

Endemisch in der Knersvlakte

Die Gattung *Oophytum* (Aizoaceae) aus Südafrika – molekularbiologische Untersuchungen zeigen unerwartete Verwandtschaftsverhältnisse

von Anna-Lena Rau, Rika Spamer, Barbara Rudolph & Ute Schmiedel



Abb. 1:
Oophytum nanum.
Foto:
Anna-Lena Rau

Einleitung

Das südliche Afrika weist mit den Bereichen der Kapflora und der Sukkulenten-Karoo zwei Artenvielfaltszentren von internationaler Bedeutung auf. Die Familie der Mittagsblumengewächse (Aizoaceae) stellt einen großen Anteil dieser Artenvielfalt. In der Knersvlakte, unserem Untersuchungsgebiet, sind sogar über 50 % der dort vorkommenden Arten aus dieser Familie (Schmiedel & Jürgens 2002). Die Familie der Aizoaceae umfasst vier Unterfamilien und aktuell 127 Gattungen mit etwa 1750 Arten. Die zwei weitaus größten Unterfamilien sind die Mesembryanthemoideae

mit 111 Gattungen und etwa 1585 Arten sowie die Ruschioideae mit 11 Gattungen und etwa 100 Arten. Beide Unterfamilien wurden früher als eigene Familie (Mesembryanthemaceae) geführt, werden aber heute zu den sogenannten Mesembryanthema zusammengefasst.

Die größte Artenvielfalt der Aizoaceae liegt in den ariden Gebieten des südlichen Afrika und mit Ausnahme einiger weniger Arten sind sowohl die Mesembryanthemoideae als auch die Ruschioideae in ihrer Verbreitung auf Südafrika beschränkt. Einige der Mesembryanthemoideae- und Ruschioideae-Arten sind sogar nicht nur auf das

Abb. 2:
Oophytum
oviforme.
Foto:
Anna-Lena Rau



südliche Afrika beschränkt, sondern dort außerdem auf Quarzflächen spezialisiert. Quarzflächen sind Sonderstandorte, die durch kleines, nicht gerundetes, weißes Quarzgestein auf der Bodenoberfläche charakterisiert sind (SCHMIEDEL 1997, GERARD & SCHMIEDEL 2012). Von den 155 Quarzflächen-Spezialisten sind 67 % Mesembryanthema-Arten. Viele der Spezialisten haben zudem eine sehr lokale Verbreitung (s. a.

BERTRAM 2004). Die umliegende Vegetation wird von einem Spektrum an Wuchsformen zwischen aufrechten Sträuchern bis hin zu kleinwüchsigen Bäumen besiedelt, während die typische Quarzflächenvegetation fast ausschließlich mit blattsukkulente Zwergsträuchern von wenigen Zentimetern Höhe und kurzen Achsen, einer geringen Verzweigung und nur wenigen Blättern besiedelt ist.

Abb. 3:
Individuum der
als „*Oophytum*
nordenstamii“
bezeichneten
Population.
Foto:
Anna-Lena Rau





Die Knersvlakte ist eine an der Westküste Südafrikas gelegene Halbwüste und stellt den südwestlichen Abschnitt der Sukkulenten-Karoo dar. Floristisch gehört die Knersvlakte zur Kapensis, dem kleinsten der sechs Florenreiche. Geologisch ist sie durch Schiefer und Kalkgestein charakterisiert und von Quarzadern durchzogen. Durch die Verwitterung der Quarzadern entstand das typische Erscheinungsbild der Quarzflächen. Diese bieten in der Knersvlakte einen Lebensraum für 67 Quarzflächen-Pflanzenarten, von denen wiederum 63 Arten endemisch für die Knersvlakte sind (GERARD & SCHMIEDEL 2012). Seit einigen Jahren stehen weite Teile der Knersvlakte unter Naturschutz. Langjährige Forschung zu der Ökologie der Quarzflächen weist darauf hin, dass die Lebensformzusammensetzung der Quarzflächenvegetation in Südafrika von Faktoren wie Salzgehalt, pH-Wert, Mächtigkeit und Gesteinsgehalt des Bodens sowie der Dichte und Größe der Gesteinsbedeckung der Oberfläche gesteuert werden.

Oophytum ist eine in der Knersvlakte endemisch vorkommende Gattung. Sie gehört in die Unterfamilie der Ruschioideae und umfasst nach IHLENFELDT (1978) die zwei Arten *Oophytum nanum* (Abb. 1) und *Oophytum oviforme* (Abb. 2). Der afrikaanse Name der Arten ist krapogies (Krebsaugen). Eine dritte Art wurde von der südafrikanischen Botanikerin Louisa Bolus im Jahr 1962 unter dem Namen *Oophytum nordenstamii* (Abb. 3) beschrieben, jedoch im Zuge der Gattungsrevision von IHLENFELDT (1978) als synonym zu *O. oviforme* erklärt. Die *Oophytum*-Arten sind mehrjährige Zwergsukkulente mit mehrfach verzweigten, sehr kurzen Achsen. Jede Vegetationsperiode werden pro Sprossachse zwei Blattpaare gebildet. Die beiden Blätter eines gegenüberstehenden Blattpaares sind seitlich miteinander verwachsen, sodass sie zusammen eine Kugel bilden, die Korpuskeln genannt werden. So ein Korpuskel ist nur 8–12 mm lang. Mit Einsetzen der Ruhephase vergeht das äußerste Blattpaar pro Achse zu einer papierartigen

Abb. 4: Blühende *Oophytum nanum*. Links daneben steht eine blühende *Crassula colum-naris* subsp. *prolifera* (Afrikaans: sentkannetjie, sinngemäss übersetzt: Pfenningbüchse). Foto: Anthony Mills

Abb. 5:
Blühende
Oophytum
oviforme.
Foto:
Ute Schmiedel



Hülle, um die Anlagen der neuen Blattpaare zu schützen. Als Besonderheit wachsen bei *O. oviforme* die beiden Blattpaare nicht gleichmäßig aus, das Folgeblattpaar bleibt zeitlebens in dem Korpuskel des Primärblattpaares verborgen.

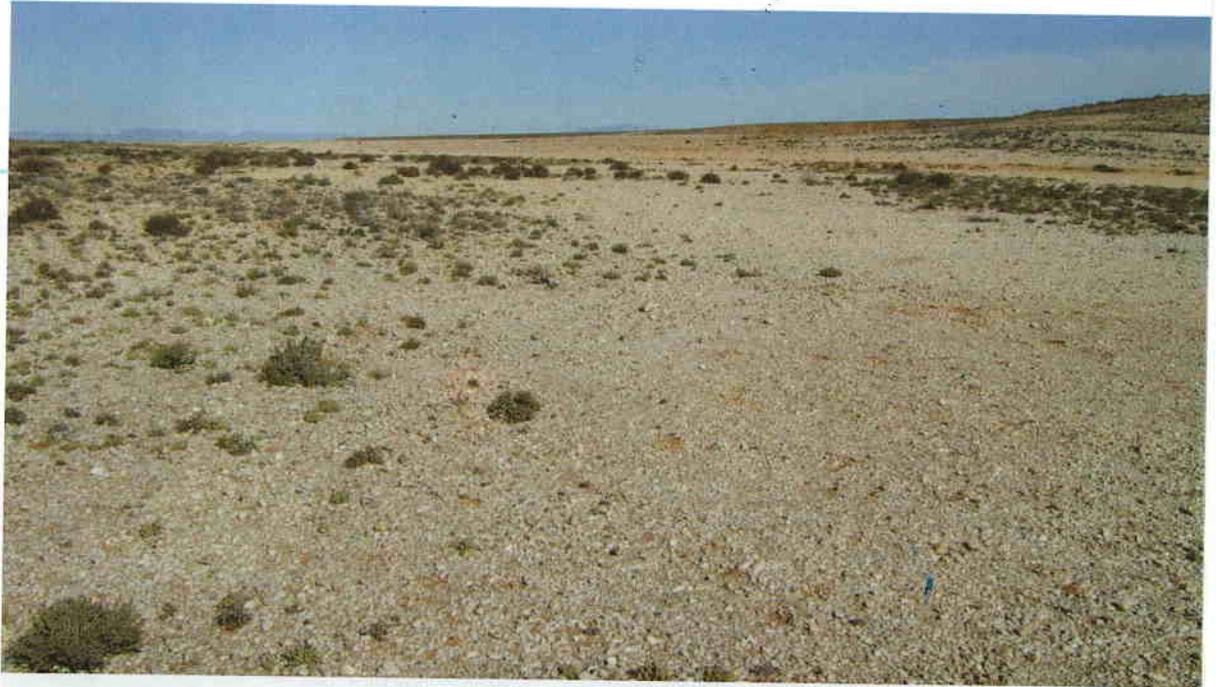
Die Blütenfarbe variiert zwischen weiß und rosa (Abb. 4 & 5); in ihren Blühterminen unterscheiden sich die beiden Arten um etwa vier Wochen. Die Früchte von *Oophytum* sind Kapseln, die sich nur bei Regen öffnen und die Samen verbreiten. *Oophytum nanum* und *O. oviforme* lassen sich durch unterschiedliche Blattpaarform und -größe, die Form und Größe der Frucht und deren Samen unterscheiden. Zudem zeigen beide Arten einen Unterschied in ihren bevorzugten Standorten: *Oophytum nanum* kommt nur auf Flächen vor, die dicht mit feinkörnigem Quarzgrus bedeckt sind (Abb. 6), wohingegen *O. oviforme* Böden mit größeren Quarzsteinen besiedelt (Abb. 7).

Oophytum nanum ist entlang der Nord-Süd-Achse und im Südosten des Verbreitungsgebietes der Gattung angesiedelt, wohingegen *O. oviforme* ausschließlich im

Westen vorkommt. Im Zentrum des Verbreitungsgebietes der Gattung kommen beide Arten nur wenige hundert Meter entfernt voneinander vor. Die Arten wurden bisher allerdings nur aufgrund morphologischer Merkmale unterschieden und bisher nicht näher molekulargenetisch untersucht. Wir stellten uns daher die Frage, ob sich die nahverwandten Arten auch aufgrund von molekularen Merkmalen auf genetischer Ebene unterscheiden lassen.

Material und Methoden

Um herauszufinden, wo sich die *Oophytum*-Populationen in der Knersvlakte genau befinden, haben Anna-Lena Rau und Rika Spamer im Rahmen ihrer Bachelor-Arbeiten an der Universität Hamburg aufgrund der bisherigen Kenntnisse zunächst eine Verbreitungskarte für die beiden Arten erstellt. Anhand der Karte identifizierten wir Wuchsorte, an denen wir Populationen der Arten beproben wollten. Dazu gehörten die Populationen am äußersten Rand des Verbreitungsgebietes und diejenigen, die im Überschneidungsgebiet der beiden Arten *O. nanum* und *O. oviforme* liegen. Außerdem



wollten wir die als ungültig erklärte Art *Oophytum nordenstamii* untersuchen, die in der Nähe der Populationen von *O. oviforme* vorkommt.

Mit Hilfe der Verbreitungskarte machten wir uns auf den Weg in die Knersvlakte, um die Pflanzen zu finden und Proben für die molekularbiologischen Untersuchungen zu sammeln. Dabei wurden wir tatkräftig von Mitarbeitern der örtlichen Naturschutzbehörde Cape Nature unterstützt. Die Suche war erfolgreich, denn wir konnten 29 Populationen beproben, von denen wir 17 Populationen als *O. nanum*, 11 als *O. oviforme* und eine als *O. nordenstamii* identifiziert hatten. In Abb. 8 sind die Fundorte der Populationen erkennbar. Von jeder Population sammelten wir Blätter von jeweils zehn Pflanzen, die für die molekularbiologischen Analysen sofort auf Silikagel getrocknet wurden. Jedoch haben wir nicht nur das Pflanzenmaterial zusammengetragen, sondern auch Koordinaten und einige andere Daten zum Fundort jeder einzelnen Population, wie zum Beispiel die Hangneigung und die Korngröße des Quarzgruses aufgenommen (Abb. 9).

Außerdem haben wir sowohl die Populationsdichte als auch die Entfernung zur nächsten Population vermerkt und Bodenproben genommen.

Als wir wieder in Hamburg angekommen waren, begann die Laborarbeit. Dazu wurden zunächst fünfzehn der Populationen untersucht, und zwar aus den am weitesten voneinander entfernten Ecken des Verbreitungsgebietes und aus dessen Zentrum. Für unsere molekulargenetischen Studien haben wir zwei unterschiedliche Analysemethoden ausgesucht, damit wir die Ergebnisse beider Analysen miteinander abgleichen konnten. Für beide Analysen musste als erstes die DNA aus den pflanzlichen Zellen isoliert und aufgereinigt werden. Dafür benötigt man nur ein kleines Stückchen Blattmaterial pro Pflanze (maximal 0,5 cm x 0,5 cm). Es gibt zahlreiche Methoden zur DNA-Isolierung aus pflanzlichen Organismen. Wir haben eine Methode gewählt, die für sukkulente Pflanzen sehr gut geeignet ist. Die Vorgehensweise der DNA-Isolierung wurde von ELLING & al. (2010) genau beschrieben.

Abb. 6:
Habitat von
Oophytum
nanum nahe
Kareeberg.
Foto:
Anna-Lena Rau



Abb. 7:
Habitat von
Oophytum
oviforme nahe
 Moedverloren.
Foto:
 Anna-Lena Rau

Als erste populationsgenetische Auswertungsmethode wurde das Verfahren der AFLP-Analyse (das steht für Amplified Fragment Length Polymorphism) verwendet, bei der die DNA zunächst mit Hilfe von Enzymen (sog. Restriktionsenzymen) geschnitten wird. Aus den vielen kleinen DNA-Fragmenten werden einzelne DNA-Abschnitte gezielt vervielfältigt und die Größen dieser Fragmente bestimmt. Dafür werden die DNA-Produkte nach ihrer Größe sortiert und aufgetrennt. Jede einzelne Pflanze weist danach ein charakteristisches DNA-Bandenmuster auf. Es handelt sich dabei um einen individuellen genetischen Fingerabdruck der Pflanze. Diese individuellen Bandenmuster können miteinander verglichen werden. Nahe verwandte Arten zeigen sehr ähnliche, wenig verwandte sehr unterschiedliche Muster. Diese Muster können zwischen Individuen, Populationen oder auch zwischen Arten verglichen werden. Mit dieser Methode lassen sich damit genetische Unterschiede und genetische Distanzen sehr eng verwandter Arten oder gar verschiedener

Populationen innerhalb einer Art untersuchen. Die erstmals 1995 beschriebene AFLP-Analyse (Vos et al. 1995) basiert auf einer radioaktiven Methode zur Identifizierung der DNA-Fragmente. Im Laufe der letzten Jahre wurde diese Methode mehrfach optimiert, sodass nun die Detektion der DNA-Produkte und deren Größenbestimmung auf die Base genau automatisch mit Hilfe eines so genannten Sequenzierers erfolgen kann. Die Analysen sind sehr aufwendig und sensibel. Daher haben wir alle Proben zweimal analysiert, und nur Fragmente, die auch reproduzierbar waren, flossen in die populationsgenetische Auswertung ein. Die ausführliche Methode ist in der Bachelorarbeit von Rika SPAMER (2012) beschrieben.

Bei der zweiten Analyse­methode, der Sequenzierung, erhält man die genaue Reihenfolge der Basen in der DNA, den „genetischen Code“, der sich von Art zu Art unterscheiden kann, weil es in einem Organismus im Laufe der Zeit immer wieder zu Mutationen innerhalb oder auch zwischen Genen kommt. Durch den Vergleich dieser

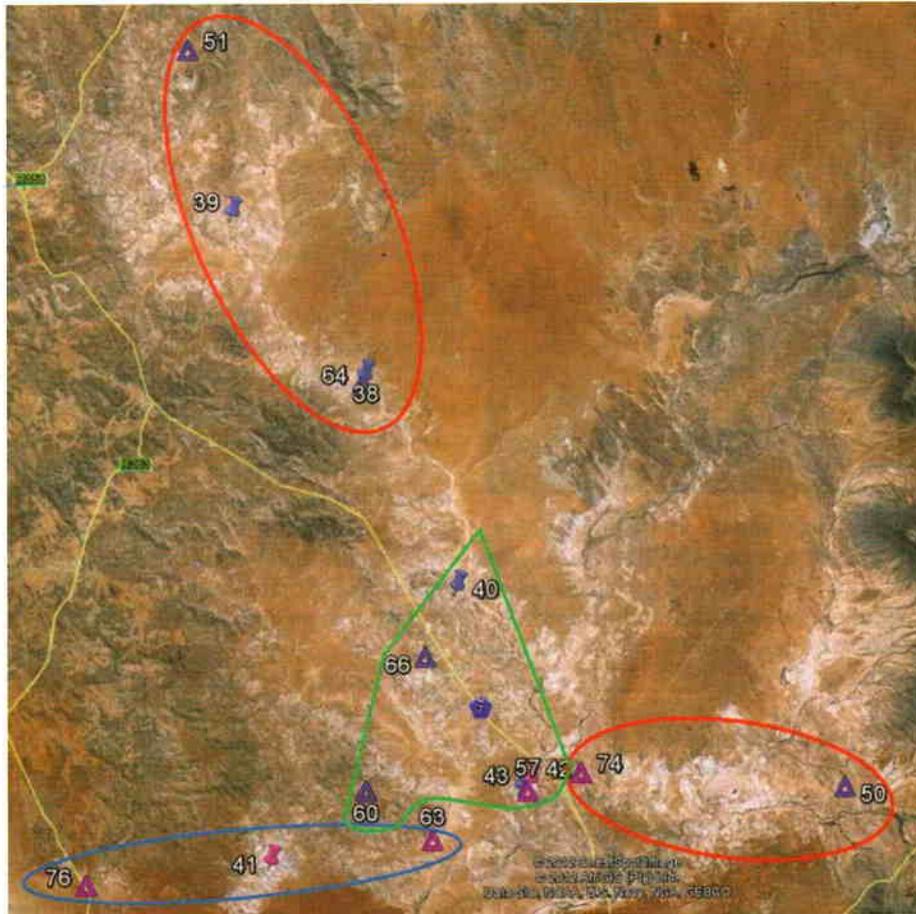


Abb. 8: Karte des Verbreitungsgebietes mit den drei verschiedenen Verwandtschaftsgruppen. Die beiden rot eingekreisten Populationen gehören einer gemeinsamen Gruppe an.

Veränderungen in der Basenabfolge kann man verwandte Arten miteinander vergleichen und genetisch voneinander abgrenzen. Und man kann Stammbäume von Pflanzenfamilien oder Gattungen innerhalb einer Familie erstellen. Bei verschiedenen *Oophytum*-Arten lassen sich damit anhand der Anzahl der Unterschiede in den untersuchten Genen feststellen, wie nah die zwei oder drei Arten der Gattung *Oophytum* miteinander verwandt sind. Auch diese Sequenzanalysen wurden zweimal durchgeführt, indem die Basenabfolge der DNA von vorne und von hinten ermittelt wurde. Weiterführende Informationen zu der Methode und den ausgewählten DNA-Regionen können in der Bachelorarbeit von Anna-Lena RAU (2012) nachgelesen werden.

Aus den molekularbiologisch gewonnenen Informationen haben wir für beide Verfahren Stammbäume über die Verwandtschaftsverhältnisse der *Oophytum*-Populationen erstellt. Für die AFLP-Analysen konnten bisher neun Populationen erfolgreich untersucht werden. In die Sequenzanalysen floss aus den 15 Populationen je ein beprobtes Individuum ein. Um den Stammbaum bewurzeln zu können, wurde die nahverwandte Art *Dicrocaulon prostratum* als so genannte Außengruppe in die Sequenzanalysen integriert. Die Probe wurde aus unserer Aizoaceen-Lebenssammlung in unserem Gewächshaus des Botanischen Gartens Hamburg genommen.

Anschließend haben wir für jede Population die Bodenprobe auf ihren Salzgehalt



Abb. 9:
Aufnahme der
Populationsdaten
durch
Anna-Lena Rau.
Foto:
Ute Schmiedel

hin untersucht und den pH-Wert bestimmt. Zusammen mit den im Feld erhobenen Daten konnten wir einen ersten Überblick über die Bodenbeschaffenheit und die Ansprüche der *Oophytum*-Arten an ihr Habitat gewinnen.

Ergebnisse und Diskussion

Die Ergebnisse der beiden molekularbiologischen Analysen waren sehr überraschend. Aber lassen Sie uns die Auswertung der Ergebnisse anhand von so genannten genetischen Distanzanalysen und Stammbäumen schrittweise ansehen.

Beginnen wir mit den populationsgenetischen AFLP-Analysen. Die Abb. 10 zeigt einen genetischen Distanzbaum mit allen Proben, die analysiert werden konnten. Alle Pflanzen aus derselben Population wurden zur besseren Übersicht mit einer einheitlichen Farbe versehen. Es ist sofort erkennbar, dass fast alle Individuen aus einer Population im Baum auch zusammen gruppieren. Dies ist ein Zeichen dafür, dass die Pflanzen innerhalb der Populationen genetisch ähnlicher sind als Pflanzen aus verschiedenen Populationen. Das Ergebnis ist nicht erstaunlich, wenn man bedenkt, dass *Oophytum* auf einem begrenzten Areal kleiner Quarzflächen wächst, die isoliert wie kleine Inseln in der Landschaft der Knerrsvlakte vorkommen. Damit kann man auch sagen, dass es zwischen den Populationen

nur wenig Genaustausch gibt. Man spricht von einem eingeschränkten Genfluss. Der Genfluss, also der Austausch von genetischem Material, kommt z. B. durch die Übertragung von Pollen oder durch die Ausbreitung von Samen zustande. Würde ein uneingeschränkter Genfluss bestehen, wären die Individuen bunt in einem Distanzbaum verstreut. In unseren Analysen liegt nur eine Probe nicht in ihrer Population (Probe 66-1, Abb. 10). Sie gruppiert am Rand der Population 60. Wir haben diese Pflanzenprobe in der Abbildung mit einem Pfeil versehen. Dieser „Ausreißer“ wurde mehrfach überprüft, es lagen hier aber keine Fehler in der Bearbeitung vor. Diese Pflanze zeigt damit an, dass der Genfluss zwischen den Populationen nicht vollkommen unterbrochen ist. Es kommt also bei *Oophytum* gelegentlich noch zu einem Genaustausch zwischen den Populationen.

In Abb. 10 sind weiterhin einzelne Zweige mit Zahlen versehen. Dies sind sog. „Bootstrap“-Werte, die die Verlässlichkeit der Verzweigung (von 1 bis 100) angeben. Bootstrap-Werte unter 50 gelten als nicht verlässlich und werden nicht im Baum angegeben. Ein Beispiel für nicht ganz geklärte Gruppierungen ist die *O. oviforme*-Population Nr. 57 im oberen Abschnitt des Distanzbaumes. Diese Population liegt im Zentrum des Verbreitungsgebietes, dem Überschneidungsgebiet. Hier wäre es sinnvoll, noch weitere Populationen zu analysieren.

Kommen wir nun aber zu dem überraschenden Ergebnis der populationsgenetischen Analyse: *Oophytum nanum*-Populationen gruppieren mit *O. oviforme*-Populationen und umgekehrt. Die beiden Arten *O. nanum* und *O. oviforme* ließen sich also auf genetischer Ebene nicht voneinander abgrenzen. Das war besonders unerwartet, weil wir die beiden Arten morphologisch sehr gut unterscheiden können.

Wie aussagekräftig sind diese populationsgenetischen Analysen, vor allem, wenn sie im krassen Widerspruch zur Morphologie stehen? Um diese Frage zu klären, haben wir in unserer Studie zwei unab-

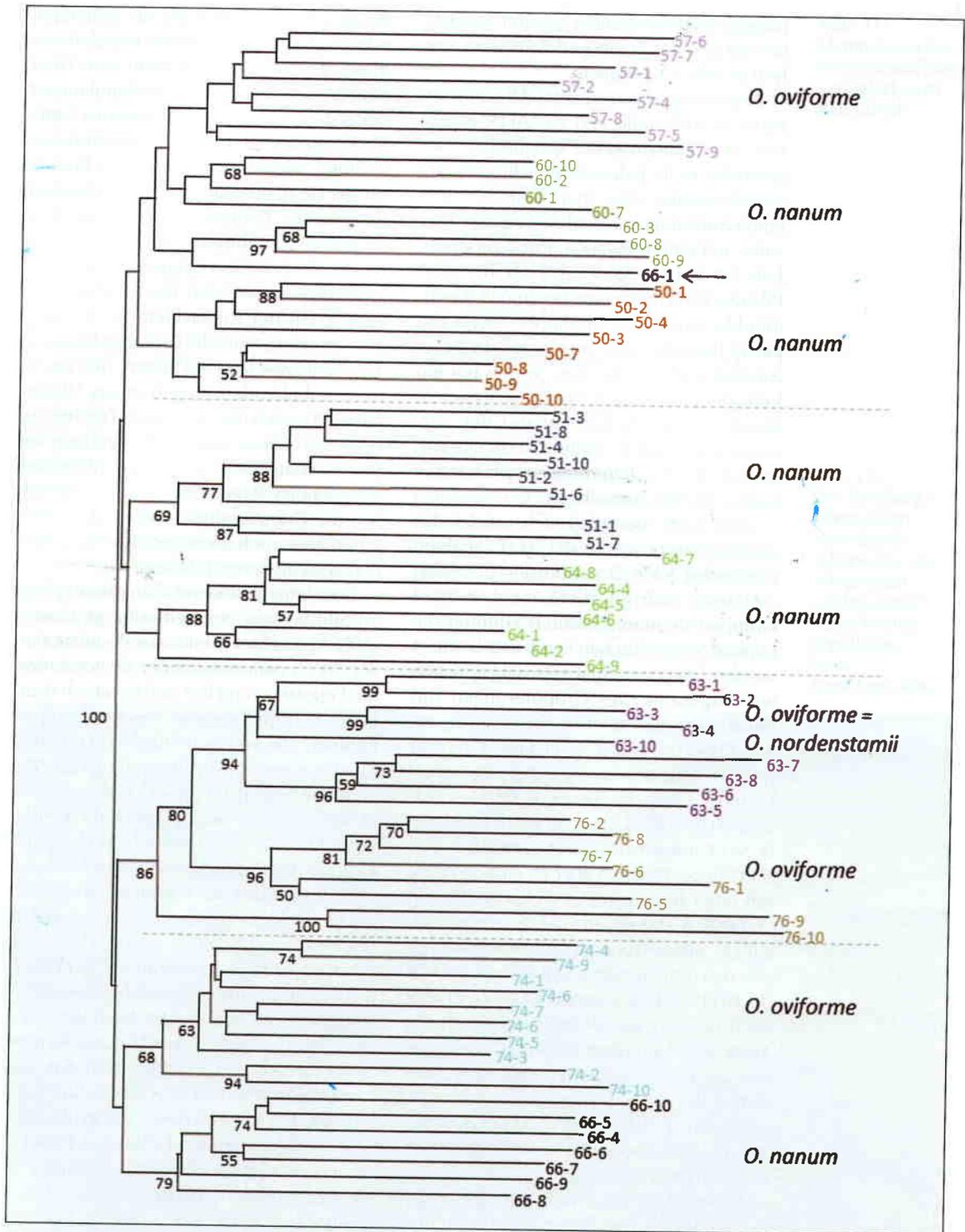


Abb. 10: Distanzbaum der AFLP-Analysen, verändert nach SPAMER (2012).

hängige Analyseverfahren gewählt. Betrachten wir also das Ergebnis der Sequenzanalyse in Abb. 11 genauer.

Sequenzanalysen sind im Allgemeinen nicht so hoch auflösend wie AFLP-Analysen. Hier können keine genetischen Fingerabdrücke für jedes einzelne Individuum erstellt werden. Aber man kann bei einer guten Auflösung der Analyse verschiedene Arten mit einem Fingerabdruck versehen. Jede Art auf der Welt, egal ob Tier oder Pflanze, kann durch eine bestimmte Basenabfolge eines oder mehrerer Gene mit einem Barcode versehen werden. In dieser Analyse reicht es also aus, jeweils nur ein Individuum pro Population zu analysieren, deren Verwandtschaft anhand der Verzweigung im Baum dargestellt ist. Die nah verwandte Art *Dicrocaulon prostratum* bewurzelt den Stammbaum.

Und auch hier zeigt sich wieder das gleiche Muster wie in der AFLP-Analyse. Die beiden Arten *O. nanum* und *O. oviforme* lassen sich genetisch nicht in zwei Gruppen trennen. Dadurch konnten die populationsgenetischen Ergebnisse bestätigt werden. Statt einer Artabgrenzung erhielten wir insgesamt drei Gruppierungen mit moderater Unterstützung der Verzweigungen. Davon enthielten zwei dieser Gruppen jeweils Vertreter beider Arten. Lediglich Gruppe 3 besteht aus *O. oviforme* nach IHLENFELDT (1978). Die von Bolus beschriebene *O. nordenstamii* liegt ebenfalls in dieser Gruppe, lässt sich aber als einzige Probe mit einer hohen Bootstrap-Unterstützung verlässlich abgrenzen. Diese sehr gut gestützte Abgrenzung des *O. nordenstamii* von den restlichen Populationen ist auch in der AFLP-Analyse erkennbar. Das heißt aber auch, dass es mehr genetische Unterschiede zwischen *O. nordenstamii* und *O. oviforme* gibt als zwischen *O. nanum* und *O. oviforme*. Damit konnten wir mit zwei unabhängigen molekularen Methoden nachweisen, dass diese beiden Arten genetisch nicht unterscheidbar sind.

Diese Erkenntnis zwang uns nach anderen Gründen für die morphologischen Unterschiede zu suchen. Vergleicht man

das genetische Muster mit der geographischen Lage der untersuchten Populationen in der Knersvlakte, kann man eine Übereinstimmung erkennen. Die Populationen der ersten Gruppe im Stammbaum hatten ein Verbreitungsmuster mit Nord-Süd-Ausrichtung, wobei die nördlichsten Populationen *O. nanum* sind. Die Populationen der zweiten Gruppe liegen zentral. Eine mögliche Erklärung für die Verbreitungsmuster dieser beiden Gruppen ist die Topographie der Knersvlakte. Die leicht gewellte Landschaft der Knersvlakte ist in flache Täler gegliedert, die die Einzugsgebiete von Trockenflüssen (Riviere) bilden, welche nur nach anhaltendem Regen etwas Wasser führen. Da sich die *Oophytum*-Früchte nur bei Regen öffnen und die Ausbreitung der Samen weitgehend der Fließrichtung des ablaufenden Regenwassers folgt, schränken die Grenzen dieser Täler den genetischen Austausch zwischen den Populationen verschiedener Täler ein.

Die dritte gefundene Gruppierung liegt im Süd-Westen des Verbreitungsgebietes (Abb. 8) und besteht nur aus Populationen der Art *O. oviforme* mit der *O. nordenstamii*-Population und ließ sich genetisch deutlicher von den anderen beiden Gruppen trennen. Die wahrscheinlichste Erklärung für die genetische Abtrennung von den anderen beiden Gruppen ist die geographische Barriere bedingt durch das Fehlen von Quarzflächen. Dadurch ist die dritte Gruppe der Populationen isoliert wie auf einer Insel, umgeben von einer Landschaft, die für die kleinen Quarzflächen-Spezialisten eher unwirtlich ist.

Doch keine der geographischen Faktoren konnte erklären, wie sich bei zwei genetisch nicht zu trennenden Arten verschiedene morphologische Erscheinungsformen ausbilden konnten. Es könnte sein, dass die morphologischen Unterschiede durch die Ausprägung verschiedener Ökotypen entstehen. Ökotypen sind Pflanzen-Populationen, die eigene ökologische Ansprüche an ihre Umwelt entwickelt haben. Es ist dennoch möglich, dass sich die verschiedenen Ökotypen untereinander ohne Ver-

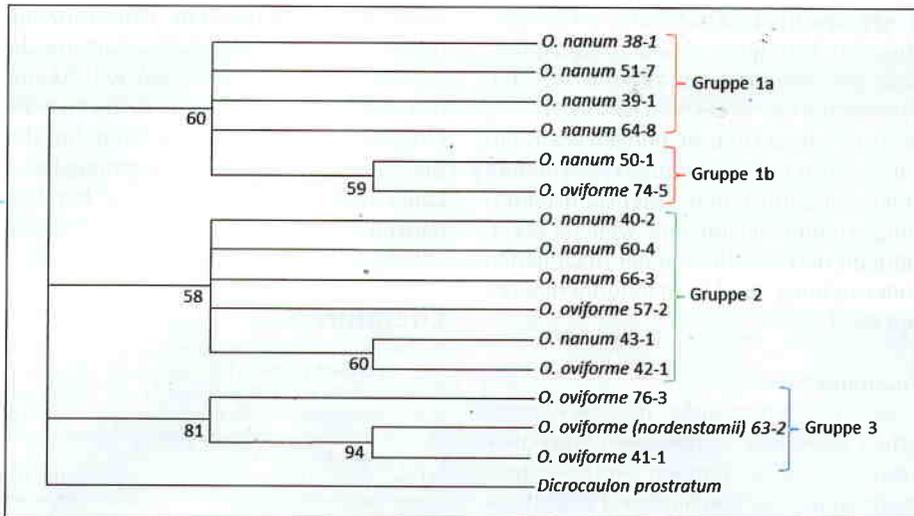


Abb. 11: Stammbaum der Sequenzanalysen, verändert nach RAU (2012).

luste kreuzen können. Ihnen wird keine taxonomische Stellung zugesprochen. Es wäre also möglich, dass die beiden vermeintlichen Arten *O. nanum* und *O. oviforme* unterschiedliche Anpassungen an lokale Standortbedingungen darstellen. Unsere Bodenanalysen ergaben keine signifikanten Unterschiede in der Leitfähigkeit und im pH-Wert, aber die Habitatauf-

nahmen wiesen eine unterschiedliche Hangneigung und Quarzbedeckung auf. Dabei fiel gerade das Habitat von *O. nordenstamii* durch seine besonders starke Hangneigung und besonders grobe Quarzbedeckung auf (Abb. 12). Ob *O. nordenstamii* als eigene Art betrachtet werden sollte, muss noch durch Hinzunahme weiterer Populationen geklärt werden.

Abb. 12: Der Rooiberg – Lebensraum einer fälschlicherweise als „*Oophytum nordenstamii*“ bezeichneten Population. Foto: Anna-Lena Rau



Um sowohl die Entstehung der geographischen Verteilung als auch die Ausbildung der verschiedenen Arten bzw. Ökotypen sicher nachweisen zu können, bedarf es also weiterer Untersuchungen wie Kreuzungsversuche, Keimungsexperimente unter standardisierten Wachstumsbedingungen, einer Hinzunahme weiterer Populationen und vor allem einer detaillierten Untersuchung zu den Standortbedingungen der Taxa.

Zusammenfassung

Somit kann man sagen, dass die erstaunlichen populationsgenetischen Ergebnisse unserer Untersuchungen einige Fragen beantwortet, aber auch neuen Forschungsbedarf aufgezeigt haben. Die Ergebnisse der beiden parallel durchgeführten molekularbiologischen Untersuchungsmethoden lösten bei uns einiges Erstaunen aus. Dass die beiden morphologisch eindeutig voneinander zu unterscheidenden Arten genetisch nicht voneinander zu trennen sind, stellte für uns dabei eine Überraschung dar. Die nächste erstaunliche Erkenntnis war, dass die Populationen sich genetisch in drei verschiedene Gruppen unterteilen lassen, von denen nur eine ausschließlich aus *O. oviforme* besteht, von der sich *O. nordenstamii* deutlich abgrenzt. In den anderen beiden Gruppen sind *O. nanum* und *O. oviforme* gemischt. Den drei Gruppen kann ein geographisches Muster zugeordnet werden. Zwar können wir momentan nur vermuten, was die Gründe für dieses Muster sind, allerdings haben wir mit unseren Untersuchungen einen Ausgangspunkt für die weitere Erforschung dieser spannenden Gattung gesetzt.

Danksagung

Wir möchten hiermit der Deutschen Kakteen-Gesellschaft herzlich für die finanzielle Unterstützung der Bachelorarbeiten von Rika Spamer und Anna-Lena Rau danken. Weiterer Dank gilt auch der Naturschutzbehörde der Westkap-Provinz für die erteilte Forschungsgenehmigung und den Managern des Knervlakte Naturschutzge-

bietes für die freundliche Unterstützung unserer Forschungsaktivitäten. Auch möchten wir unseren technischen Assistentinnen Andrea Jounais, Jutta Kieselbach, Imke Oncken und Anna Maria Vogt für die Betreuung der Arbeiten im molekularen Labor und im Bodenlabor ganz herzlich danken.

Literatur:

- BERTRAM, G. (2004): *Gibbaeum cryptopodium* (Aizoaceae) unter der Lupe. – Kakt. and. Sukk. 55: 57–64.
- BÖSING, B. M. & HAARMEYER, D. H. (2012): Eine Forschungsreise in die Sukkulente-Karoo von Südafrika – ein Abenteuer im Namen des Naturschutzes. – Kakt. and. Sukk. 63: 177–181.
- ELLING, B., BERTRAM, G. & RUDOLPH, B. (2010): The worldwide distribution of the invasive iceplant (*Mesembryanthemum crystallinum* L., Aizoaceae); investigations based on molecular markers. – Schumannia 6/Biodivers. & Ecol. 3: 241–256.
- ETZOLD, S. & SCHMIEDEL, U. (2007): Gefährdung und Wiederherstellung ungewöhnlicher Vegetationstypen in der Sukkulente-Karoo in Südafrika. – Kakt. and. Sukk. 58: 175–181.
- GÉRARD, A. & SCHMIEDEL, U. (2012): Die Ökologie einer faszinierenden Flora der südafrikanischen Trockengebiete. – Kakt. and. Sukk. 63: 141–148.
- IHLENFELDT, H.-D. (1978): Morphologie und Taxonomie der Gattung *Oophytum* N. E. Br. (Mesembryanthemaceae). – Bot. Jahrb. Syst. 99: 303–328.
- RAU, A.-L. (2012): Studies of phylogenetic and phylogeographic patterns of the genus *Oophytum* (N.E.Br.) in the Knervlakte, South Africa. – Bachelorarbeit, Abteilung Biodiversität, Evolution und Ökologie der Pflanzen, Universität Hamburg.
- SCHMIEDEL, U. (1997): Sukkulente Spezialisten auf Quarz. Ein weltweit einzigartiger Standort und seine Bedeutung für die Artenvielfalt in den Trockengebieten des südlichen Afrikas. – Kakt. and. Sukk. 48: 217–220.
- SPAMER, R. (2012): Untersuchung zur genetischen Diversität der Gattung *Oophytum* (N. E. Br.), ein Endemit der Knervlakte, Südafrika. – Bachelorarbeit, Abteilung Biodiversität, Evolution und Ökologie der Pflanzen, Universität Hamburg.
- VOS, P., HOGERS, R., BLEEKER, M., REIJANS, M., VAN DE LEE, T., HORNES, M., FRITERS, A., POT, J., PALEMAN, J., KUIPER, M. & ZABEAU, M. (1995): AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. – Nucl. Acids Res. 23: 4407–4414.

Anna-Lena Rau, Rika Spamer,
Barbara Rudolph & Ute Schmiedel
Biozentrum Klein Flottbek und
Botanischer Garten
Universität Hamburg
Ohnhorststraße 18
22609 Hamburg
Deutschland