



Genetische Untersuchung zur Deutschen Tamariske in Tirol

Executive Summary

27. November 2014

Auftraggeber

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

Bearbeitung

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

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

Titelbild: *Myricaria germanica* an der Isel bei Matri in Osttirol. Foto: Andrea Wiedmer

1 Einleitung

Im Auftrag der Abteilung Umweltschutz des Landes Tirol/Österreich haben wir insgesamt 21 Vorkommen der Deutschen Tamariske in Tirol und Kärnten mit populationsgenetischen Methoden untersucht. Die genetischen Analysen erfolgten mittels 22 nukleären Mikrosatelliten, welche an unserem Labor entwickelt wurden (Werth und Scheidegger 2011). Detaillierte Analysen von 628 Proben sind in einer umfangreicheren Arbeit von Scheidegger und Wiedmer (2014) zusammengestellt worden. Das hier vorliegende Executive Summary fasst die Ergebnisse der Untersuchung zusammen und vergleicht die Vorkommen der Deutschen Tamariske der Isel mit den Vorkommen am Tiroler Lech und oberen Drau in Kärnten.

Auf spezifische Lebensraumsprüche der Deutschen Tamariske wird in diesem Bericht nicht detaillierter eingegangen – dazu verweisen wir auf die Arbeit von Müller (2014).

1.1 Fragestellungen

Mit der Untersuchung der vom Auftraggeber ausgewählten Vorkommen sollten die folgenden Fragestellungen beantwortete werden:

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

2 Beantwortung der Fragen und Diskussion der Ergebnisse

1. **Gibt es bekannte Unterschiede zu den Vorkommen der Deutschen Tamariske am Tiroler Lech und stellen die Vorkommen an der Isel und Seitenbäche eine getrennte Population zu jenen am Tiroler Lech dar?**

Unsere Untersuchungen zeigten, dass die Vorkommen an der Isel und ihren Seitenbächen sich in ihrer genetischen Zusammensetzung deutlich von den Vorkommen am Tiroler Lech und an der Drau unterscheiden (Abbildung 1). Die Individuen am Lech gehören alle zu einem einzigen, von der Isel deutlich differenzierten Genpool, was auf eine gute Vernetzung zwischen den am Hauptfluss liegenden analysierten Vorkommen schliessen lässt. Demgegenüber können an der Isel und ihren Zubringern zwei nahe verwandte Genpools unterschieden werden, welche sich klar von den Vorkommen an der Drau und am Lech unterscheiden. Somit müssen die Isel und die Lech Vorkommen als getrennte Populationen angesehen werden. In den untersuchten Vorkommen der Drau dominiert ein weiterer, stark abweichender Genpool. Die Frage kann somit eindeutig mit ja beantwortet werden. Nach unserer Einschätzung handelt es sich bei den Vorkommen an Lech und Isel um zwei stark differenzierte Populationen, welche vermutlich nach der letzten Eiszeit den Alpenraum aus zwei geographisch getrennten Refugien wiederbesiedelt haben. Wir vermuten, dass die Vorkommen am Lech aus einem Refugium nördlich der Alpen, die Vorkommen an der Isel aus einem solchen der zentralen oder südlich Alpen in die entsprechenden Flusstäler eingewandert sind. Über die Herkunft der Vorkommen an der Drau kann zur Zeit keine Aussage gemacht werden. Die genetische Diversität der Vorkommen am Lech ist etwas höher als diejenige an Isel und ihren Seitenbächen und an der Drau.

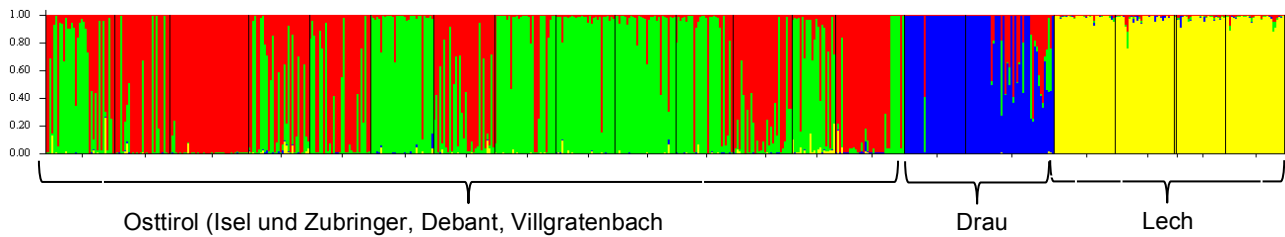
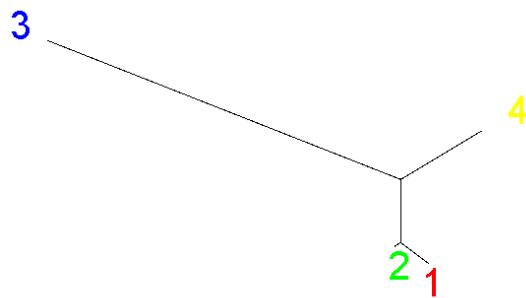


Abbildung 1 Bayesische Analyse der genetischen Struktur der untersuchten 629 Individuen von 21 Populationen (Structure, Pritchard *et al.* (2000)). Individuen sind als vertikale Striche dargestellt, die Farbe der Striche weist auf die Zugehörigkeit zu vier unterschiedlichen Genpools hin. Die genetische Ähnlichkeit zwischen Genpools ist in der Abbildung rechts dargestellt. Daraus ist ersichtlich, dass die beiden Genpools, welche an der Isel gefunden wurden eine grosse Ähnlichkeit aufweisen und sich deutlich von den Genpools am Lech und an der Drau unterscheiden.



2. a) Stammen die Bestände der Tamariske an der Oberen Drau in Kärnten von den Tamariskenbeständen an der Isel mit Seitzubringern ab?

b) Gibt es natürliche oder anthropogen verursachte („genetisch wirksame“) Barrieren (wenn ja welche?), die die Bestände der Tamariske an der Isel mit Seitzubringern von den Teilpopulationen an der Drau in Kärnten trennen?

Der Genpool an der Drau lässt sich mit der Wiederansiedelung an den beiden Standorten Greifenburg und Kleblach-Lind in Kärnten (2000-2003) erklären. Das Pflanzenmaterial stammte aus der über 180 km weiter flussabwärts liegenden Schottergrube in Wunderstätten (Kammerer 2009). Am Vorkommen Drau 2 unterschied sich ein Individuum von den anderen beprobten Individuen. Dieses Individuum verfügte über einen Genpool, welcher dem im Isel Einzugsgebiet vorkommenden Genpools sehr ähnlich war (Abbildung1). Wir wissen nicht, ob dieses Individuum angepflanzt wurde oder als Samen aus dem Einzugsgebiet der Isel flussabwärts transportiert wurde und sich im Vorkommen Drau 2 etablieren konnte. Eine spontane Ansiedlung aus einem Isel Vorkommen würde das verschiedentlich beobachtet gute Ausbreitungspotential der Deutschen Tamariske bestätigen (Werth und Scheidegger, 2014). Am Vorkommen Drau 3 wurden mehrere

Individuen auf einer neuen Sandbank gefunden, welche als Nachkommen von Eltern sowohl der angepflanzten Herkunft als auch aus dem Isel Einzugsgebiet interpretiert werden können. Zur Zeit ist nicht geklärt, ob bei der Anpflanzung auch Material von der Isel verwendet wurde. Werth (unpubliziert) konnte mit ihren Analyse aufzeigen, dass sich die Genotypen an der Isel mit jenen in der Schottergrube Kellerberg an der Drau ähnlich sind. Möglich wäre, dass nebst Pflanzenmaterial aus der Schottergrube in Wunderstätten auch noch zusätzlich Material von der Kiesgrube Kellerberg oder aus dem Isel Einzugsgebiet verwendet wurde. Die Frage 2b kann aus diesem Grunde nicht beantwortet werden.

- 3. a) Wie sind die populationsdynamischen Zusammenhänge der Teilpopulation der Deutschen Tamariske an der Isel in Osttirol mit den Teilpopulationen an ihren Seitzubringern (Schwarzach, Kalserbach und Tauernbach) zu bewerten?**
- b) Gibt es unterscheidbare Populationen der Tamariske an den Seitzubringern Schwarzach, Kalserbach, Tauernbach zur Isel?**
- c) Können diese Populationen bachauf- und bachabwärts sowie über nennenswerte Gefällestufen hinweg (zB Proseggklamm) im Austausch stehen?**
- d) Gibt es natürliche oder anthropogen verursachte „genetisch wirksame“ Barrieren, die die Teilpopulationen an der Isel von den Teilpopulationen an den Seitzubringern Schwarzach, Kalserbach und Tauernbach trennen?**
- e) Sind die Tamariskenbestände an der Isel und den Zubringerbächen Schwarzach, Kalserbach und Tauernbach als eine zusammenhängende Einheit (Population?) zu sehen?**

Die genetische Struktur der Vorkommen im Isel Einzugsgebiet wurden wiederum mit einer bayesischen Analyse wie in Abbildung 1 analysiert. Hier allerdings unter Ausschluss der Vorkommen an der Drau und am Lech. Die besten Ergebnisse werden dabei erzielt, wenn 7 unabhängige Genpools für die Deutsche Tamariske an der Isel angenommen werden (Abbildung 2). Die Untersuchungen ergeben, dass die meisten Vorkommen an der Isel eine starke genetische Differenzierung aufweisen. Dabei können etwas generalisierend drei Typen der genetischen Zusammensetzung unterschieden werden: 1) Homogene Vorkommen, in welchen ein Genpool dominiert, wie etwa die Vorkommen I1, I4, S2, T2 und V1. Solche Vorkommen können entweder im Gebiet von Quellfluren oder Gletschervorfeldern erwartet werden oder an kürzlich entstandenen Vorkommen, welche durch einige wenige Besiedlungsereignisse von einem einzigen, homogenen Vorkommen aus besiedelt wurden. 2) Vorkommen, welche sich aus Individuen zusammensetzen, welche aus unterschiedlichen Vorkommen stammen, wie etwa die Vorkommen I2 und K2. Diese

Vorkommen sind aus Samen von mehreren Vorkommen entstanden. 3) Nachkommen von sich kreuzenden Pflanzen unterschiedlicher Herkunft weisen auf Vorkommen hin, welche seit längerer Zeit an diesem Ort leben wie etwa I5.

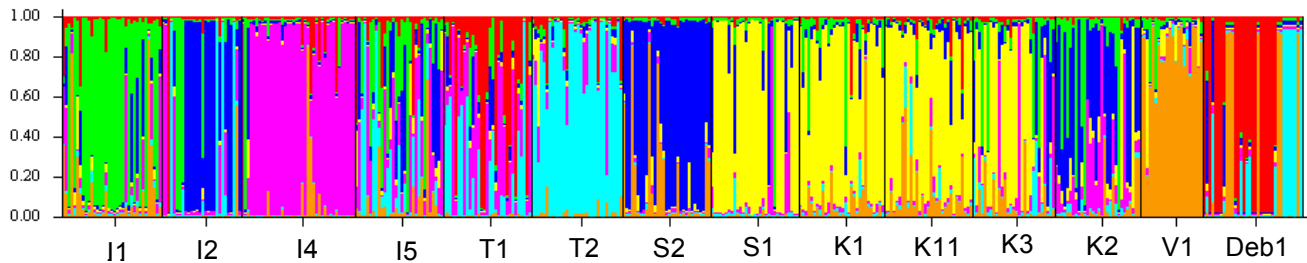


Abbildung 2 Bayesische Analyse der genetischen Struktur der vierzehn untersuchten Vorkommen im Osttirol (Structure, Pritchard et al. (2000)). I = Isel, T = Tauernbach, S = Schwarzach, K = Kalserbach, V = Villgratenbach und Deb = Debantbach.

Die Vorkommen an der Isel und ihren Seitzubringern erweisen sich als eine Metapopulation mit genetisch deutlich unterscheidbaren lokalen Populationen. Der hohe Grad an genetischer Differenzierung zwischen den Vorkommen entlang eines Gewässers, als auch deutliche Unterschiede zwischen den Seitzubringern weisen darauf hin, dass Vorkommen als Folge von Hochwasserereignissen häufig erlöschen können, durch Sameneintrag aus entfernt liegenden Vorkommen sich jedoch neue Vorkommen auch wieder etablieren können. Diese Dynamik weist auf eine funktionierende Metapopulation hin, welche mit hoher Resilienz auf die häufig wiederkehrenden Hochwasserereignissen im Einzugsgebiet der Isel reagieren kann. Obschon am Tauernbach, an der Schwarzach und an der Isel an mehreren Flussabschnitten eine hohe genetische Differenzierung zwischen lokalen Vorkommen beobachtet werden konnte, was auf einen reduzierten Genfluss hinweist, weisen andere Beispiele auf einen ausgeprägten Genfluss hin. Insbesondere am Kalserbach finden wir drei Vorkommen mit ähnlicher genetischer Zusammensetzung, was auf eine gute historische Vernetzung im mittleren Abschnitt des Fließgewässers schließen lässt. Der historische Genfluss kann im Einzugsgebiet des Kalserbach als sehr hoch angesehen werden, auch im Bereich der Schlucht, welche offensichtlich den Genfluss in diesem Tal nicht deutlich reduziert hat. Aus anderen Untersuchungen ist aber bekannt, dass Schluchten als Barrieren für die Samenausbreitung der Deutschen Tamariske wirken können (Werth *et al.* 2014). Aus unseren Daten am Kalserbach kann jedoch nicht auf den gegenwärtigen Genfluss in diesem Gebiet geschlossen werden; entsprechende Analysen konnten bis Abschluss des Projektes wegen der mehrere Wochen dauernden Rechendauer nicht abgeschlossen werden.

Der häufigste Genpool am Kalserbach konnte ebenfalls an der Schwarzach gefunden werden, was auf eine historische Fernausbreitung quer über das Haupttal der Isel hinweisen könnte.

Aufgrund der geringen Anzahl untersuchter Vorkommen ist es nicht möglich eine Aussage über den Effekt des Geschiebesammlers in der Schwarzach vor der Mündung in die Isel zu machen.

Wir vermuten, dass sich kurz nach den Hochwassern von 1965/66 zahlreiche Vorkommen der Deutschen Tamariske an der Isel und ihren Seitenzubringern neu etabliert haben. Durch Aufräumarbeiten nach diesem Grossereignis wurden stellenweise Vorkommen voneinander isoliert, was zur gegenwärtigen Metapopulationsstruktur mit sehr unterschiedlich grossen Interaktionen zwischen Vorkommen geführt hat. Eine weitergehende Isolierung von Vorkommen kann zu einer Gefährdung des Metapopulationscharakters der Vorkommen an der Isel und ihren Seitenzubringern führen, wodurch die Wahrscheinlichkeit steigen kann, dass nach Störungen erloschen Vorkommen durch natürliche Prozesse nicht wieder ersetzt werden können. Alle baulichen Massnahmen, welche zu einer Reduktion der Samenausbreitung beitragen, werden aber den Genfluss der Deutschen Tamariske weiter reduzieren und damit die Funktion der Metapopulation negativ beeinflussen. Nach unserem Kenntnisstand stellt die Isel mit ihren Seitenzubringern heute die komplexeste und genetisch am stärksten strukturierte Metapopulation im Alpenraum dar.

4. Können Wirkungen allenfalls vorhandener, anthropogener verursachter Barrieren im Betrachtungsraum durch Massnahmen minimiert werden?

Im Rahmen dieser Untersuchung konnten die Wirkung anthropogener Barrieren auf den Genfluss der Deutschen Tamariske nicht im Detail untersucht werden, weil nur eine Geschiebesperre in die Untersuchung einbezogen werden konnte. Negative Auswirkungen von Dämmen auf den Genfluss bei der Deutschen Tamariske sind aber kürzlich beschrieben worden (Wert *et al.* 2014). Zusätzlich zur Erhaltung oder Förderung der Vernetzung zwischen den Vorkommen scheint uns eine gezielte Erhaltung von Quellpopulationen in der Metapopulation wichtig. Deshalb haben wir die Vermutung geäussert, dass lokale Vorkommen an Seitenzubringern von Flüssen als wichtige Quellpopulationen für das Haupttal fungieren (Müller 2014). Im Einzugsgebiet der Isel werden Quellpopulationen vor allem in den Gletschervorfeldern und in den Quellgebieten erwartet. Solche Quellpopulationen weisen eine hohe ökologische Stabilität auf, weil sie nicht regelmässig durch Hochwasser zerstört werden dürften. Von diesen, manchmal recht kleinen Vorkommen erwarten wir jedoch eine hohe Wirkung für die Besiedlung von neu entstandenen Lebensräumen, vor allem nach extremen Hochwasserereignissen. Aus diesem Grund ist es wichtig, dass sich der Schutz der Deutschen Tamariske nicht auf einzelne Vorkommen beschränkt. Damit die Quellpopulationen aber ihre Strahlwirkung entfalten können, muss die longitudinale Vernetzung entlang des gesamten Fliessgewässers erhalten bleiben, damit die Besiedlung weiter unten am Fluss erfolgen kann. Ebenfalls müssen natürliche Abflussdynamik und Geschiebehalt der Flüsse sichergestellt werden (Werth *et al.* 2011), damit der dynamische Lebensraum der Tamariske

langfristig erhalten bleibt. Weil in unseren Untersuchungen jedoch kaum lokale Vorkommen im Quellgebiet der Seitzubringer untersucht wurden, können gegenwärtig keine genaueren Resultate zur Metapopulationsdynamik präsentiert werden. Die Untersuchung von hochliegenden Vorkommen könnte aber vermutlich wesentlich zur Klärung der Dynamik der regionalen Metapopulation beitragen.

Vorkommen an den tieferliegenden Flussauen sind zwar durch extreme Hochwasser gefährdet und werden in der Regel bei 8 – 15 jährlichen Hochwasserereignissen ganz oder teilweise zerstört. Sie können aber an der Isel und ihren Zubringerflüssen an neu geschütteten Kiesbänken auch wieder neu entstehen, so dass vermutlich die Grösse und Ausbreitung der gesamten Population über längere Zeiträume konstant bleibt. Die an tieferliegenden Flussauen typischen, oft sehr grossen Vorkommen sind deshalb für die Metapopulation vermutlich in der Regel Trittsteinpopulationen, weil sie durch starke Hochwasser gestört werden können. Trotzdem erfüllen gerade diese grossen Vorkommen eine wichtige Ökosystemleistung, unter anderem für die Stabilisierung von Kiesbänken. Damit die Metapopulation ihre Ökosystemleistungen erbringen und ihre genetische Diversität langfristig erhalten kann, ist deshalb die Erhaltung sowohl kleiner, ökologisch stabiler Vorkommen im Quellgebiet der Isel und ihrer Seitzubringer, wie auch grosser Vorkommen an tiefer liegenden Flussabschnitten von grosser Bedeutung. Im Untersuchungsgebiet haben wir keine redundanten Vorkommen identifizieren können, die in der Metapopulation ohne Funktion sind.

3 Literaturverzeichnis

Kammerer, H., 2009: Machbarkeitsstudie Deutsche Tamariske, *Myricaria germanica*, im Gesäuse. Studie im Auftrag der NP Gesäuse GmbH., Graz.

Müller, N. 2014. Wasserkraftanlagen und FFH Lebensräume „Alpine Flüsse“ unter besonderer Berücksichtigung der Deutschen Tamariske in Tirol. Institut für Landschaftspflege & Biotopentwicklung, Erfurt.

Pritchard, J.K., Stephens, M., Donnelly, P., 2000: Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155: 945-59.

Scheidegger, C., Wiedmer, A. 2014. Genetische Untersuchung zur Deutschen Tamariske in Tirol. Eidg. Forschungsanstalt WSL, Birmensdorf.

Werth, S., Scheidegger, C., 2011: Isolation and characterization of 22 nuclear and 5 chloroplast microsatellite loci in the threatened riparian plant *Myricaria germanica* (Tamaricaceae, Caryophyllales). *Conservation Genetics Resources* 3: 445-48.

Werth, S., Scheidegger, C. 2014. Gene flow within and between catchments in the threatened riparian plant *Myricaria germanica*. *PLoS ONE* 9: e99400. doi:99410.91371/journal.pone.0099400.

Werth, S., Schödl, M., Scheidegger, C., 2014: Dams and canyons disrupt gene flow among populations of a threatened riparian plant. *Freshwater Biology* 59: wb.12449.

Werth, S., Weibel, D., Alp, M., Junker, J., Karpati, T., Peter, A., Scheidegger, C., 2011: Lebensraumverbund Fließgewässer: Die Bedeutung der Vernetzung. *Wasser Energie Luft* 3: 224-34.