

Genetische Vielfalt in Wildpflanzen-Samenmischungen

Tsipe Aavik^{1,2}, Daniel Bosshard², Peter Edwards², Rolf Holderegger^{2,3} und Regula Billeter^{2,4}

¹Institut für Ökologie und Erdwissenschaften, Universität Tartu, 51005 Tartu, Estland

²Institut für Integrative Biologie, ETH Zürich, 8092 Zürich, Schweiz

³WSL Eidgenössische Forschungsanstalt, 8903 Birmensdorf, Schweiz

⁴ZHAW, Institut für Umwelt und Natürliche Ressourcen, 8820 Wädenswil, Schweiz

Auskünfte: Regula Billeter, E-Mail: regula.billeter@zhaw.ch



Abb. 1 | Verschiedene Aufwertungen wurden im Oberaargau ausgeführt, z.B. die Renaturierung extensiv bewirtschafteter Wiesen. Der im Bild dargestellte Streifen einer ökologischen Ausgleichsfläche wurde mit einer Wildpflanzen-Samenmischung eingesät, die auch Samen der Kuckuckslichtnelke (*Lychnis flos-cuculi*) enthielt.

Einleitung

Der grossflächige Verlust von natürlichen Habitaten und die intensive Landnutzung haben zu einer signifikanten Abnahme der Biodiversität in Agrarlandschaften geführt (Billeter *et al.* 2008). Um diesen Verlust aufzuhalten und die Vernetzung verbliebener Habitatflächen zu fördern, wurden verschiedene Massnahmen ergriffen. Ein Beispiel sind Ausgleichsflächen, die in der Agrarlandschaft angelegt werden. Häufig werden diese mit einer Samen-

mischung angesät, da eine natürliche Wiederansiedlung typischer Arten aus der Umgebung nicht gegeben ist, weil das lokale Reservoir an Arten zu stark verarmt ist. Die Ansaat mit Samenmischungen birgt jedoch einige Probleme (Vander Mijnsbrugge *et al.* 2010). Einerseits kann die Herkunft der Samen in den ausgebrachten Mischungen ein Problem sein, wenn diese nicht aus derselben Region stammen, in der die angesäte Fläche liegt. Dies kann dazu führen, dass Samen schlecht oder gar nicht an die Umweltbedingungen der renaturierten Flächen angepasst sind (Bischoff *et al.* 2006). Um dies zu verhindern, hat InfoFlora vorgeschlagen, dass Samenproduzenten nur Samen aus derselben biogeographischen Region für Samenmischungen verwenden sollen (<http://www.infoflora.ch/de/flora/wildpflanzenfaatgut/>). Aber auch wenn die Samen aus der gleichen Region stammen, kann die Vermehrung im Garten des Produzenten dazu führen, dass Anpassungen an die natürlichen Bedingungen verloren gehen (Schoen und Brown 2001). Hinzu kommt, dass meist keine Information zur genetischen Qualität der Samen in den Mischungen vorhanden ist. Die genetische Vielfalt kann jedoch einen signifikanten Einfluss auf die kurzfristige Fitness von Pflanzen haben und damit den Erfolg von Ansaaten massgeblich beeinflussen. Zudem hilft eine hohe genetische Vielfalt die Anpassungsfähigkeit von Pflanzen zu erhalten. Um mögliche negative Konsequenzen durch schlecht angepasstes und/oder genetisch verarmtes Saatgut zu verhindern, ist es wichtig, das Wissen über die genetische Zusammensetzung und die Fitness in Samenmischungen zu haben.

In der vorliegenden Studie wurde die genetische Vielfalt und die Fitness von natürlichen und angesäten Populationen von *Lychnis flos-cuculi* in der Agrarlandschaft des Oberaargaus untersucht. Zusätzlich führten wir Experimente im Feld und im Versuchsgarten durch, um die Anpassungen der Pflanzen von natürlichen und angesäten Populationen sowie von Pflanzen, die aus Samen der Samenproduzenten direkt gezogen wurden

an die lokalen Umweltbedingungen zu untersuchen. In einem Klimakammer-Experiment wurde schliesslich unter kontrollierten Bedingungen die Reaktion von Pflanzen aus natürlichen und angesäten Populationen untersucht, sowie von Pflanzen aus Samen die direkt bei den Samenproduzenten bezogen wurden, auf verschiedene Wasser- und Nährstoffverfügbarkeit.

Material und Methoden

Untersuchte Populationen, Felderhebungen und genetische Analysen

Wir führten unsere Untersuchungen im Smaragdgebiet Oberaargau durch, das zu den Kantonen Bern und Aargau gehört. Das Oberaargau ist eine typische Agrarlandschaft mit Ackerbau und Weideland. Im Zuge des Baus der Bahn 2000 wurden von 2001 bis 2003 zahlreiche Ausgleichsflächen entlang von kleinen Bächen und Gräben neu angelegt. Diese Streifen wurden mit einer Wildpflanzen-Samenmischung angesät (Abb. 1), die auch die untersuchte Kuckuckslichtnelke (*Lychnis flos-cuculi*; Abb. 2) enthält. In den Jahren 2005 und 2006 wurden erneut Aufwertungsmassnahmen durchgeführt und weitere Flächen mit derselben Mischung angesät. 2009 und 2010 kartierten wir alle Populationen von *L. flos-cuculi* im Untersuchungsgebiet. An acht Orten wurde *L. flos-cuculi* angesät und wir fanden 15 natürliche Popu- ➤



Abb. 2 | Die Kuckuckslichtnelke (*Lychnis flos-cuculi*) ist eine Art der kalkhaltigen, feuchten Wiesen. In intensiv bewirtschafteten Landwirtschaftsräumen ist sie selten und meistens auf Wuchsorte wie die Borte von Gräben und Bächen oder Waldränder beschränkt.

Zusammenfassung ■ Wildpflanzen-Samenmischungen werden häufig für die Ansaat von renaturierten Flächen genutzt, insbesondere um auf artenarmen Flächen die Artenvielfalt zu erhöhen. Allerdings sind die Konsequenzen solcher Samenmischungen für die genetische Vielfalt und die Fitness häufig nicht klar. Wir untersuchten die genetische Vielfalt von natürlich vorkommenden und angesäten Populationen der Kuckuckslichtnelke (*Lychnis flos-cuculi*) im Oberaargau im Schweizer Mittelland. In Experimenten im Feld, im Versuchsgarten und in der Klimakammer massen wir zudem die Effekte der genetischen Vielfalt, der Herkunft und der Umweltbedingungen auf das Wachstum und die Lebensfähigkeit der Pflanzen. Die genetische Vielfalt von natürlichen und angesäten Populationen unterschied sich kaum, aber die angesäten Populationen waren durch signifikant höhere Inzucht gekennzeichnet. Auch unterschieden sich die gesäten von den natürlichen Populationen deutlich in ihrer genetischen Zusammensetzung. Unsere Experimente zeigten, dass die angesäten Pflanzen sowie Pflanzen, die aus direkt bei den Samenproduzenten bezogenen Samen gezogen wurden, weniger häufig und tendenziell auch später blühten als Pflanzen der natürlichen Populationen. Ansonsten hatte die Herkunft oder die genetische Vielfalt kaum einen Einfluss auf die Fitness der Pflanzen. Daraus schliessen wir, dass die Ansaat mit Samenmischungen vor allem dann eine sinnvolle Massnahme darstellt, wenn die Produktion der Samen auf einer genügend breiten genetischen Basis erfolgt. Negative Fitness-Effekte sind dann kaum zu erwarten. Wenn immer möglich sollte aber natürliche Besiedlung aus der Umgebung bevorzugt werden.

lationen der Art. An drei weiteren Orten wurde die Samenmischung in bereits bestehende Feuchtwiesen ausgebracht, so dass wir nicht mit Bestimmtheit sagen konnten, ob die hier vorkommenden Populationen natürlich oder angesät waren.

Wir bestimmten die Populationsgrösse im Feld und sammelten Blätter von jeweils 30 Individuen. Die Blätter wurden getrocknet und für die DNA Analyse benutzt. Für die genetische Analyse verwendeten wir sechs Mikrosatelliten-Marker (Galeuchet *et al.* 2002; Moccia *et al.* 2009). Die durchgeführten genetischen Analysen sind in Avik *et al.* (2012) genau beschrieben. In 20 Populationen wurden für jeweils 30 zufällig ausgewählte Individuen die Fitness-Merkmale: Anzahl Blüten, Anzahl Stängel pro Pflanze und Höhe der Pflanze bestimmt. Zusätzlich sammelten wir Samen. Jeweils 100 Samen pro Pflanze wurden gewogen und von 15 Individuen pro Population wurden jeweils 50 Samen in Petri-Schalen ausgesät, um die Keimungsrate zu bestimmen. Nach 30 Tagen zählten wir die Anzahl gekeimter Samen. Zusätzlich nahmen wir in jeder Population Bodenproben, um den Nitrat- und Phosphor-Gehalt zu bestimmen und massen die Bodenfeuchtigkeit (für genaue Methoden siehe Avik *et al.* im Druck).

Experimente

Um die Fitness von Pflanzen aus natürlichen und angesäten Populationen sowie von Pflanzen, die direkt aus Samen der Samenproduzenten gezogen wurden zu vergleichen, wurden diese im Feld und im Versuchsgarten an

der ETH Höggerberg in Zürich ausgesät. Dafür benutzen wir die Samen von zwei natürlichen und zwei angesäten Populationen aus dem Oberaargau, sowie Samen von zwei verschiedenen Samenproduzenten. Wir starteten das Experiment im September 2010 an zwei Standorten im Oberaargau und im Versuchsgarten. An den Standorten im Feld wurden jeweils vier Beete angelegt, mit jeweils sechs Plots pro Beet. Im Versuchsgarten wurden 24 Töpfe mit einem Gemisch von Erde und Sand und einer feinen Humusschicht gefüllt. In jeden Plot im Feld und jeden Topf im Garten wurden 200 Samen ausgesät. In jedem Beet wurden die Samen jeder Herkunft einmal ausgesät, pro Plot eine Herkunft (zwei natürliche Populationen, zwei angesäte Population und die Samen der zwei Samenproduzenten). Im Garten wurde jede Herkunft in jeweils vier verschiedenen Töpfen ausgesät. Im Mai 2011 wurden alle Keimlinge bis auf zehn Individuen entfernt. Die letzteren liessen wir weiter wachsen. Im September 2011 bestimmten wir die Überlebensrate und massen verschiedene Fitness-Merkmale der Pflanzen (Durchmesser der Rosette, längstes Blatt, Pflanzenhöhe, Anzahl Triebe, Anzahl Blüten und Biomasse der getrockneten Individuen).

In einem zweiten Experiment untersuchten wir den Effekt von Nährstoffen und Bodenfeuchtigkeit auf die Fitness der Pflanzen. Dieses Experiment wurde mit den gleichen Populationen, die wir im obigen Klimakammerexperiment verwendeten, durchgeführt. 36 Keimlinge von jeder Population wurden zufällig ausgewählt und in Töpfe gepflanzt. Die gesamthaft 216 Töpfe wurden zufällig auf drei Klimakammern verteilt. Vier verschie-

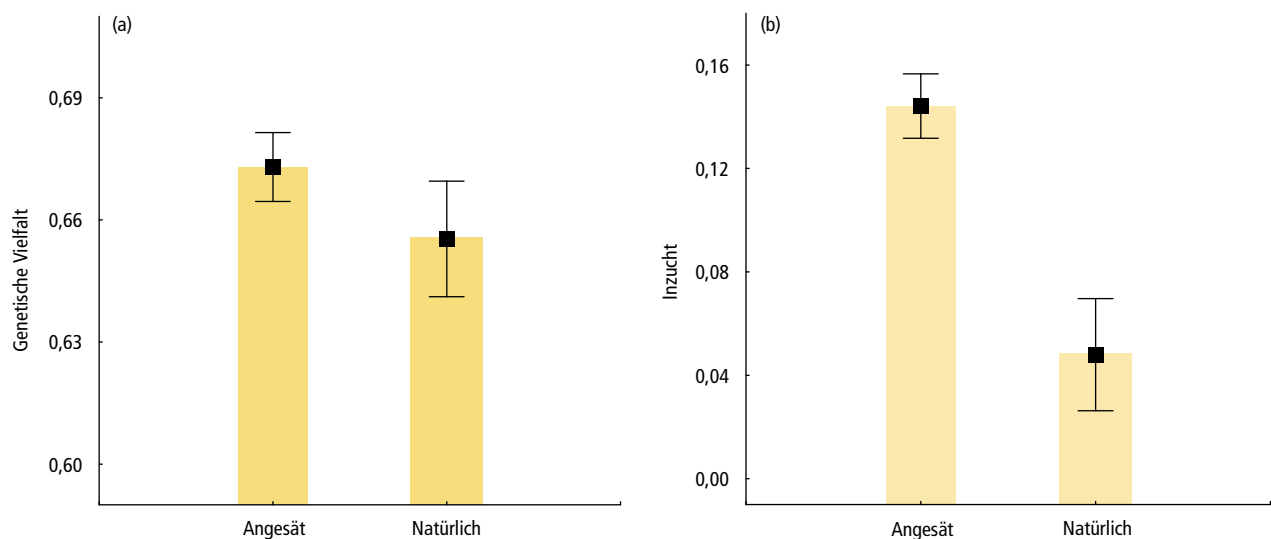


Abb. 3 | (a) Genetische Vielfalt (Mittelwert \pm Standardfehler) und (b) Inzucht-Koeffizienten von angesäten und natürlichen Populationen der Kuckuckslichtnelke (*Lychnis flos-cuculi*) im Oberaargau (Avik *et al.* 2012). Angesäte Populationen weisen signifikant höhere Inzucht als natürliche Populationen auf (pseudo-F_{1,20}=11,634, P=0,003).

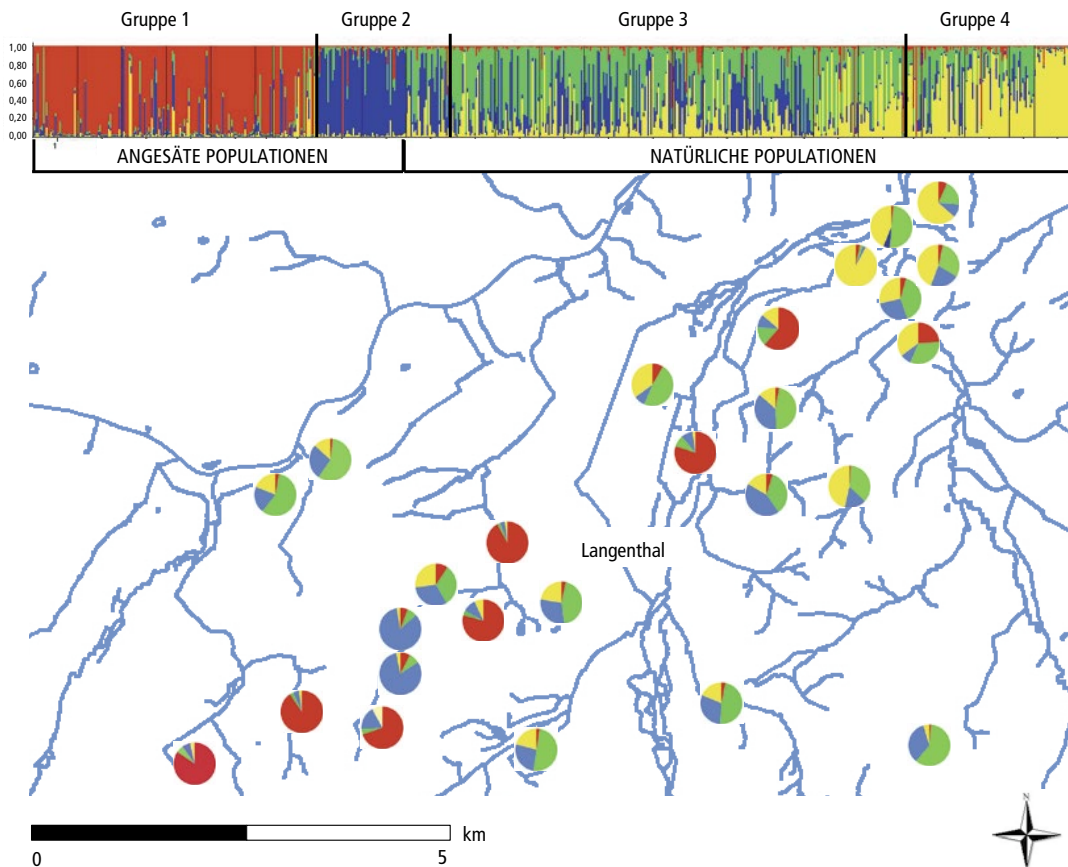


Abb. 4 | Genetische Gruppen innerhalb der 26 untersuchten Populationen der Kuckuckslichtnelke (*Lychnis flos-cuculi*) im Oberaargau (Aavik *et al.* 2012). Jede Säule innerhalb der oberen Graphik gibt die Zugehörigkeit eines untersuchten Individuums zu vier genetischen Gruppen an. Die Kuchendiagramme in der unteren Graphik geben die Fundorte der Populationen an und die verschiedenen Farben zeigen die Gruppenzugehörigkeit pro Population. Die blauen Linien stellen Gräben und Bäche dar.

dene Behandlungen wurden durchgeführt. Diese bestanden aus den Kombinationen von wenig und viel Wasser beziehungsweise ohne und mit Düngung.

Während des Experimentes wurde der Blühstart jeder Pflanze notiert. Nach 70 Tagen massen wir die Höhe der blühenden Pflanzen, den Durchmesser der Rosette, die Anzahl Triebe und Blüten pro Pflanze sowie die Biomasse der getrockneten Pflanzen (Aavik *et al.* im Druck).

Statistische Auswertungen

Wir benutzten das Programm FSTAT 2.9.3.2 (Goudet 1995) um die genetische Vielfalt und den Inzucht-Koeffizienten der untersuchten Populationen zu bestimmen. Wir testeten Unterschiede zwischen natürlichen und angesäten Populationen mit nicht-parametrischen Permutations-Tests in R (R Development Core Team 2011). Die Populationsgrösse wurde log-transformiert und als Kovariable in die Analysen miteinbezogen. Die genetische Zusammensetzung der untersuchten Populationen wurde mit dem Programm STRUCTURE 2.3.3 (Pritchard

et al. 2000) untersucht. Mit Hilfe linearer Modelle analysierten wir die Effekte der genetischen Vielfalt, Populationsgrösse und Herkunft auf die Fitness (Pflanzenhöhe, Anzahl Triebe und Blüten, Samengewicht) der Populationen. Der Effekt dieser erklärenden Variablen auf die Keimrate der Samen wurde mit einem «generalized linear model» (GLM) analysiert und das Samengewicht als Kovariable in die Analysen mit einbezogen. Im Feld- und Versuchsgartenexperiment wurde der Effekt der Herkunft (natürlich, angesät oder Samenproduzent) und des Untersuchungsortes (Feld oder Versuchsgarten) auf die Biomasse und den Rosettendurchmesser mit einem «linear mixed effects model» (LME) analysiert. Der Effekt der Herkunft und des Untersuchungsortes auf die Wahrscheinlichkeit, dass eine Pflanze blühte, wurde mit einem «generalized linear mixed model» (GLMM) evaluiert. Im Klimakammer Experiment analysierten wir den Effekt der Herkunft, der Düngung und der Bewässerung auf die Biomasse, den Durchmesser, die Pflanzenhöhe, den Blühstart und die Anzahl Blüten wiederum mit LMEs. »

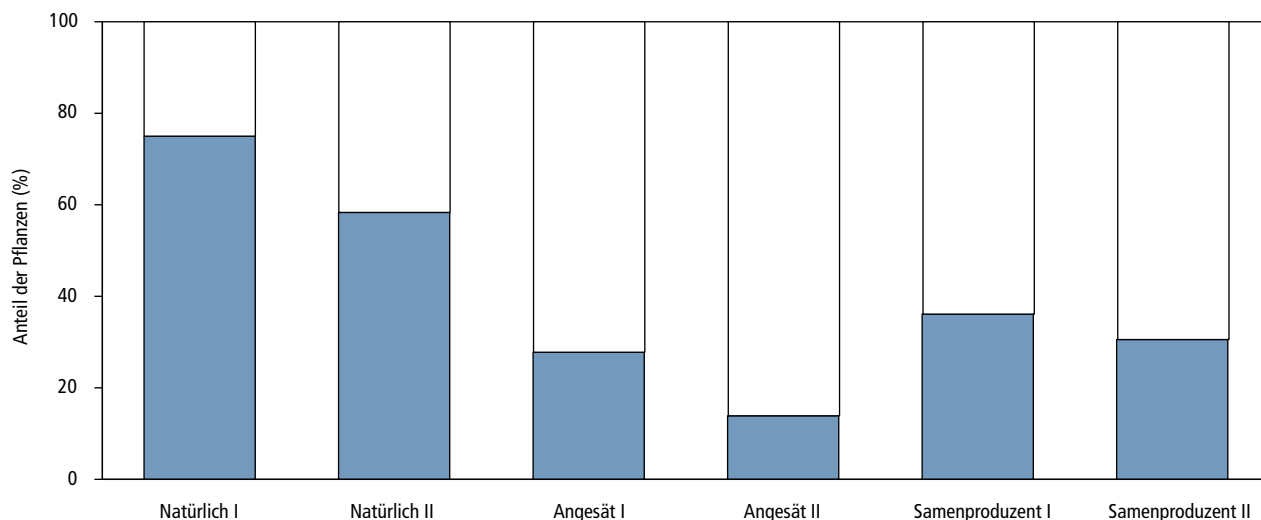


Abb. 5 | Anteil blühender (blau) und vegetativer (oder nicht blühender) (weiss) Pflanzen der Kuckuckslichtnelke (*Lychnis flos-cuculi*) im Klimakammer-Experiment (GLMM, $\chi^2=38,87$, $P < 0,001$; Aavik *et al.* im Druck). Die Pflanzen stammten von Samen aus natürlichen und angesäten Populationen oder von Samen, die direkt bei den Samenproduzenten bezogen wurden.

Die Effekte der Behandlungen und der Herkunft der Samen auf die Blüh-Wahrscheinlichkeit wurde mit GLMMs evaluiert. Die Signifikanz von fixierten Faktoren in GLMMs analysierten wir mit «likelihood ratio tests».

Resultate und Diskussion

Genetische Eigenschaften von natürlichen und angesäten Populationen

Die Analyse der genetischen Daten zeigte keine signifikanten Unterschiede zwischen der genetischen Vielfalt von natürlichen und angesäten Populationen von *L. flos-cuculi* (Abb. 3a). Angesäte Populationen hatten jedoch einen deutlich höheren Inzucht-Koeffizienten als natürliche Populationen (Abb. 3b). Mehrere Faktoren können dafür verantwortlich sein. Einerseits ist es möglich, dass die Populationen, aus denen die Samenproduzenten ursprünglich ihre Samen gesammelt haben, klein waren und darum an Inzucht litten. Andererseits kann es sein, dass die Samenproduzenten Samen nur von wenigen Individuen gesammelt haben. Die Folge davon wäre ein genetischer Flaschenhals. Ein solcher könnte aber auch das Resultat einer wiederholten Vermehrung des gleichen Samenvorrats durch die Samenproduzenten sein (Schoen und Brown 2001). Um Inzucht in Samenmischungen zu vermeiden, ist es deshalb unabdingbar, dass die Samen für die Vermehrung von grossen Populationen und von vielen Individuen gesammelt werden. Ausserdem muss der Samenvorrat regelmässig nach nur wenigen Vermehrungszyklen erneuert werden.

Angesäte Populationen unterschieden sich in ihrer genetischen Zusammensetzung deutlich von den natürlichen Populationen; dies obwohl die Samen für die Ansaat aus der gleichen floristischen Zone stammten wie die natürlichen Populationen (Abb. 4; Aavik *et al.* 2012). Es ist interessant, dass wir auch innerhalb der angesäten Populationen zwei verschiedene genetische Gruppen unterscheiden konnten (Abb. 4). Da Samenproduzenten in der Regel Samen von verschiedenen Populationen getrennt halten, ist es wahrscheinlich, dass diese zwei genetischen Gruppen zwei verschiedene Populationen, die für die ursprünglichen Aufsammlungen benutzt wurden, darstellen. Ausserdem können genetische Unterschiede zwischen zwei Gruppen wegen der wiederholten Vermehrung durch die Samenproduzenten verstärkt werden.

Fitness der Pflanzen unterschiedlicher Herkunft

Aufgrund der deutlichen genetischen Unterschiede zwischen natürlichen und angesäten Populationen von *L. flos-cuculi*, erwarteten wir deutliche Unterschiede in der Fitness der Pflanzen. Das Gegenteil war jedoch der Fall. Weder die Inzucht noch die unterschiedliche genetische Zusammensetzung hatte einen signifikanten Einfluss auf die Fitness der Pflanzen im Experiment, sowohl im Feld und im Versuchsgarten als auch in den Klimakammern. Nichtsdestotrotz ergaben sich einige interessante Resultate. Pflanzen, die aus Samen von angesäten Populationen oder aus Samen der Samenproduzenten gezogen wurden, blühten weniger häufig als Pflanzen

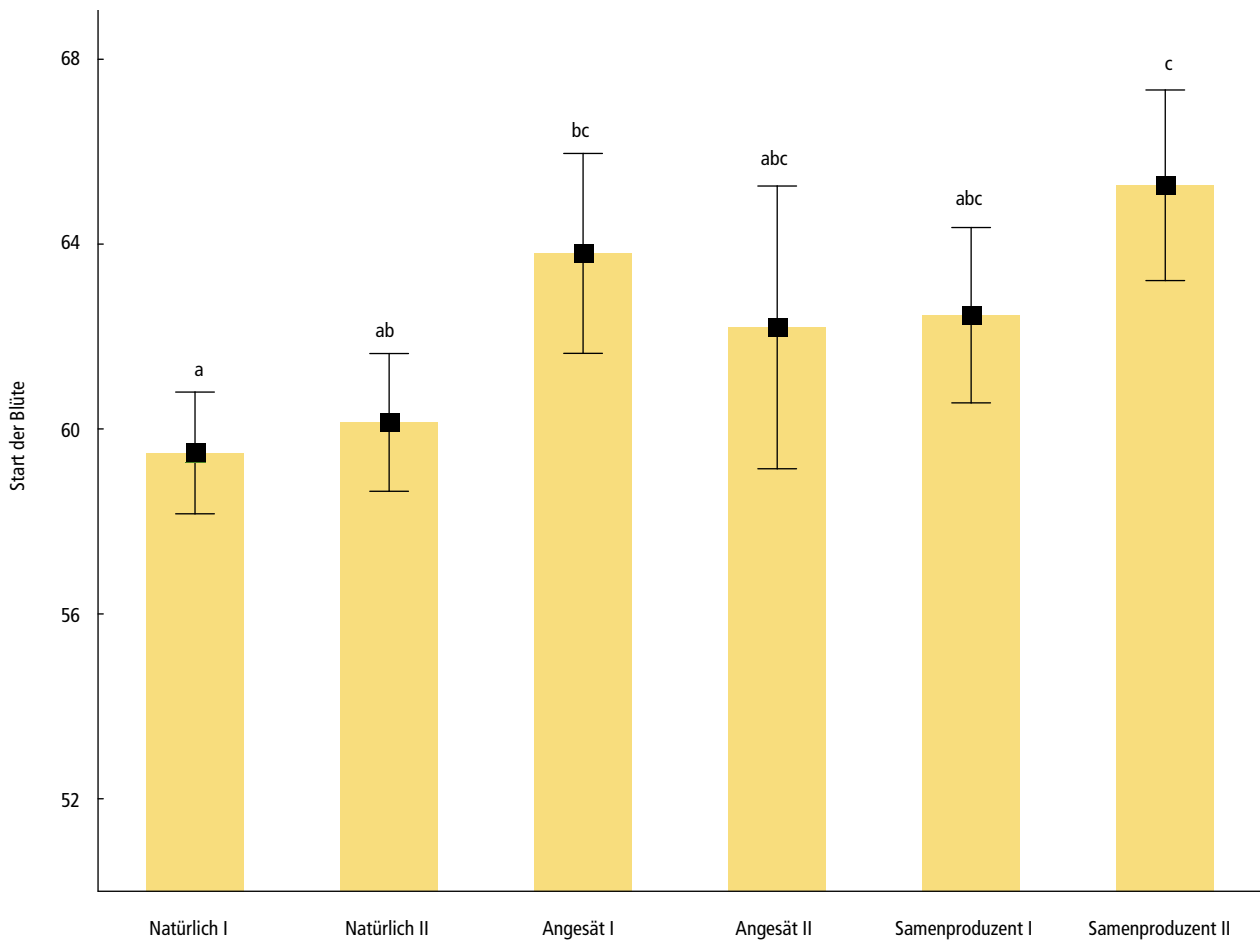


Abb. 6 | Start der Blüte (Mittelwert \pm Standardfehler) der Kuckuckslichtnelke (*Lychnis-flos-cuculi*) im Klimakammer-Experiment (LME, $F_{5,79}=6,31$, $P < 0,001$; Aavik *et al.* im Druck). Buchstaben bezeichnen Gruppen, die statistisch nicht verschieden voneinander sind (Tukey HSD Tests). Die Pflanzen stammten von Samen aus natürlichen und angesäten Populationen oder von Samen, die direkt bei den Samenproduzenten bezogen wurden.

von natürlichen Populationen (Abb. 5; Aavik *et al.* im Druck). Dafür gibt es mehrere mögliche Erklärungen. Einerseits wuchsen die natürlichen Populationen eher an feuchten und nährstoffreichen Orten, während sich die angesäten Populationen eher an trockenen und nährstoffärmeren Orten befanden. In früheren Studien konnte gezeigt werden, dass feuchte, nährstoffreiche Orte eher Vermehrung durch Samen fördern, während auf trockenen, nährstoffarmen Böden Pflanzen sich eher vegetativ vermehren (Jacquemyn *et al.* 2005). Dazu hatten Pflanzen von angesäten Populationen und von Samenproduzenten weniger Konkurrenz, als Pflanzen von natürlichen, produktiveren und damit dichter bewachsenen Standorten. *Lychnis flos-cuculi* wächst bei schwacher Konkurrenz eher klonal, währenddem sich die Art bei starker Konkurrenz vermehrt sexuell fortpflanzt (Chaloupecká und Lepš 2004). Das verstärkte klonale Wachstum der Pflanzen von angesäten Standorten

und aus Samen der Samenproduzenten könnte also die Umweltbedingungen beziehungsweise Konkurrenzsituation der renaturierten Orte widerspiegeln. Vermehrtes vegetatives Wachstum kann Konsequenzen für die Fitness haben. Populationen mit einer geringen Blüten-dichte sind generell weniger attraktiv für Bestäuber (Sandring und Agren 2009). *Lychnis flos-cuculi* kann sich zwar selbst bestäuben, aber die dadurch geförderte Inzucht kann die Fitness verringern (Hauser und Loeschcke 1995). Langfristig kann die verminderte sexuelle Fortpflanzung zu einer Abnahme der genetischen Vielfalt und zu vermindertem genetischen Austausch zwischen den Populationen führen (Jacquemyn *et al.* 2005).

In unserer Studie blühten Pflanzen aus natürlichen Populationen früher als Pflanzen der angesäten Populationen oder der Samenproduzenten (Abb. 6; Aavik *et al.* im Druck). Unterschiede in der Blühzeit sind wahrschein- ➤

lich das Resultat von Anpassung an verschiedene Bewirtschaftungs-Regime. Regelmässig gemähte Pflanzenpopulationen blühen generell früher (Reisch und Poschlod 2011). Alle in dieser Studie untersuchten natürlichen Populationen wurden einmal pro Jahr gemäht. Die Selektion solcher Populationen wird also Pflanzen bevorzugen, die früher blühen und reife Samen produzieren. In den Gärten der Samenproduzenten gibt es diese Selektion in der Regel nicht. Das spätere Blühen der angesäten Populationen kann jedoch den Erfolg von Aufwertungen beeinflussen. Die extensiven Wiesen der Ausgleichflächen dürfen ab dem 15. Juni gemäht werden. Dieser Zeitpunkt stimmt nicht mit jenem der höchsten Samenproduktion von *L. flos-cuculi* überein (Leng et al. 2011). Im Oberaargau werden viele Wiesenborde von Gräben noch früher gemäht, um geeignete Bedingungen für eine gefährdete Libellen-Art zu schaffen. Dies kann die Vermehrung von angesäten Pflanzen behindern, da diese später Samen produzieren als natürliche Populationen. Unterschiedliche Blütezeiten erschweren auch den genetischen Austausch zwischen angesäten und natürlichen Populationen über Pollen. Eine Analyse des genetischen Austausches zeigte auch tatsächlich geringe Austauschraten zwischen angesäten und natürlichen Populationen von *L. flos-cuculi* im Oberaargau (Aavik et al. 2013).

Literatur

- Aavik T., Edwards P., Holderegger R., Graf R. & Billeter R., 2012. Genetic consequences of using seed mixtures in restoration: a case study of a wetland plant *Lychnis flos-cuculi*. *Biological Conservation* **145**, 195–204.
- Aavik T., Holderegger R., Edwards P.J. & Billeter R., 2013. Patterns of contemporary gene flow suggest low functional connectivity of grasslands in a fragmented agricultural landscape. *Journal of Applied Ecology* **50**, 395–403.
- Aavik T., Bosshard D., Edwards P., Holderegger R. & Billeter R., im Druck.
- Fitness in naturally occurring and restored populations of a grassland plant *Lychnis flos-cuculi* in a Swiss agricultural landscape. *Restoration Ecology*.
- Billeter R., Liira J., Bailey D., Bugter R. et al., 2008. Indicators for biodiversity in agricultural landscapes: a pan-European study. *Journal of Applied Ecology* **45**, 141–150.
- Bischoff A., Vonlanthen B., Steinger T. & Müller-Schärer H., 2006. Seed provenance matters – effects on germination of four plant species used for ecological restoration. *Basic and Applied Ecology* **7**, 347–359.
- Chaloupecká E. & Lepš J., 2004. Equivalence of competitor effects and tradeoff between vegetative multiplication and generative reproduction: case study with *Lychnis flos-cuculi* and *Myosotis nemorosa*. *Flora* **199**, 157–167.
- Goudet J., 1995. FSTAT (version 1.2): a computer program to calculate F-statistics. *Journal of Heredity* **86**, 485–486.
- Hauser T.P. & Loeschcke V., 1995. Inbreeding depression in *Lychnis flos-cuculi* (*Caryophyllaceae*): effects of different levels of inbreeding. *Journal of Evolutionary Biology* **8**, 589–600.
- Jacquemyn H., Brys R., Honnay O., Hermy M. & Roldan-Ruiz I., 2005. Local forest environment largely affects below-ground growth, clonal diversity and fine-scale spatial genetic structure in the temperate deciduous forest herb *Paris quadrifolia*. *Molecular Ecology* **14** 4479–4488.
- Leng X., Musters C.J.M. & de Snoo G.R., 2011. Effects of mowing date on the opportunities of seed dispersal of ditch bank plant species under different management regimes. *Journal for Nature Conservation* **19**, 166–174.
- Pritchard J.K., Stephens M. & Donnelly P., 2000. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics* **155**, 945–959.
- R Development Core Team (2011) R: a language and environment for statistical computing. <http://www.r-project.org>.
- Reisch C. & Poschlod P. 2011. Morphology and phenology of *Scabiosa columbaria* from mown and grazed habitats – results of a simulation experiment. *Flora* **206**, 887–891.
- Sandring S. & Agren J., 2009. Pollinator-mediated selection on floral display and flowering time in the perennial herb *Arabidopsis lyrata*. *Evolution* **63**, 1292–1300.
- Schoen D.J. & Brown A.H.D., 2001. The conservation of wild plant species in seed banks. *BioScience* **51**, 960–966.
- Vander Mijnsbrugge K., Bischoff A. & Smith B., 2010. A question of origin: where and how to collect seed for ecological restoration. *Basic and Applied Ecology* **11**, 300–311.

Schlussfolgerungen

Die Resultate unserer Studie zeigen, dass Populationen, die mit kommerziellen Samenmischungen angesät wurden, sich genetisch von natürlichen Populationen unterscheiden. Dies könnte verhindert werden, wenn für die Produktion dieser Samenmischungen Ursprungssamen von grossen Populationen und von vielen Individuen aus der gleichen Region gesammelt würden. Auch muss der Samenvorrat für die Vermehrung regelmässig erneuert werden. Zum Beispiel weisen die gefundenen Unterschiede in den Blühzeiten zwischen angesäten und natürlichen Populationen darauf hin, dass das Material der Samenproduzenten ursprünglich von Populationen stammen, die andere Umwelt- und Konkurrenzbedingungen sowie ein anderes Bewirtschaftungsregime aufwiesen. Allerdings hatten diese Unterschiede bisher keine Auswirkungen auf die Fitness der Pflanzen. Dies zeigt, dass die Ansaat mit Samenmischungen vor allem dann eine sinnvolle Methode darstellt, wenn die Produktion des Saatguts auf einer genügend grossen genetischen Basis beruht. Negative Fitness-Effekte sind dann kaum zu erwarten. Wenn immer möglich sollte aber natürliche Besiedlung aus der Umgebung bevorzugt werden. ■

Dank

Diese Arbeit wurde durch das Competence Centre Environment and Sustainability (CCES; Projekte ENHANCE und GENEREACH) und Europäische Union (T.A. Mobilitas Subvention MJD113) finanziell unterstützt.

Riassunto**Diversità genetica nelle miscele di seme di piante selvatiche**

Miscele di seme di piante selvatiche sono spesso usate per la rinaturalizzazione di superfici, in particolare allo scopo di aumentare la biodiversità in aree povere di specie. Tuttavia, le conseguenze di simili miscele per la diversità genetica e la «fitness» sono spesso poco chiare.

Attraverso questo studio abbiamo analizzato la diversità genetica delle popolazioni naturali e di quelle seminate del fior di cuculo (*Lychnis flos-cuculi*) nella regione dell'Argovia superiore nell'Altipiano svizzero. Mediante prove in campo, vivaio e in camere climatiche abbiamo misurato gli effetti che diversità genetica, provenienza e condizioni climatiche esercitano sulla crescita e la capacità di sopravvivenza delle piante. La diversità genetica delle popolazioni naturali e seminate era molto simile, ma le popolazioni seminate presentavano una consanguineità significativamente più elevata. Inoltre, anche nella loro composizione genetica, le popolazioni naturali si differenziavano notevolmente da quelle seminate. Le nostre prove hanno mostrato che piante seminate, così come piante ottenute da seme acquistata presso produttori, fioriscono meno frequentemente e, tendono a fiorire più tardi rispetto alle piante di popolazioni naturali. La provenienza e la diversità genetica non hanno, per contro, praticamente nessun influsso sulla «fitness» delle piante. Ne deduciamo che la semina con miscele di seme rappresenta una misura sensata soprattutto quando la produzione dei semi avviene su una base genetica sufficientemente ampia. In quel caso non ci si deve aspettare effetti negativi sulla «fitness». Quando possibile dovrebbe essere favorito l'insediamento naturale proveniente dalle zone limitrofe.

Summary**Genetic and fitness consequences of using wildflower seed mixtures in ecological restoration**

Wildflower seed mixtures are widely used for restoration in areas with impoverished species pools. However, the genetic and fitness consequences of using seed mixtures are often not considered in practical restoration. We studied the genetic characteristics of sown and naturally occurring populations of the grassland plant *Lychnis flos-cuculi* in an agricultural landscape in the Oberaargau region in Switzerland. Furthermore, we examined various fitness parameters of these populations, and carried out experiments in the study area, in an experimental garden and in climate chambers, in order to study the effect of genetic diversity, origin and environmental conditions on the viability of plants. Sown and natural populations were characterized by similar genetic diversity. Inbreeding coefficients, by contrast, were significantly higher in sown populations. Sown populations were genetically different from natural populations. Experiments revealed that plants originating from sown populations and from seed companies were less likely to produce flowers and tended to flower later than plants from natural populations. We conclude that there was no substantial influence of origin and genetic diversity on plant fitness. However, seed mixtures used for restoration should originate from genetically diverse sources to avoid potential negative consequences for fitness. Wherever possible, natural recolonization should be favoured.

Key words: ecological compensation areas, genetic diversity, grasslands, inbreeding, seed mixtures.