

Inhalt

1 Einleitung.....	1
1.1 Die Untersuchungsgruppe.....	2
1.2 Zielsetzung.....	2
2 Material.....	4
2.1 Untersuchungsgebiet.....	4
2.2 Untersuchte Sippen.....	5
2.3 Pflanzenmaterial.....	6
3 Methoden.....	8
3.1 Chromosomenzählungen.....	8
3.2 Trocknung von Blattproben mit Silikagel.....	8
3.3 DNA-Extraktion aus Pflanzenmaterial.....	9
3.4 PCR (Polymerase Chain Reaction).....	9
3.4.1 verwendete Primer.....	10
3.4.2 verwendete Programme.....	11
3.5 Aufreinigung der PCR-Produkte.....	12
3.6 Gelelektrophorese (Agarosegele).....	12
3.7 Klonierung.....	13
3.8 Sequenzierung.....	13
3.9 Auswertung der molekularen Daten.....	14
3.9.1 Sequenzdaten.....	14
3.9.1.1 Untersuchung der Struktur des IGS und Datenbanksuche.....	14
3.9.1.2 Erstellung der Alignments.....	14
3.9.1.3 Auswahl und Codierung der Merkmale.....	14
3.9.1.4 Erstellung der Datensätze für TREECON und PAUP.....	15
3.9.1.5 Phylogenetische Rekonstruktion mit PAUP.....	15
3.9.1.6 Distanzanalyse mit TREECON.....	16
3.9.2 RAPD-Analyse.....	17
3.9.2.1 Datengewinnung und Auswahl der Merkmale.....	17
3.9.2.2 Distanzberechnung und Darstellung.....	18
3.9.3 Split Decomposition-Methode.....	18
3.9.4 Berechnung genetischer Distanzen und Testverfahren.....	19
3.9.4.1 KIMURA-zwei-Parameter-Modell zur Berechnung genetischer Distanzen aus Sequenzdaten.....	19
3.9.4.2 Berechnung genetischer Distanzen aus RAPD-Daten.....	19
3.9.4.3 Bootstrap.....	20
3.9.4.4 Bestimmung der Qualität der Parsimonie-Bäume.....	20
3.10 Erhebung morphologischer Daten.....	21
4 Auswertung.....	22
4.1 Allgemeiner Teil.....	22
4.1.1 Gliederung der Gattung <i>Centaurea</i>	22
4.1.2 Sippengliederung innerhalb der Untersuchungsgruppe.....	23
4.1.3 Anmerkungen zur Artabgrenzung verschiedener Bearbeiter.....	24
4.1.4 Hier verwendete Artabgrenzung/ "Problem der Ploidiestufen".....	26

4.1.5 Merkmale zur Sippenabgrenzung	27
4.1.5.1 Lebens- und Wuchsform	27
4.1.5.2 Behaarung	30
4.1.5.3 Blätter	31
4.1.5.4 Köpfchen	32
4.1.5.5 Hüllblattanhängsel	33
4.1.5.6 Blüten	35
4.1.5.7 Pollen	36
4.1.5.8 Blütezeit	36
4.1.5.9 Achänen	36
4.1.5.10 Pappus	37
4.1.5.11 Cytologie (Chromosomenzahl)	39
4.1.6 Molekulare Marker	41
4.1.6.1 ITS (Internal Transcribed Spacer)	42
4.1.6.2 IGS (InterGenic Spacer)	42
4.1.6.3 cpDNA-Spacer (<i>trnL/trnF</i>)	48
4.2 Spezieller Teil	49
4.2.1 Anmerkungen zur Verbreitung ausgewählter Taxa	49
4.2.1.1 Endemismus	50
4.2.1.2 "Höhenformen"	51
4.2.1.3 Natürliche Verbreitung von <i>C. stoebe</i> (s.l.)	52
4.2.1.4 Verschleppung durch den Menschen	53
4.2.2 Hybridisierung und Introgression	56
4.2.3 Taxonomie	59
4.2.3.1 erweiterte <i>Centaurea stoebe</i> -Gruppe	60
4.2.3.2 Beschreibungen der übrigen Sippen der Untersuchungsgruppe	84
4.3 Phylogenetische Rekonstruktion	103
4.3.1 ITS 1-Sequenzen	103
4.3.2 IGS-Sequenzen	103
4.3.3 Kombination von ITS 1- und IGS-Sequenzen	105
4.3.4 Vergleich der einzelnen Marker	105
4.3.5 Darstellung der aufgetretenen Clades	111
4.3.5.1 Außengruppe (I)	111
4.3.5.2 <i>C. paniculata</i> -Clade (II)	112
4.3.5.3 <i>C. cineraria</i> (s.l.) (III)	113
4.3.5.4 <i>C. stoebe</i> -Clade (IV)	113
4.3.6 RAPD-Analysen	115
4.3.6.1 Populations-Analyse in Deutschland (Kyffhäuser)	115
4.3.6.2 Untersuchungen in der Schweiz (Wallis)	117
4.3.7 Phylogenie ausgewählter Merkmale	119
4.3.7.1 Lebens- und Wuchsform (s. Abb. 24)	119
4.3.7.2 Köpfchenbreite (s. Abb. 25)	120
4.3.7.3 Hüllblattanhängsel (s. Abb. 26)	120
4.3.7.4 Pappus (s. Abb. 27)	120

4.3.7.5 Chromosomenzahl (s. Abb. 28).....	120
4.3.7.6 Interne Längendifferenzen im IGS (s. Abb. 29)	121
4.3.7.7 Verbreitung (s. Abb. 30).....	121
4.3.8 Aussagen aufgrund der morphologischen und molekularen Daten	129
4.3.8.1 <i>Centaurea stoebe</i> -Gruppe.....	129
4.3.8.2 übrige Untersuchungsgruppe	130
5 Zusammenfassung	132
6 Summary	134
7 Literatur	136
Anhang A: Abkürzungsverzeichnis	157
Anhang B: gesehene Belege (Auswahl)	160
Anhang C: Liste der molekular untersuchten Proben.....	203
Liste der Herkünfte	206
Anhang D: Alignments und RAPD-Matrices	212
Anhang E: Chromosomenzahlen untersuchter Belege	233
Abbildungsverzeichnis	236
Register	237