“ Homepage Marcel Gladebeck: <http://www.mappedplanet.com/klima/index.php?lat=47.8496877&lon=11.2537460> letzter Zugriff am 06.09.2016 um 15:23 Uhr

Mátyás, G. (1999): Rekonstruktion der nacheiszeitlichen Einwanderung der Eichen in der Schweiz anhand ihrer Chloroplasten-DNA. Abhandlung zur Erlangung des Titels Doktor der Naturwissenschaften der Eidgenössischen Technischen Hochschule Zürich.

Mayer, B.C. (2011): Untersuchungen zur Ökologie der Zwergbirke (*Betula nana* L.) im Naturschutzgebiet Bernrieder Filz. Masterarbeit zur Erlangung des akademischen Grades Master of Science (M.Sc.) in Biologische Diversität und Ökologie an der Georg-August-Universität Göttingen.

Quinger, B. (2009): Merkblatt Artenschutz 23. Zwerg-Birke *Betula nana* L. Augsburg: Bayerisches Landesamt für Umwelt (Hrsg.).

https://www.lfu.bayern.de/natur/artenhilfsprogramm_botanik/merkblaetter/doc/23lfumerkblatt_betula_nana.pdf letzter Zugriff am 24.04.2016 um 17:28 Uhr

Schwarz, B., Poschlod, P. (2015): Die Letzten ihrer Art in Bayern – Das Eiszeitrelikt Zwergbirke (*Betula nana* L.). Eine Bestandsanalyse mit biologisch-ökologischen Untersuchungen. – ANLiegen Natur 37(1): 19–30, Laufen;

Voelker, D. (2009): Isotope des Sauerstoffs. Online-Nachschlagewerk zur Meeresforschung. <http://meeresgeo.geoinf.fu-berlin.de/inhalt/deltao18.php?js=0&sg=13> letzter Zugriff am 04.11.2016 um 12:40 Uhr

Anhang

Vollständige Zeigerwerte nach Ellenberg

Lichtzahl	8
Temperaturzahl	3
Kontinentalitätszahl	6
Feuchtezahl	9
Reaktionszahl	1
Stickstoffzahl	2
Salzzahl	0
Lebensform	Z
Blattausdauer	S

Anhang 1

Erläuterungen zu den Ellenberg'schen Zeigerwerten

Lichtzahl:

„Vorkommen in Beziehung zur relativen Beleuchtungsstärke (= r. B.; nach eigenen Messungen sowie Angaben anderer Autoren). Maßgebend ist für alle Arten die r. B., die an ihrem Wuchsort zur Zeit der vollen Belaubung der sommergrünen Pflanzen (also etwa von Juli bis September) bei diffuser Strahlung (d. h. bei Nebel oder gleichmäßig bedecktem Himmel) herrscht.“

8	Lichtpflanze, nur ausnahmsweise bei weniger als 40 % r. B.
---	--

Temperaturzahl:

„Vorkommen im Wärmegefälle von der nivalen Stufe bis in die wärmsten Tieflagen (unter besonderer Berücksichtigung der Punktrasterkarten in den Verbreitungsatlantiken der mitteleuropäischen Flora).“

3	Kühlezeiger, vorwiegend in subalpinen Lagen
---	---

Kontinentalitätszahl:

„Vorkommen im Kontinentalitätsgefälle von der Atlantikküste bis ins Innere Eurasiens, besonders im Hinblick auf die Temperaturschwankungen (größtenteils nach den biogeografischen Angaben in der Exkursionsflora von Rothmaler).“

6	subkontinental, mit Schwerpunkt im östlichen Mittel- und angrenzenden Osteuropa
---	---

Feuchtezahl:

„Vorkommen im Gefälle der Bodenfeuchtigkeit vom flachgründig-trockenen Felshang bis zum Sumpfboden sowie vom seichten bis zum tiefen Wasser (nach eigenen Beobachtungen und Angaben in der Exkursionsflora von Oberdorfer).“

9	Nässezeiger, Schwerpunkt auf oft durchnässten (luftarmen) Böden
---	---

Reaktionszahl:

„Vorkommen im Gefälle der Bodenazidität und des Kalkgehaltes (nach zahlreichen eigenen Messungen und der umfangreichen Literatur sowie nach den Punktrasterkarten in den Verbreitungsatlantanten der mitteleuropäischen Flora).“

1	Starksäurezeiger, niemals auf schwach sauren bis alkalischen Böden vorkommend
---	---

Stickstoffzahl:

„Vorkommen von Gefäßpflanzen und Moosen im Gefälle der Stickstoffversorgung während der Vegetationszeit (nach eigenen Messungen und Angaben in der Literatur, die sich auf die Zeit vor 1970 beziehen, d. h. vor der gesteigerten Stickstoffimmission, sowie nach Düngungsversuchen und Vegetationsvergleichen).“

1	stickstoffärmste Standorte anzeigend
2	zwischen 1 und 3 stehend
3	an stickstoffarmen Standorten häufiger als an mittelmäßigen und nur ausnahmsweise an reicheren

Salzzahl:

„Vorkommen im Gefälle der Salz-, insbesondere Chloridkonzentration im Wurzelbereich. (Vorwiegend nach einer Zusammenstellung von Scherfose 1990, in der er eigene Untersuchungen sowie die vorliegende Literatur ausgewertet hat; seine Skalierung von I bis VI wurde in eine 9–skalige umgewandelt. Die eingeklammerten Ziffern bedeuten maximale Chlorid–Ionenanteile der Bodenlösung nach einer brieflichen Zusammenstellung von Scherfose).

0	nicht salzertragend, Glykophyt (bei Durchschnittsberechnungen mit zu verwenden!)
---	--

Lebensform:

„Lage der Überwinterungsorgane zur Erdoberfläche (nach der Literatur).“

Z	holziger Chamaephyt, Zwergstrauch, nur selten über 0.5 m hoch werdend
---	---

Blattausdauer:

„Jahreszeiten, in denen ein Großteil der Blätter grün ist (nach eigenen Beobachtungen und einigen Korrekturen von E. J. Jäger; weitere Korrekturen sehr erwünscht!)“

S	sommergrün, nur in der wärmeren Jahreszeit mit grünen Blättern
---	--

Alle Werte und Zitate nach Ellenberg, H. (2010).

Del O-18 Wert

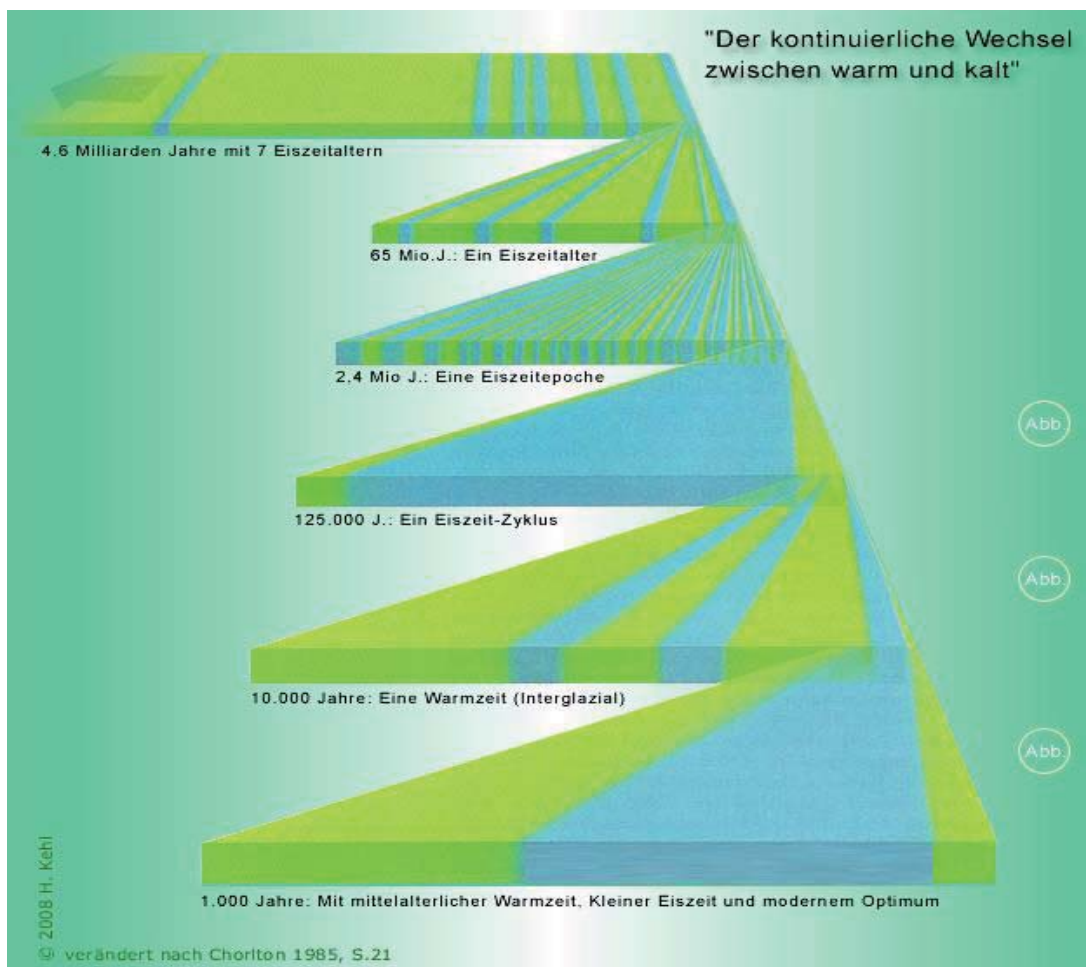
del O-18 Wert, auch delta O-18 bzw. δ -O-18 Wert: „Der Wert [δ -O-18] ist definiert [als] die Abweichung des Isotopenverhältnis [sic] in einer Probe zum Isotopenverhältnis eines Standards (in Promille). Als Labor-Standard wird häufig Meerwasser (Mean Ocean Water, MOW) oder Kalkmaterial eines bestimmten Belemniten (PeeDee-Belemnit) verwendet.“ (Voelker, D., 2009)

Definition:

$$\delta O_{18} = \frac{\frac{O_{18}}{O_{16}sample} - \frac{O_{18}}{O_{16}standard}}{\frac{O_{18}}{O_{16}standard}} \times 1000$$

$d^{18}O > 0$ = relative Anreicherung von ^{18}O

$d^{18}O < 0$ = relative Abreicherung von ^{18}O



Anhang 2 <http://lv-twk.oekosys.tu-berlin.de/project/lv-twk/images/jpqs/02-eiszeitfelder.jpg> letzter Zugriff am 06.11.2016 um 15:43 Uhr

aus:

Kehl, H. (2014): Das zyklische Auftreten von Kalt- und Warmzeiten im Laufe der Erdgeschichte. TU-Berlin - Inst. F. Ökologie. Um 15:45 <http://lv-twk.oekosys.tu-berlin.de/project/lv-twk/002-eiszeiten-zeitfelder.htm> letzter Zugriff am 03.11.2016

Klimadaten:

„DT“ = Durchschnittstemperatur

„NI“ = Niederschlag

Klimadaten Jotunheimen:

	Jan	Feb	Mär	Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dez
DT [°C]	-12.1	-11.8	-8.7	-4.5	1.7	5.9	7.4	6.4	2.6	-1.6	-6.7	-9.3
NI [mm]	93	65	74	46	54	71	91	94	106	109	98	102

Tabelle basierend auf gerundeten Werten von

Mapped Planet. Homepage Marcel Gladebeck:

<http://www.mappedplanet.com/klima/index.php?lat=61.63333000&lon=8.30000000> letzter Zugriff am
06.09.2016 um 15:22 Uhr

Klimadaten Bernrieder Filz:

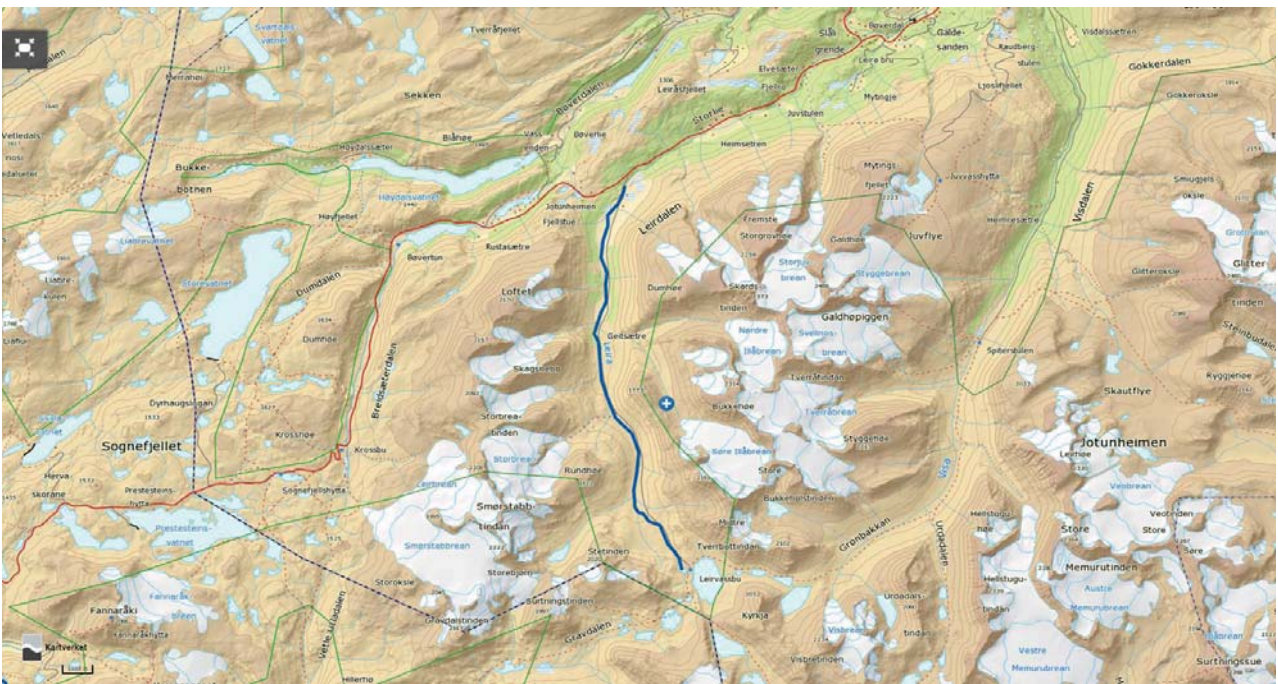
	Jan	Feb	Mär	Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dez
DT [°C]	-1.6	-0.3	3.2	6.9	11.4	14.5	16.6	16.2	13.5	9.0	3.2	-0.8
NI [mm]	55	52	56	74	110	136	138	131	89	60	65	59

Tabelle basierend auf gerundeten Werten von

Mapped Planet. Homepage Marcel Gladebeck:

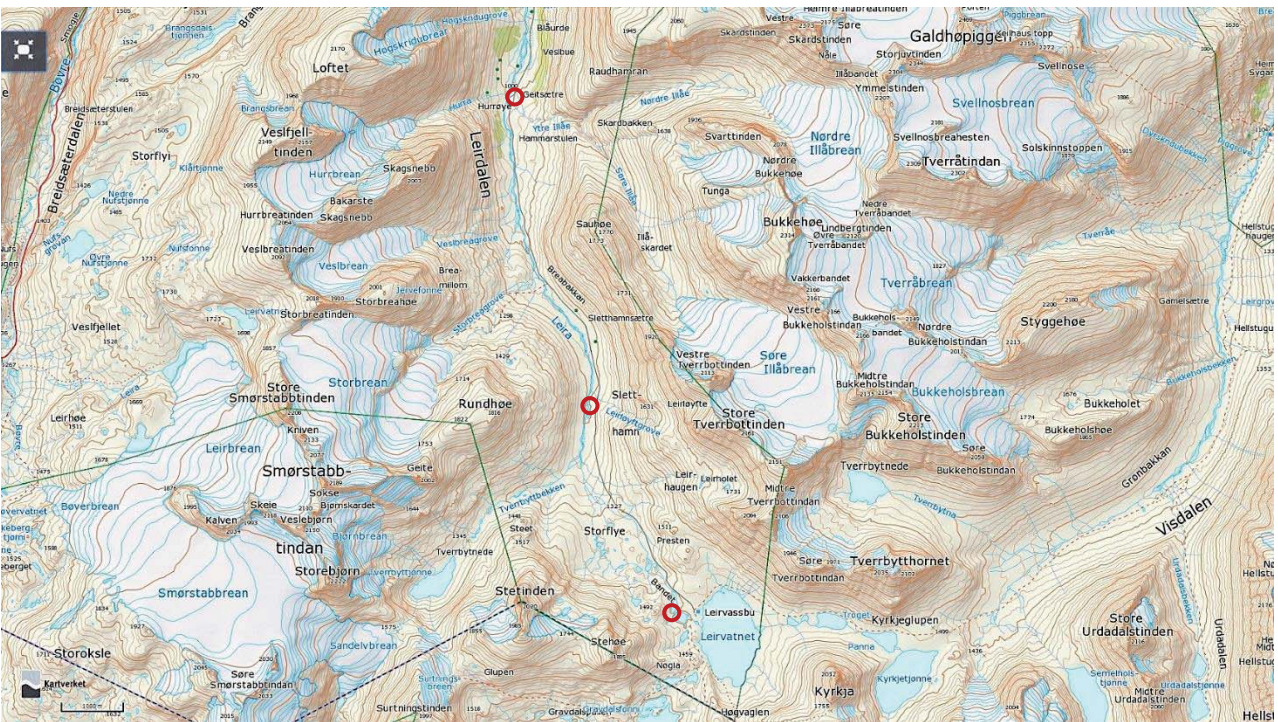
<http://www.mappedplanet.com/klima/index.php?lat=47.8496877&lon=11.2537460> letzter Zugriff am
06.09.2016 um 15:23 Uhr

Karten:



Anhang 3: Fluss "Leira

<https://www.norgeskart.no/?sok=Leir#10/139972/6850003/+hits> Letzter Zugriff am 05.09.2016 um 17:20 Uhr



Anhang 4: Datenaufnahme-Standorte in Jotunheimen

<https://www.norgeskart.no/?sok=leirvassbu#11/139274/6846964/+hits> Letzter Zugriff am 05.09.2016 um 17:22 Uhr

Aufnahmebogen:

Standort:

Geographische Faktoren					Population				
Datum	Foto Nr.	Boden Nr.	Koordinaten	Höhe ü. NN.	Deckung durch B.n.	Wuchshöhe	Blattabstand		
Meteorologische Faktoren				Bemerkungen					
Wetter	Umgebungstemperatur	Bodentemperatur							
Morphologische Faktoren									
Phanerophyt		Blatt			Blüte			Samen	
Stammdurchmesser	Ausbreitung	Länge	Breite	Dicke	Länge	Zahl	Durchmesser	Größe	Gewicht

Anhang 5: Aufnahmebogen

Versuchsprotokoll pH-, Nitrat-Wert:

Materialien:

Geräte:	Chemikalien:
6 Bechergläser (~250 ml)	H ₂ O _(dest.)
6 Erlenmeyerkolben (~250 ml)	pH-Wert Messstreifen
6 Trichter + Rundfilter	DAFV Wasseranalysekoffer (MACHERYNAGEL)
1 Messzylinder	6 Erdproben: 3x Voralpenland, 3x Jotunheimen
1 Mörser + Pistill	
1 Vollpipette	
1 Waage	

Vorgehen:

- Abwiegen von 15 g der ersten Erdprobe, im Mörser zerstoßen
- Probe im Becherglas mit 50 ml H₂O_(dest.) aufschwemmen, ggf. mit einem Teil des Wassers Reste aus dem Mörser auswaschen und in das Becherglas geben
- Das Gemisch gut umrühren, kurz stehen lassen
- Rundfilter in Trichter setzen und die Suspension in den Erlenmeyerkolben filtrieren
- Das Filtrat mit einem passenden pH-Messstreifen sowie mit dem pH-Analysereagenz aus dem Koffer auf den pH-Wert analysieren, Ergebnis notieren
- Das Filtrat mit dem Nitrat-Analysereagenz aus dem Wasseranalysekoffer auf den Nitratwert untersuchen, Ergebnis notieren
- Erlenmeyerkolben entsprechend der Erdprobe beschriften und Vorgehen mit den restlichen Erdproben wiederholen

Ergebnisse:

Probe:	Bernried I	Bernried II	Bernried III	Jotunheimen I	Jotunheimen II	Jotunheimen III
pH-Wert (Streifen):	5 < x << 5,5	x < 5	5 < x < 5,5	x < 5,5	x ~ 5	5 < x
pH-Wert (Farbreagenz):	5,6	5,0	5,9	6,3	5,7	5,5
Nitrat-Wert:	1 mg/l	0.8 mg/l	0.5 mg/l	2 mg/l	1 mg/l	

Anhang 6: Versuchsprotokoll

Ergebnis der spektrometrischen Analyse:

Standort	Probenname	260/280	ng/ μ L
Voralpenland I	Bn1	1,565	10,929
Voralpenland II	Bn2	1,683	5,519
Voralpenland III	Bn3	1,619	12,801
Jotunheimen I	Bn4	1,829	12,082
Jotunheimen II	Bn5	1,771	17,081
Jotunheimen III	Bn6	1,77	11,023
Estland	Bn7	1,145	10,766

Anhang 7: Ergebnis der spektrometrischen Analyse

IUPAC Ambiguity Codes:

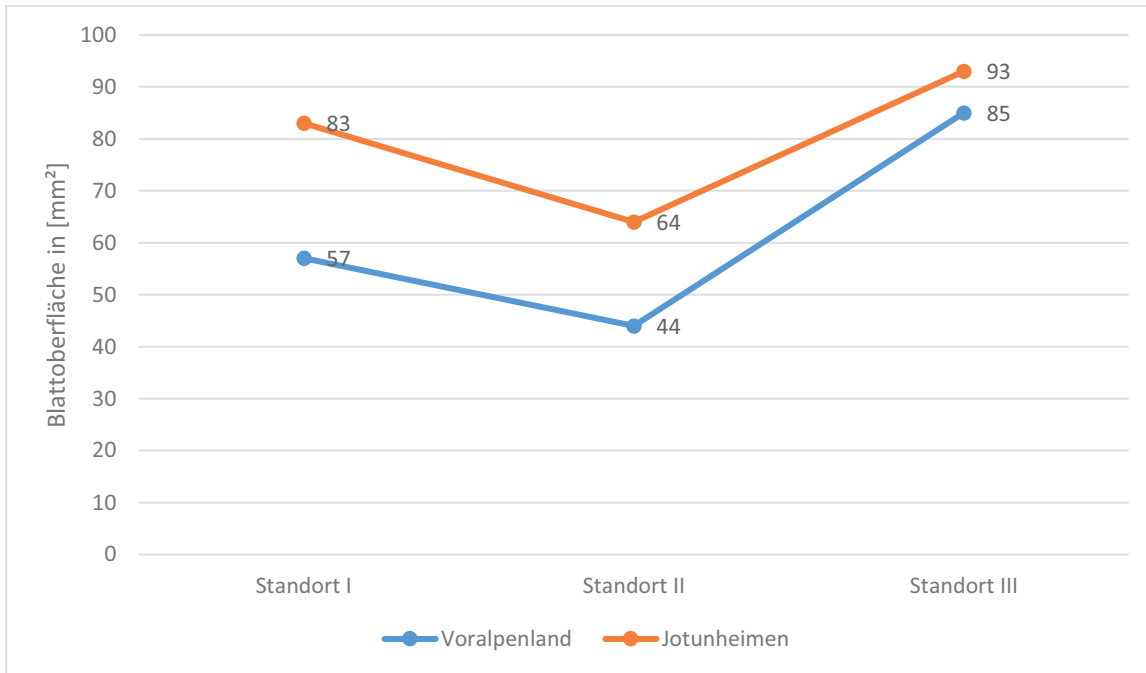
IUPAC Code	Meaning	Complement
A	A	T
C	C	G
G	G	C
T/U	T	A
M	A or C	K
R	A or G	Y
W	A or T	W
S	C or G	S
Y	C or T	R
K	G or T	M
V	A or C or G	B
H	A or C or T	D
D	A or G or T	H
B	C or G or T	V
N	G or A or T or C	N

Anhang 8: IUPAC Ambiguity Codes

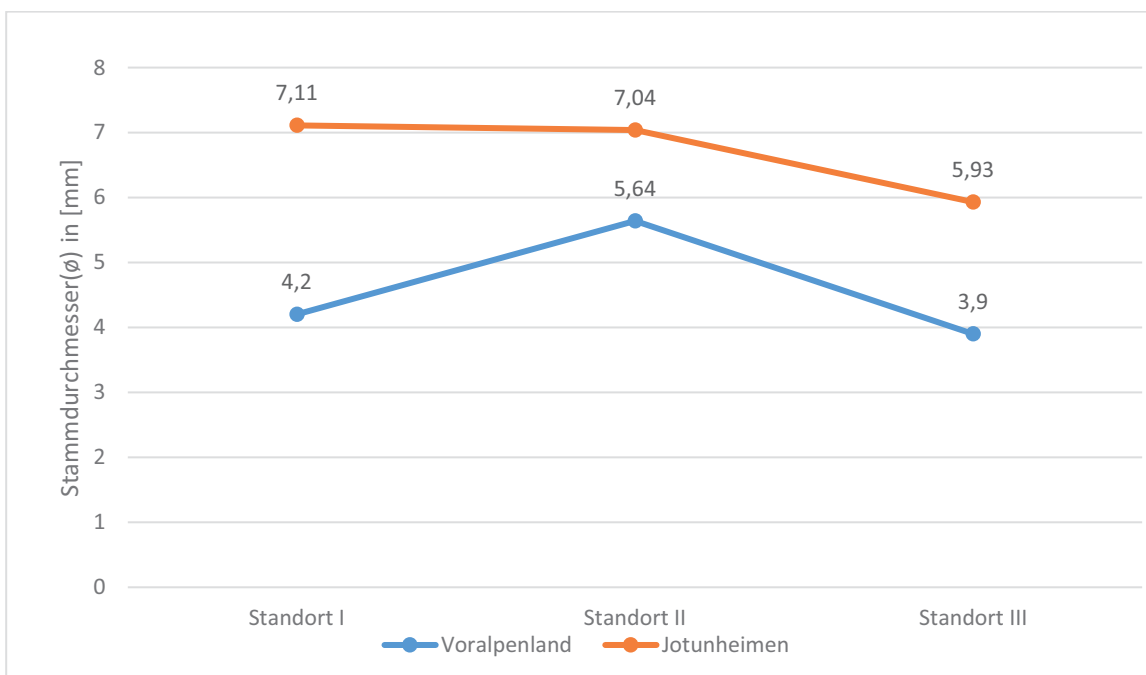
Tabelle basierend auf:

Website der University of Washington: <http://droog.gs.washington.edu/parc/images/iupac.html> Letzter Zugriff: 02.10.2016 um 18:14 Uhr

morphologische Ergebnisse:



Anhang 9: Vergleich der Blattoberflächen



Anhang 10: Vergleich der Stammdurchmesser

genetische Ergebnisse:

	260	270	280	290
Consensus	T A T T T T T G T T A T G T A G T A T T T T T T T T C A T A			
FWD 1. Bn1_Chloroplast_A...	T A T T T T T G T T A T G T A G T A - T T T T T T T T T C A T A			
REV 2. Bn3_Chloroplast_A...	T A T T T T T G T T A T G T A G T A - T T T T T T T T T C A T A			
FWD 3. Bn4_Chloroplast_A...	T A T T T T T G T T A T G T A G T A T T T T T T T T T C A T A			
REV 4. Bn5_Chloroplast_A...	T A T T T T T G T T A T G T A G T A T T T T T T T T T C A T A			
FWD 5. Bn6_Chloroplast_A...	T A T T T T T G T T A T G T A G T A T T T T T T T T T C A T A			
FWD 6. Bn7_Chloroplast_A...	T A T T T T T G T T A T G T A G T A T T T T T T T T T C A T A			

Anhang 11: Chloroplasten-DNA

	220	230	240	250	260	270	280	290	300	310
Consensus	A C T G G G G G T G G G G G C G A T C T C G C C C C T T G C C C C G A A C G G T A G G G A G A C A C T T G T G C A T C C C T G C C G A A C A A C G A A C C C C G G C G G G T C G C G C C A A C									
REV 1. Bn1_ITS_Assembly...	A C T G G G G G T G G G G G C G A T C T C G C C C C T T G C C C C G A A C G G T A G G G A G A C A C T T G T G C A T C C C T G C C G A A C A A C G A A C C C C G G C G G G T C G C G C C A A C									
FWD 2. Bn2_ITS_Assembly...	A C T G G G G G T G G G G G C G A T C T C G C C C C T T G C C C C G A A C G G T A G G G A G A C A C T T G T G C A T C C C T G C C G A A C A A C G A A C C C C G G C G G G T C G C G C C A A C									
FWD 3. Bn4_ITS_Assembly...	A C T G G G G G T G G G G G C G A T C T C G C C C C T T G C C C C G A A C G G T A G G G A G A C A C T T G T G C A T C C C T G C C G A A C A A C G A A C C C C G G C G G G T C G C G C C A A C									
REV 4. Bn5_ITS_Assembly...	A C T G G G G G T G G G G G C G A T C T C G C C C C T T G C C C C G A A C G G T A G G G A G A C A C T T G T G C A T C C C T G C C G A A C A A C G A A C C C C G G C G G G T C G C G C C A A C									
REV 5. Bn6_ITS_Assembly...	A C T G G G G G T G G G G G C G A T C T C G C C C C T T G C C C C G A A C G G T A G G G A G A C A C T T G T G C A T C C C T G C C G A A C A A C G A A C C C C G G C G G G T C G C G C C A A C									
FWD 6. Bn7_ITS_Assembly...	A C T G G G G G T G G G G G C G A T C T C G C C C C T T G C C C C G A A C G G T A G G G A G A C A C T T G T G C A T C C C T G C C G A A C A A C G A A C C C C G G C G G G T C G C G C C A A C									

Anhang 12: Zellkern-DNA

Einzelwerte der morphologischen Untersuchung:

Voralpenland

Blatt Nr.	1	2	3	4	5	6	Durchschnitt
Länge [mm]	6.80	7.55	7.50	8.10	9.40	6.40	7.63
Breite [mm]	6.65	7.76	7.62	8.05	8.52	6.08	7.45
Dicke [mm]	0.29	0.27	0.26	0.23	0.28	0.22	0.26

Anhang 13: Voralpenland I

Blatt Nr.	1	2	3	4	5	6	Durchschnitt
Länge [mm]	6.85	7.10	7.07	4.49	6.39	6.65	6.49
Breite [mm]	7.04	8.16	8.11	5.08	6.15	6.39	6.82
Dicke [mm]	0.26	0.28	0.27	0.22	0.23	0.28	0.26

Anhang 14: Voralpenland II

Blatt Nr.	1	2	3	4	5	6	Durchschnitt
Länge [mm]	10.42	8.76	8.96	9.52	9.18	8.13	9.34
Breite [mm]	9.06	9.28	9.95	9.95	10.24	6.13	9.10
Dicke [mm]	0.21	0.21	0.21	0.23	0.25	0.22	0.22

Anhang 15: Voralpenland III

Jotunheimen

Blatt Nr.	1	2	3	4	5	6	Durchschnitt
Länge [mm]	9.27	8.15	6.32	9.75	6.92	9.99	8.40
Breite [mm]	10.05	10.11	9.14	10.65	8.86	10.42	9.87
Dicke [mm]	0.23	0.20	0.22	0.24	0.25	0.20	0.22

Anhang 16: Jotunheimen I

Blatt Nr.	1	2	3	4	5	6	Durchschnitt
Länge [mm]	9.03	7.09	8.11	8.80	5.68	8.40	7.85
Breite [mm]	7.70	7.69	8.47	9.40	5.75	10.25	8.21
Dicke [mm]	0.23	0.24	0.27	0.25	0.20	0.24	0.24

Anhang 17: Jotunheimen II

Blatt Nr.	1	2	3	4	5	6	Durchschnitt
Länge [mm]	8.63	8.51	9.06	8.75	11.55	9.15	9.28
Breite [mm]	8.74	8.97	11.34	10.77	9.54	10.85	10.04
Dicke [mm]	0.32	0.26	0.25	0.28	0.38	0.34	0.31

Anhang 18: Jotunheimen III

Erklärung zur Seminararbeit

Ich erkläre hiermit, dass ich die Seminararbeit ohne fremde Hilfe angefertigt und nur die im Literaturverzeichnis angeführten Quellen und Hilfsmittel benutzt habe.

Insbesondere versichere ich, dass ich alle wörtlichen und sinngemäßen Übernahmen aus anderen Werken als solche kenntlich gemacht habe

Ort, Datum, Unterschrift