



universität
wien

DIPLOMARBEIT

Titel der Diplomarbeit

„*Ailanthus altissima* Swingle – Ein Naturschutzproblem?

Vegetationsökologie, Evaluation allelopathischer Effekte
und naturschutzfachliche Kritik.“

verfasst von

Dario Güldner

angestrebter akademischer Grad

Magister der Naturwissenschaften (Mag.rer.nat.)

Wien, 2013

Studienkennzahl lt. Studienblatt:

A 444

Studienrichtung lt. Studienblatt:

Diplomstudium Ökologie

Betreut von:

ao. Univ.-Prof. Dr. Franz Hadacek

Inhaltsverzeichnis

Inhaltsverzeichnis.....	2
1. Einleitung.....	6
2. Untersuchungsgebiet	8
3. Material und Methoden.....	9
3.1 Vegetationsökologische Methoden	9
3.1.1 Auswahl der Untersuchungsgebiete	9
3.1.2 Vegetationsaufnahmen.....	10
3.1.3 Datenverarbeitung und Klassifikation.....	11
3.2. Untersuchungspflanzen und Probenkollektion.....	12
3.3 Phytochemische Methoden	13
3.3.1 Lösungsmittel	13
3.3.2 Extraktion	13
3.3.3 Chromatographische Methoden.....	13
3.3.3.1 GC-MS – Gaschromatographie mit Massenspektrometrie-Kopplung	13
3.3.3.2 HPLC - High Performance Liquid Chromatography	14
3.3.4 Datenverarbeitung und Datenanalyse	15
3.3.4.1 GC-MS.....	15
3.3.4.2 HPLC	16
3.3.5 Statistik.....	16
4. Charakterisierung der Untersuchungsflächen	19
4.1 Untersuchungsfläche 1.....	19
4.1.1 Aufnahme­fläche 108	20
4.1.2 Aufnahme­fläche 114	21
4.1.3 Aufnahme­fläche 124	22
4.2 Untersuchungsfläche 5.....	23
4.2.1 Aufnahme­fläche 502	24
4.2.2 Aufnahme­fläche 505	25
4.2.3 Aufnahme­fläche 507	26
4.3 Untersuchungsfläche 8.....	27
4.3.1 Aufnahme­fläche 803 & 806	28
4.3.2 Aufnahme­fläche 811 & 812	29

4.4 Untersuchungsfläche 9.....	30
5. Ergebnisse	32
5.1 <i>Asarum europaeum</i>	33
5.1.1 Extrakte der Laubblätter	34
5.1.1.1 GC-MS Analyse	34
5.1.1.2 HPLC-Analyse.....	36
5.1.2 Extrakte der Wurzeln	38
5.1.2.1 GC-MS Analyse	38
5.1.2.2 HPLC-Analyse.....	40
5.2 <i>Galanthus nivalis</i>	42
5.2.1 Extrakte der Laubblätter	43
5.2.1.1 GC-MS Analyse	43
5.2.1.2 HPLC-Analyse.....	45
5.2.2 Extrakte der Wurzeln	47
5.2.2.1 GC-MS Analyse	47
5.2.2.2 HPLC-Analyse.....	49
5.3 <i>Impatiens noli-tangere</i>	51
5.3.1 Extrakte der Laubblätter	52
5.3.1.1 GC-MS Analyse	52
5.3.1.2 HPLC-Analyse.....	55
5.3.2 Extrakte der Wurzeln	58
5.3.2.1 GC-MS Analyse	58
5.3.2.2 HPLC-Analyse.....	61
5.4 <i>Impatiens parviflora</i>	65
5.5.1 Extrakte der Laubblätter	66
5.5.1.1 GC-MS Analyse	66
5.5.1.2 HPLC-Analyse.....	68
5.5.2 Extrakte der Wurzeln	70
5.5.2.1 GC-MS Analyse	70
5.5.2.2 HPLC-Analyse.....	72
5.5 <i>Solidago gigantea</i>	74
5.5.1 Extrakte der Laubblätter	75

5.5.1.1 GC-MS Analyse	75
5.5.1.2 HPLC-Analyse.....	77
5.5.2 Extrakte der Wurzeln	79
5.5.2.1 GC-MS Analyse	79
5.5.2.2 HPLC-Analyse.....	81
5.6 <i>Vitis vinifera</i> ssp. <i>sylvestris</i>	83
5.6.1 Extrakte der Laubblätter	84
5.6.1.1 GC-MS Analyse	84
6. Diskussion.....	88
7. Literaturverzeichnis.....	94
8. Abbildungsverzeichnis.....	96
9. Tabellenverzeichnis	100
10. Appendix.....	102
10.1 Probenmaterial.....	102
10.1.1 <i>Asarum europaeum</i> – Laubblätter	102
10.1.2 <i>Asarum europaeum</i> – Wurzeln	103
10.2.1 <i>Galanthus nivalis</i> – Laubblätter.....	104
10.2.2 <i>Galanthus nivalis</i> – Wurzeln.....	105
10.3.1 <i>Impatiens noli-tangere</i> – Laubblätter	106
10.3.2 <i>Impatiens noli-tangere</i> – Wurzeln.....	107
10.4.1 <i>Impatiens parviflora</i> – Laubblätter	108
10.4.2 <i>Impatiens parviflora</i> – Wurzeln.....	109
10.5.1 <i>Solidago gigantea</i> – Laubblätter	110
10.5.2 <i>Solidago gigantea</i> – Wurzeln	111
10.6.1 <i>Vitis vinifera</i> ssp. <i>sylvestris</i> – Laubblätter	112
10.2 Massenspektren	113
10.3 Vegetationstabelle – 1. Aufnahmereihe	118
10.4 Vegetationstabelle – 2. Aufnahmereihe	119
Zusammenfassung.....	120
Abstract	122
Danksagung	124
Curriculum vitae	125

1. Einleitung

Bäume prägen eine Vielzahl terrestrischer Ökosysteme und wirken direkt auf die sie begleitende Lebewelt ein. Die dabei auftretenden Interaktionen zwischen Baum und der ihn umgebenden Biosphäre reichen von makroskopischen Effekten bis hin zu chemischen Signalen. Der Begriff der Allelopathie – als die biochemische Interaktion zwischen höheren Pflanzen – wurde 1937 von Hans Molisch geprägt, der gleichermaßen zwischen positiven und negativen Effekten unterschied. Der Ausgang dieser biochemischen Interaktionen ist jedoch niemals eindeutig, sondern in ihrer Wirkung von der Dosis der auslösenden Stoffe, den Allelochemikalien, abhängig.

Allelochemikalien sind häufig Produkte des pflanzlichen Sekundärstoffwechsels. Sie sind in der Regel als Ausdruck biotischer Interaktionen zu verstehen und werden ebenso als chemische Verteidigung sessiler Organismen – wie die Bäume es sind – interpretiert. Die Diversität pflanzlicher Sekundärstoffe bewirkt nicht nur eine Fülle von Interaktionen und Signalkaskaden (Hadacek 2002, 2011), sondern kann auch direkten Einfluss auf die Zusammensetzung und Diversität von Pflanzengesellschaften ausüben, wobei neben hemmender Wirkung auch Biodiversitäts-stimulierende Effekte auftreten können (Iason 2005).

Erkenntnisinteresse dieser Arbeit ist die Beantwortung der Frage, ob und in welcher Weise der Agriophyt *Ailanthus altissima* Swingle im Nationalpark Donauauen Auswirkungen auf die Begleitvegetation hat und in welcher Relation diese Auswirkungen zu den Effekten anderer Baumarten auf die Begleitvegetation zu interpretieren sind. Von Seiten des Nationalparks Donauauen werden *A. altissima* „die biologische Vielfalt bedrohende“¹ Eigenschaften zugeschrieben, weshalb die „Eindämmung des aggressiven Neophyten“ angeregt wird (Drescher 2005). Ob der Agriophyt *A. altissima*, dessen allelopathische Effekte durch diverse Studien belegt werden konnten (Lawrence 1991, Heisey 1996), Biodiversität zerstört oder

¹ Übernommen aus der offiziellen WEBPAGE des Nationalparks Donauauen, online unter: URL: http://www.donauauen.at/?area=nature&subarea=flora&category=trees&story_id=15937 zuletzt abgerufen am 29.9.2013

doch eher eine Bereicherung der Ökosysteme bedeutet, soll im Zuge dieser Arbeit weiter untersucht werden.

Im Rahmen dieser Forschungsfrage stehen sowohl die Auswirkungen von *A. altissima* und anderer Baumarten auf die Zusammensetzung der Vegetation als auch deren Auswirkungen auf die Stoffwechselprofile der begleitenden Arten der Unterwuchsvegetation im Vordergrund der Untersuchung. Um diesem Forschungsvorhaben nachzukommen wurde auf vegetationsökologische Methoden einerseits und phytochemischen Methoden (*metabolomic profiling*) andererseits zurückgegriffen.

2. Untersuchungsgebiet

Das Untersuchungsgebiet der vorliegenden Studie umfasste den gesamten Bereich des Nationalparks Donauauen (Abb. 2.1). Der Nationalpark Donauauen erstreckt sich östlich von Wien bis zur Mündung der March westlich von Bratislava über eine Fläche von 9.300 Hektar.² Die Nationalpark Donauauen, gegründet im Jahre 1996, definiert sich als „die größte zusammenhängende, ökologisch weitgehend intakte und naturnahe Aulandschaft dieser Art in Mitteleuropa“³ und gilt seit 1997 als Nationalpark nach der Kategorie II der IUCN (*International Union for Conservation of Nature*)⁴.



Abb. 2.1: Nationalpark Donauauen.⁵

² Übernommen aus wikipedia, online unter: URL: http://de.wikipedia.org/wiki/Nationalpark_Donau-Auen zuletzt abgerufen am 29.09.2013.

³ Übernommen aus der offiziellen WEBPAGE des Nationalparks Donauauen, online unter: URL: <http://www.donauauen.at/?area=nationalpark&subarea=numbers> zuletzt abgerufen am 29.09.2013.

⁴ Ebenda.

⁵ Übernommen aus wikipedia, online unter: URL: http://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/5/5a/Karte_nationalpark_donau_auen.png zuletzt abgerufen am 29.09.2013.

3. Material und Methoden

3.1 Vegetationsökologische Methoden

3.1.1 Auswahl der Untersuchungsgebiete

Eine Erstbegehung des Untersuchungsgebietes und grobe Sondierung nach geeigneten Aufnahmeflächen erfolgte im Zeitraum von März bis April 2006 in Kooperation mit Iris Wagner (Wagner 2009). Die Untersuchungsgebiete wurden zunächst subjektiv nach folgenden Kriterien ausgewählt:

- homogenes Kleinrelief mit geringen Geländeunterschieden
- *Ailanthus altissima* in einem Teil der Untersuchungsfläche und eine (oder mehrere) andere Baumart(en) im direkt angrenzenden Bereich
- homogene Vegetationsbestände, die hinsichtlich ihrer Struktur ein einheitliches Erscheinungsbild zeigen

Eine möglichst hohe Vergleichbarkeit der Vegetationsaufnahmen und der anschließenden chemischen Untersuchungen war somit gewährleistet. Die Verortung der Untersuchungsflächen erfolgte mit Hilfe von GPS (Abb. 3.1).

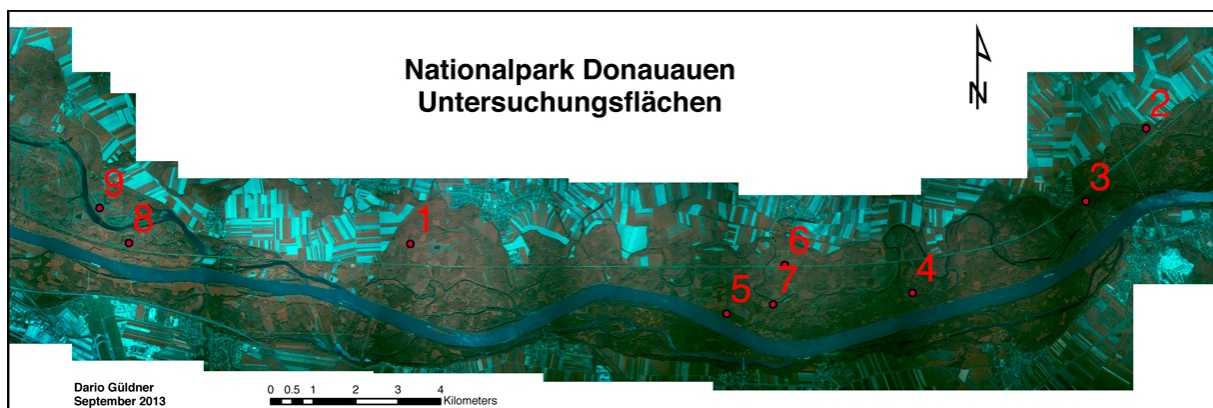


Abb. 3.1: Untersuchungsflächen im Nationalpark Donauauen. Quelle: Nationalpark Donauauen GmbH.

3.1.2 Vegetationsaufnahmen

Im Laufe der Vegetationsperiode 2006 wurden zwei Aufnahmereihen an zwei verschiedenen Zeiträumen (vom 1.05. bis zum 12.05.2006 und vom 16.06. bis zum 28.06.2006) zu jeweils 73 und 82 Vegetationsaufnahmen durchgeführt. Dementsprechend konnte eine annähernde floristische Vollständigkeit des Aufnahmемaterials erreicht werden. Lediglich die Untersuchungsfläche 9 wurde nur einmalig zum zweiten Aufnahmezeitraum kartiert. Die erste Aufnahmereihe erfasst den Frühjahrsaspekt der kartierten Vegetationseinheiten und somit die Gilde der Frühjahrsgeophyten. Die zweite Aufnahmereihe spiegelt eine realistischere Abbildung der Deckungsverhältnisse der Baumarten wider und erfasst den (Früh)Sommeraspekt der kartierten Vegetationseinheiten.

Die Aufnahmeflächen wurden über das jeweilige Untersuchungsgebiet in Form eines systematischen Rasters (10 x 10 m) gelegt und dessen Eckpunkte mit Holzpflöcken vermarktet. Die Flächengröße wurde auf 100 m² pro Aufnahmefläche festgelegt, um den Anforderungen des Minimumareals für den Unterwuchs in Waldökosystemen gerecht zu werden. Eine Flächengröße von 100 m² bietet außerdem den Vorteil, die Schätzflächen zu je 1 m² Flächengröße aufzuteilen und dadurch die Schätzung der Artmächtigkeit zu erleichtern (vgl. Traxler 1998).

Die qualitative Erfassung der Vegetation und Nomenklatur der Gefäßpflanzenarten orientiert sich an der „*Exkursionsflora von Österreich*“ (Adler et al. 1994). Darüber hinaus wurden die „*Pflanzensoziologische Exkursionsflora*“ (Oberdorfer 2001) und die „*Exkursionsflora von Deutschland*“ (Jäger & Werner 2000) zur Artbestimmung verwendet.

Die quantitative Erfassung der Vegetation, getrennt nach Vegetationsschichten (Straten), erfolgte anhand einer veränderten siebenteiligen Abundanz-Dominanz-Skala nach Braun-Blanquet (1951, 1964) (Tab. 3.1). Die vorkommenden Pflanzenarten wurden in einer Artenliste aufgelistet und deren Deckungsgrad für jedes Stratum separat aufgenommen. Dabei wurde zwischen Krautschicht (0-1 m), Strauchschicht (1-5 m), untere Baumschicht (5-15 m) und obere Baumschicht (15-30 m) unterschieden. Epiphyten (*Loranthus europaeus*, *Viscum album* ssp. *album*) wurden dem jeweiligen Stratum zugeordnet. Eine Kryptogamenschicht wurde nicht erfasst.

Tab. 3.1: Veränderte siebenteilige Abundanz-Dominanz-Skala nach Braun-Blanquet (1951, 1964).

Abundanz	Deckung (%)
r	
+	<1
1	1-5
2	5-25
3	25-50
4	50-75
5	75-100

Die Ermittlung der Vegetationsdeckung folgte der Methode der visuellen Deckungsschätzung in Teamarbeit mit Iris Wagner, wodurch subjektive Schätzfehler möglichst gering gehalten bzw. das Übersehen seltener Arten vermieden werden konnte (vgl. Traxler 1998).

3.1.3 Datenverarbeitung und Klassifikation

Die Dateneingabe der Vegetationsaufnahmen erfolgte über die Eingabemaske des Programms VEGI (Reiter 1998), in dem das Fortran-Programm TWINSpan (*two way indicator species analysis*) integriert ist. TWINSpan wurde zur Analyse von Vegetationstabellen entwickelt (Hill 1979). TWINSpan führt ein hierarchisch-divisives Klassifikationsverfahren durch, welches auf wiederholte Korrespondenzanalysen (CA) und anschließender „verbesserter Ordination“ (*refined ordination*) basiert. Arten, die klare Präferenzen in den Ordinationen zeigen, werden als Indikatorarten ausgewiesen (Leyer & Wesche 2007). Für jede Aufnahmereihe wurde eine TWINSpan-Analyse durchgeführt und in Form einer nach Aufnahmen und Indikatorarten geordneten Vegetationstabelle dargestellt (siehe Appendix).

Die Gruppen der TWINSpan-Analyse wurden anschließend nach pflanzensoziologischen Kriterien klassifiziert und Assoziationen nach Willner & Grabherr (2007) zugeordnet.

3.2. Untersuchungspflanzen und Probenkollektion

Als Probepflanzen wurden fünf krautige Pflanzen und eine Liane (*Vitis vinifera* ssp. *sylvestris*) ausgewählt.

- *Asarum europaeum* L. ssp. *europaeum* (Aristolochiaceae)
- *Galanthus nivalis* L. (Amaryllidaceae)
- *Impatiens noli-tangere* L. (Balsaminaceae)
- *Impatiens parviflora* DC. (Balsaminaceae)
- *Solidago gigantea* Aiton (Asteraceae)
- *Vitis vinifera* ssp. *sylvestris* (C.C. Gmel.) Hegi (Vitaceae)

Für alle Analysen wurden pro Spezies und Aufnahme­fläche jeweils 10 Pflanzen entnommen. Jede Aufnahme­fläche charakterisiert eine Baumart (Probengruppe). Pro Probengruppe und betreffender Aufnahme­fläche wurden die 10 Individuen der zu untersuchenden Spezies im Umkreis von 0 bis 2 Meter der betreffenden Baumart gesammelt. Es wurde darauf geachtet, dass eine Mindestentfernung von 10 Metern zwischen den verschiedenen Probengruppen eingehalten wurde. Durch die unmittelbare Nähe zu dem betreffenden Baum kann davon ausgegangen werden, dass sich das Probeindividuum im Bereich der Laubstreu und im Kontakt mit dem Wurzelsystem des Baumes befand.

Proben ganzer Pflanzen wurden am 19.07.2006 (*Impatiens noli-tangere* und *Impatiens parviflora*), am 21.08.2006 (*Asarum europaeum*, *Solidago gigantea*) und am 15.09.2006 (*Vitis vinifera* ssp. *sylvestris*) im Nationalpark Donauauen in den korrespondierenden Beobachtungsflächen gesammelt, von Erde und Verunreinigungen befreit und anschließend an der Universität Wien am Department für Chemische Ökologie bei -20 °C bis zur weiteren Verarbeitung aufbewahrt. Proben von *Galanthus nivalis* wurden im Folgejahr am 11.03.2007 gesammelt und wie oben beschrieben behandelt.

3.3 Phytochemische Methoden

3.3.1 Lösungsmittel

Alle verwendeten Lösungsmittel hatten p.A. Qualität. Methanol (CHROMASOLV, for HPLC, $\geq 99.9\%$) für die Extraktion und HPLC-Analytik stammte von Sigma-Aldrich, Schnelldorf, Deutschland. Destilliertes Wasser (H_2O) wurde in Milli-Q-Qualität (Millipore, Bedford, MA, USA) hergestellt.

3.3.2 Extraktion

Jeweils ca. 200 – 500 mg Laubblätter bzw. Wurzeln der jeweiligen Probepflanze wurden zur Extraktion verwendet. Eine detaillierte Auflistung der korrespondierenden Frischgewichte ist dem Appendix zu entnehmen. Die abgewogene Pflanzenprobe wurde in flüssigem Stickstoff in einem Mörser zerrieben und das dabei entstehende Pflanzenmaterial, noch im gefrorenen Zustand, über einen Trichter in 2 ml Eppendorf-Mikroreaktionsgefäße transferiert. Das Probematerial wurde folglich mit 1,5 ml Methanol p.A. und 50 μ l H_2O versetzt und im Wasserbad 15 Minuten lang bei 60°C erwärmt.

Im Anschluss daran wurden die 2 ml Eppendorf-Mikroreaktionsgefäße 5 Minuten bei 4 °C mit 13.000 rpm zentrifugiert. Der Überstand des erhaltenen Extrakts wurde über Watte filtriert und in Autosampler-vials zur nachfolgenden Gewichtsbestimmung transferiert. Das gewonnene methanolische Extrakt wurde 24 Stunden unter Vakuum auf einem SpeedVac getrocknet und in der Folge auf 10^{-1} mg genau abgewogen (siehe Appendix). Die getrockneten Extrakte wurden in Methanol p.A. (10 mg/ml) gelöst und für 5 Minuten in ein Ultraschallbad gestellt. Bis zur weiteren Analyse wurden die Proben bei -20 °C aufbewahrt.

Nach erfolgter Extraktion wurden die verwendeten Pflanzenteile 72 Stunden bei 60 °C getrocknet und in Folge dessen das Trockengewicht ermittelt (siehe Appendix).

3.3.3 Chromatographische Methoden

3.3.3.1 GC-MS – Gaschromatographie mit Massenspektrometrie-Kopplung

Für die GC-MS-Analyse wurden 100 μ l der Ausgangsextrakte (10 mg/ml Methanol p.A.) in Autosampler-vials mit Mikroprobeneinsätzen transferiert, auf einem SpeedVac zur genauen Gewichtsbestimmung getrocknet und anschließend auf eine Konzentration von 4 mg/ml

(Oxymierungsreagenz : Sylilierungsreagenz = 1 : 1, v/v) eingestellt. Hierfür wurden die getrockneten Proben zunächst mit einer Methoxyaminlösung (20 mg/ml Methoxyamin-Hydrochlorid in Pyridin [beide von Sigma-Aldrich, Buchs, Schweiz]) als Oxymierungsreagenz versetzt und 24 Stunden bei Raumtemperatur inkubiert, um die Derivatisierungsreaktion in verschlossenen *Autosampler-vials* ablaufen zu lassen. Eine Stunde vor Analysebeginn wurde der Probe das Sylilierungsreagenz N-Methyl-N-(trimethylsilyl)trifluoroacetamid (MSTFA, Pierce, Rockford, IL, USA) hinzugefügt.

Die Analyse erfolgte auf einem Gaschromatographen (AutoSystem XL, Perkin Elmer, Waltham, MA, USA) und einem daran gekoppelten Quadrupol-Massenspektrometer (TurboMass, Perkin Elmer, Waltham, MA, USA) (Temperatur: *transfer-line* 280 °C, Ionenquelle 200 °C, Filament 70 eV, *TIC mode* 40-620 amu). Als Trägergas fungierte Helium bei einer konstanten Flussrate von 0.8 ml/min. Als chromatographische Säule diente eine Zebron 5 MS (18 m × 0.18 mm, 0.18 µm) (Phenomenex, Torrance, CA, USA). Das Injektionsvolumen betrug 0.5 µl (*splitless mode*). Der Temperaturgradient begann bei einer Ofentemperatur von 70 °C und stieg nach 3 Minuten mit 3 °C/min auf 300 °C an. Die Analysedauer betrug 90 Minuten. Als Software zur Steuerung und Datenverarbeitung wurde Turbomass 4.1.1 (Perkin Elmer, Waltham, MA, USA) verwendet.

3.3.3.2 HPLC - High Performance Liquid Chromatography

Für die HPLC-Analyse wurden 200 µl der Ausgangsextrakte (10 mg/ml Methanol p.A.) in Autosampler-vials mit Mikroprobeneinsätzen transferiert. Die chromatographische Analyse erfolgte auf einem Dionex Summit System (Dionex, Sunnyvale, CA, USA) mit einem Famos Autosampler (LC Packings, Amsterdam, Niederlande). Als Trennsäule wurde eine C18 (150 x 2 mm) Synergi Max (Phenomenex, Torrance, CA, USA) mit einem Partikeldurchmesser von 4 µm und einer Porengröße von 80 Ångström verwendet. Das Injektionsvolumen betrug 5 µl.

Die chromatographische Auftrennung der Extrakte erfolgte über 120 Minuten bei einer Ofentemperatur von 40°C und einer konstanten Flussrate von 0.2 ml/min.

Die Zusammensetzung der mobilen Phase folgte einem linearen Lösungsmittelgradienten (Gradientenelution), beginnend mit 100% des Lösungsmittels A (H₂O : CH₃OH : H₃PO₄ = 95 : 5 : 0.5, v/v/v). Nach den ersten 2 Minuten wurde der Anteil des Lösungsmittels B (CH₃OH) 98

Minuten lang linear auf 100% erhöht. Danach wurde weitere 20 Minuten mit 100% Lösungsmittel B eluiert. UV-Spektren wurden im Bereich von 229 – 598 nm mit einem Photodiodenarraydetektor (DAD) aufgezeichnet. Als Software zur Datenverarbeitung wurde Chromeleon 6.7 (Dionex, Sunnyvale, CA, USA) verwendet.

3.3.4 Datenverarbeitung und Datenanalyse

Insgesamt wurden 762 Messungen von 402 verschiedenen Proben durchgeführt, wobei 402 Messungen auf die GC-MS und 360 Messungen auf die HPLC entfallen. Die aufgezeichneten Messungen wurden je nach Spezies und Organ in gesonderten Datenmatrizen zusammengefasst (GC-MS 11; HPLC 10).

3.3.4.1 GC-MS

Alle Chromatogramme wurden mit Turbomass 4.1.1 bearbeitet; detektierte Peaks wurden im Zeitraum von 15 bis 89 Minuten integriert. Es wurden für alle Datensätze die gleichen Integrationsparameter angewendet. Peaks mit einer relativen Flächengröße unter 1% wurden nicht integriert. Die Basislinie wurde, sofern notwendig, manuell nachkorrigiert.

Retentionszeiten und jeweilige Flächengröße der Peaks wurden in einem Tabellenkalkulationsprogramm einzeln gespeichert, da eine Sicherung Chromatogramm-spezifischer Daten in Turbomass 4.1.1 nicht möglich ist. Um eine bessere Vergleichbarkeit der Chromatogramme untereinander zu gewährleisten, wurden die Peak-Flächengrößen in relative Prozentwerte umgewandelt. Die normierten Peaks der verschiedenen Chromatogramme wurden anhand ihrer Retentionszeiten und Massenspektren einander zugeordnet und in Datenmatrizen zusammengefasst. Aus den Retentionszeiten identischer Peaks wurde der Mittelwert errechnet, um die Zuordnung innerhalb des Datensatzes zu erleichtern. Fehlende Werte wurden durch 0.01 imputiert.

Eine tentative Interpretation der Massenspektren der Analyten erfolgte unter Zuhilfenahme laborinterner und der kommerziellen Spektrenbibliotheken NIST 1.5 (NIST, Gaithersburg, MD, USA) und Wiley 6th Edition (John Wiley & Sons, Hoboken, NJ, USA). Eine Auflistung der identifizierten Massenspektren ist im Appendix dokumentiert.

3.3.4.2 HPLC

Alle Chromatogramme wurden mit Chromeleon 6.7 bearbeitet. Die bei 229 nm detektierten Peaks wurden im Zeitraum von (1.5) 10 - 120 Minuten integriert. Es wurden für alle Datensätze die gleichen Integrationsparameter *maximum area reject* und *valley to valley* angewendet. Die durch die verwendete Integrationsmethode entstandenen Verschiebungen der Basislinie bei schlecht aufgelösten Peaks wurden manuell korrigiert (*drop-Methode*). Reiter-Peaks und die dazugehörige Abschälfunktion wurden für jeden Reiter-Peak manuell festgelegt, sofern die relative Peakfläche des Reiter-Peaks $\geq 1\%$ war. Zur möglichst realistischen Annäherung an die tatsächliche Peakfläche, wurden die Reiter-peaks exponentiell abgeschält.

Detektierte Peaks der verschiedenen Chromatogramme wurden anhand ihrer Retentionszeiten und UV-Spektren einander zugeordnet und unter Verwendung der relativen Peak-Flächengröße in Datenmatrizen zusammengefasst. Fehlende Werte wurden durch 0.01 imputiert.

3.3.5 Statistik

Die statistischen Analysen erfolgten mit Hilfe der freien Software R 3.0.1 (R Development Core Team, 2013) unter Verwendung der Pakete *FactoMineR*, *MASS*, *MVA* und *vegan* 2.0-8. Zur Ermittlung und Darstellung der Ähnlichkeitsverhältnisse zwischen den Proben Gruppen wurden die Verfahren der Hauptkomponentenanalyse (PCA, *Principal Component Analysis*) und der Nicht-metrisch Multidimensionalen Skalierung (NMDS) angewandt. Die Hauptkomponentenanalyse wurde mit Hilfe des *FactoMineR*-Paketes durchgeführt. Die Nicht-metrische Multidimensionale Skalierung (NMDS) und alle folgenden Analysen wurden unter Zuhilfenahme des *vegan*-Paketes durchgeführt. Als quantitatives Ähnlichkeitsmaß wurde der Bray-Curtis (Steinhaus) Koeffizient zur Berechnung der Ähnlichkeitsmatrix herangezogen.

Die NMDS ist ein rangbasiertes Verfahren, dass die Beziehung zwischen den Objekten auf Basis der Rangfolge, die sich aus den paarweisen Distanzen zwischen den Objekten ergeben, im wenigdimensionalen Raum abbildet (Leyer & Wesche 2007). Dabei werden die Objekte zunächst zufällig im n-dimensionalen Ordinationsraum verteilt und deren Anordnung mit der

ursprünglichen Ähnlichkeitsmatrix verglichen. Diese Lagebeziehung lässt sich durch ein Shepard-Diagramm graphisch darstellen (Abb. 3.2) und ist im Idealfall monoton steigend ($R^2=1$), d.h. die Distanzen der Objekte im Ordinationsraum korrelieren mit den Distanzen in der ursprünglichen Ähnlichkeitsmatrix. Das quantitative Maß für die Güte der Ordination in der NMDS ist der sogenannte Stress, der die Abweichung der errechneten Lagebeziehungen von einer idealen monoton steigenden Beziehung beschreibt (Leyer & Wesche 2007).

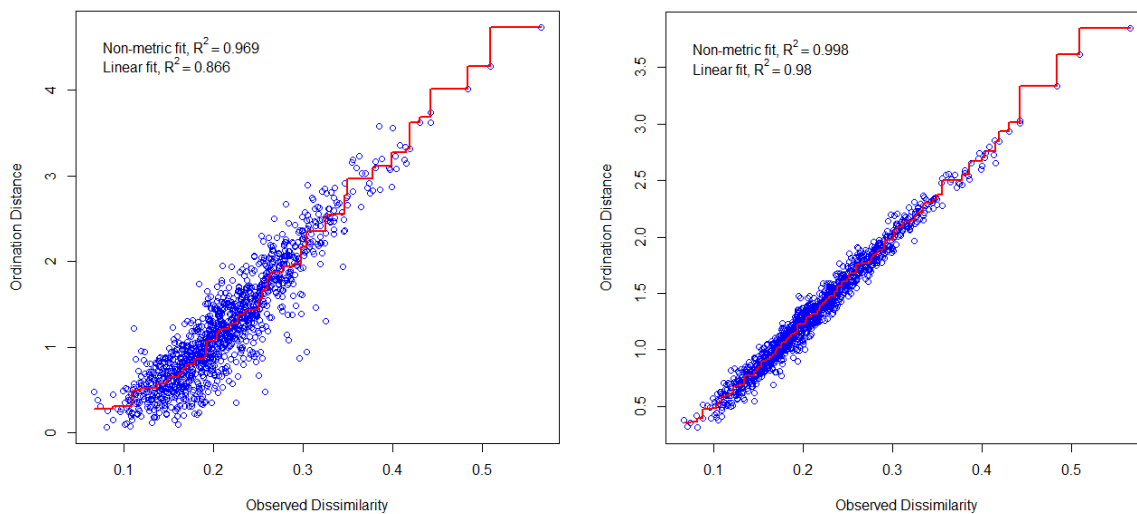


Abb. 3.2: Shepard Diagramm einer zwei-dimensionalen Lösung (links, in weiterer Folge als A bezeichnet) und einer fünf-dimensionalen Lösung (rechts, in weiterer Folge als B bezeichnet) des *Impatiens noli-tangere* HPLC-Datensatzes der Laubblätter.

Durch das schrittweise Ausprobieren möglichst vieler Startkonfigurationen, in der vorliegenden Arbeit max. 200, wird versucht eine Anordnung der Objekte im Ordinationsraum zu ermitteln, deren Stress möglichst gering ist (globales Minimum). Zunächst wurde mit einer Berechnung einer zwei-dimensionalen Lösung begonnen und die Anzahl der Dimensionen (Achsen) solange erhöht bis ein möglichst geringer Stresswert ermittelt wurde (Abb. 3.3). Anschließend wurde eine Lösung mit möglichst starker Stressabnahme und möglichst wenigen Dimensionen gewählt.

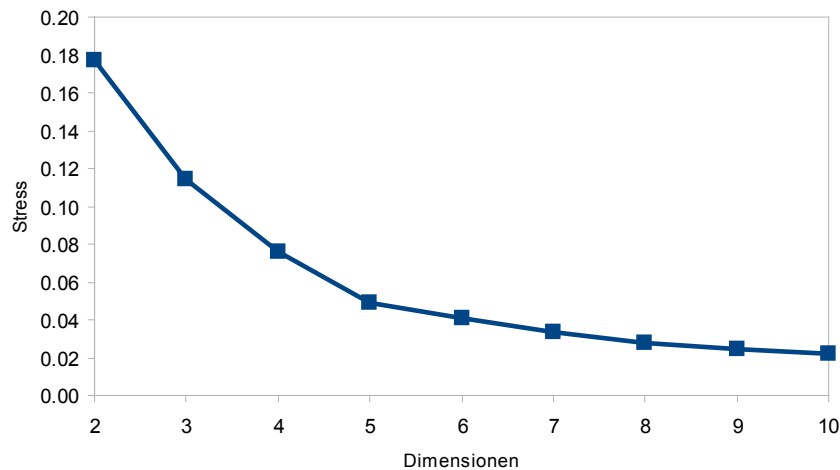


Abb. 3.3: Vergleich der Stresswerte n-dimensionaler Lösungen. Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) des *Impatiens noli-tangere* HPLC-Datensatzes der Laubblätter.

Die Ähnlichkeitsmatrix diene ebenfalls als Grundlage für die im Folgenden angeführten Analysen. Um die Datensätze auf Gruppenbildung hin zu testen wurde eine hierarchische Clusteranalyse nach der *average-linkage* Methode ausgeführt. Des Weiteren wurde mittels Ähnlichkeitsanalysen (ANOSIM) und (perMANOVA) getestet, ob die Gesamtvarianz der Datensätze eher auf die Varianz zwischen den Probengruppen oder vielmehr auf die Varianz innerhalb der Probengruppen zurückzuführen ist.

Die Datensätze wurden außerdem einer perMANOVA (nach McArdle & Anderson 2001, Anderson 2001) unterzogen, um die Homogenität der Gruppen (*multivariate homogeneity of groups dispersions*) hinsichtlich der Variabilität der Objekte innerhalb und zwischen den Probengruppen zu überprüfen. Dem *Impatiens noli-tangere* Datensatz wurde zusätzlich zu dem kategorischen Faktor „Probengruppen“ ein weiterer kategorischer Faktor „Autyp“ gegenübergestellt.

4. Charakterisierung der Untersuchungsflächen

4.1 Untersuchungsfläche 1

(Vegetationsaufnahmen 101 bis 128)

Untersuchungsfläche 1 befand sich in südöstlicher Richtung von Orth an der Donau (vgl. Abb. 3.1). Die Vegetationsaufnahmen der Untersuchungsfläche 1 können dem *Fraxino-Ulmetum* subass. *caricetosum albae* (Oberd. 1957) („Lindenau“ sensu Jelem 1974) zugeordnet werden (nach Willner & Grabherr 2007), weisen allerdings bereits Übergangsmerkmale zum *Carici-albae Tilietum cordatae* Müller & Görs 1958 (Weißseggen-Stieleichen-Winterlindenwald) auf. Es handelt sich dabei um Bestände, die sich im Zuge von Regulierungsmaßnahmen und der damit zusammenhängenden Absenkung des Grundwasserspiegels durch die Sohleneintiefung der Donau aus Beständen des *Fraxino-Ulmetum* subass. *caricetosum albae* entwickelt haben (nach Willner & Grabherr 2007). Der untersuchte Bestand ist bereits seit der Errichtung des Marchfelddamms von den episodischen Hochwässern der Donau abgeschnitten.

Die Baumschicht ist artenreich und erreicht hohe Deckungswerte. In dem beschriebenen Bestand dominiert *Tilia cordata*. Weitere Arten der oberen Baumschicht waren *Acer campestre*, *Ailanthus altissima*, *Betula pendula*, *Carpinus betulus*, *Fraxinus excelsior*, *Populus alba* bzw. *P. x canescens*, und *Quercus robur*. Die untere Baumschicht ist spärlich ausgeprägt und wird in diesem Bereich von *Acer campestre* dominiert, dazu treten *Pyrus pyraister* und einzelne Exemplare von *Crataegus monogyna* sowie Arten, die in der oberen Baumschicht vertreten sind. Die Strauchschicht ist gut entwickelt und sehr artenreich, wobei einige Exemplare diverser Straucharten im *Fraxino-Ulmetum* einen baumförmigen Wuchs zeigen können und bis in die untere Baumschicht reichen (vgl. Mucina et al. 1993). Die Krautschicht erreicht weitgehend hohe Deckungswerte und weist, im Gegensatz zu der gesellschaftstypischen Ausprägung des *Fraxino-Ulmetum* (vgl. Mucina et al. 1993), eine relativ hohe Diversität auf (siehe Appendix, Vegetationstabellen).

In den folgenden Unterkapiteln werden die für die Probenentnahme ausgewählten Aufnahmeflächen auf Basis der Fotodokumentation präsentiert.

4.1.1 Aufnahme­fläche 108

Quercus robur L.



Abb. 4.1: Aufnahme­fläche 108. *Quercus robur* innerhalb des Quadranten rechts im Bild. Foto: Dario Güldner

Jeweils 10 Exemplare von *Asarum europaeum*, *Galanthus nivalis* und *Impatiens noli-tangere* wurden in der direkten Umgebung des Baumes (Abb. 4.1 rechts im Bild) entnommen.

4.1.2 Aufnahme­fläche 114

Ailanthus altissima Swingle



Abb. 4.2: Aufnahme­fläche 114. *Ailanthus altissima* im Quadranten rechts im Bild. Foto: Iris Wagner

Jeweils 10 Exemplare von *Asarum europaeum*, *Galanthus nivalis* und *Impatiens noli-tangere* wurden in der direkten Umgebung des Baumes (Abb. 4.2 rechts im Bild) entnommen.

4.1.3 Aufnahme­fläche 124

Tilia cordata Mill.



Abb. 4.3: Aufnahme­fläche 124. Mehrere Individuen von *Tilia cordata*. Foto: Dario Güldner

Jeweils 10 Exemplare von *Asarum europaeum* und *Galanthus nivalis* wurden in direkter Nähe des Baumes (Abb. 4.3 links im Bild) entnommen.

4.2 Untersuchungsfläche 5

(Vegetationsaufnahmen 501 bis 508)

Untersuchungsfläche 5 befand sich in unmittelbarer Nähe zum Hauptstrom (vgl. Abb. 3.1) und ist somit den periodisch auftretenden Überflutungen bei Hochwasserständen ausgesetzt. Die Vegetationsaufnahmen der Untersuchungsfläche 5 konnten dem *Fraxino-Ulmetum* Tx. Ex. Oberd. 1953 zugeordnet werden, wobei es sich um eine typische Ausprägung der Gesellschaft handelt.

Die in der obersten Baumschicht vorhandenen Exemplare von *Quercus robur* und *Populus nigra* waren die ältesten Bäume dieses Auwaldabschnitts, mit Stammdurchmessern von mehr als einem Meter. Weitere Arten der oberen Baumschicht waren *Ailanthus altissima*, *Fraxinus excelsior* und *Juglans regia*. Arten der oberen Baumschicht sowie baumförmige Exemplare der Strauchschicht prägten die untere Baumschicht. Die dominierenden Arten der Krautschicht in diesem Auwaldabschnitt waren *Allium ursinum* sowie *Impatiens noli-tangere* und *I. parviflora* (vgl. Vegetationstabelle – 1. Aufnahmereihe).

4.2.1 Aufnahme­fläche 502

Ailanthus altissima Swingle



Abb. 4.4: Aufnahme­fläche 502. *Ailanthus altissima* im Quadranten (in der Mitte des Bildes). Foto: Dario Güldner

Jeweils 10 Exemplare von *Impatiens noli-tangere* und *Impatiens parviflora* wurden in direkter Nähe des Baumes (Abb. 4.4) entnommen.

4.2.2 Aufnahme­fläche 505

Juglans regia L.



Abb. 4.5: Aufnahme­fläche 502. *Juglans regia* im Quadranten. Foto: Dario Güldner

Jeweils 10 Exemplare von *Impatiens noli-tangere* und *Impatiens parviflora* wurden in direkter Nähe des Baumes (Abb. 4.5 links im Bild) entnommen.

4.2.3 Aufnahme­fläche 507

Quercus robur L.



Abb. 4.6: Aufnahme­fläche 507. *Quercus robur* im Quadranten. Foto: Dario Güldner

Jeweils 10 Exemplare von *Impatiens noli-tangere* und *Impatiens parviflora* wurden in direkter Nähe des Baumes (Abb. 4.6) entnommen.

4.3 Untersuchungsfläche 8

(Vegetationsaufnahmen 801 bis 812)

Untersuchungsfläche 8 befindet sich westlich von Schönau (vgl. Abb. 3.1) im abgedämmten Bereich des Nationalparks Donauauen. Die Vegetationsaufnahmen dieses Bestandes konnten dem *Fraxino-Populetum* Jurka 1958 zugeordnet werden. Aufgrund der fehlenden Flussschiffahrt weist die Kraut- und vor allem die Strauchschicht bereits Anzeichen einer Sukzessionsfolge hin zum *Fraxino-Ulmetum* auf (nach Willner & Grabherr 2007). Die obere Baumschicht der beschriebenen Vegetationseinheit ist entweder von *Ailanthus altissima* oder von *Populus alba* geprägt. Beide Baumarten bildeten in der beschriebenen Vegetationseinheit monodominante Bestände. Die Krautschicht wurde von *Solidago gigantea* dominiert. Dementsprechend wurde diese Art für die weiteren phytochemischen Untersuchungen ausgewählt. Die Vegetationsaufnahmen dieser Untersuchungsfläche sind im Appendix dokumentiert.

4.3.1 Aufnahmefläche 803 & 806

Ailanthus altissima Swingle



Abb. 4.7: Aufnahmefläche 803. Foto: Dario Güldner

Pro Aufnahmefläche wurden jeweils 10 Exemplare von *Solidago gigantea* in der direkten Umgebung eines Exemplars von *A. altissima* (Abb. 4.7) entnommen.

4.3.2 Aufnahme­fläche 811 & 812

Populus alba L.



Abb. 4.8: Aufnahme­fläche 812. Foto: Dario Güldner

Pro Aufnahme­fläche wurden jeweils 10 Exemplare von *Solidago gigantea* in der direkten Umgebung von *P. alba* (Abb. 4.8) entnommen.

4.4 Untersuchungsfläche 9

(Vegetationsaufnahmen 901 bis 909)

Untersuchungsfläche 9 nimmt eine Sonderstellung bezüglich den anderen Untersuchungsflächen ein, da es sich um kein einheitliches Aufnahmeraster handelt. Aufgrund der erstaunlich hohen Abundanz von *Vitis vinifera* ssp. *sylvestris* (Abb. 4.10) in dem vermarkten, monodominanten Bestand von *Ailanthus altissima* (Abb. 4.9, AA, oben links), fiel die Entscheidung diese Art in die Studie mit einzubeziehen, erst im Zuge der laufenden Aufnahmetätigkeiten. Nach Sondierung des umliegenden Gebietes wurden geeignete Referenzflächen mit weiteren Exemplaren von *V. vinifera* ssp. *sylvestris* gefunden (siehe Abb. 4.9, REF). Die kartierten Vegetationsaufnahmen der Untersuchungsfläche 9 sind im Appendix, Vegetationstabelle – 2. Aufnahmereihe dokumentiert.

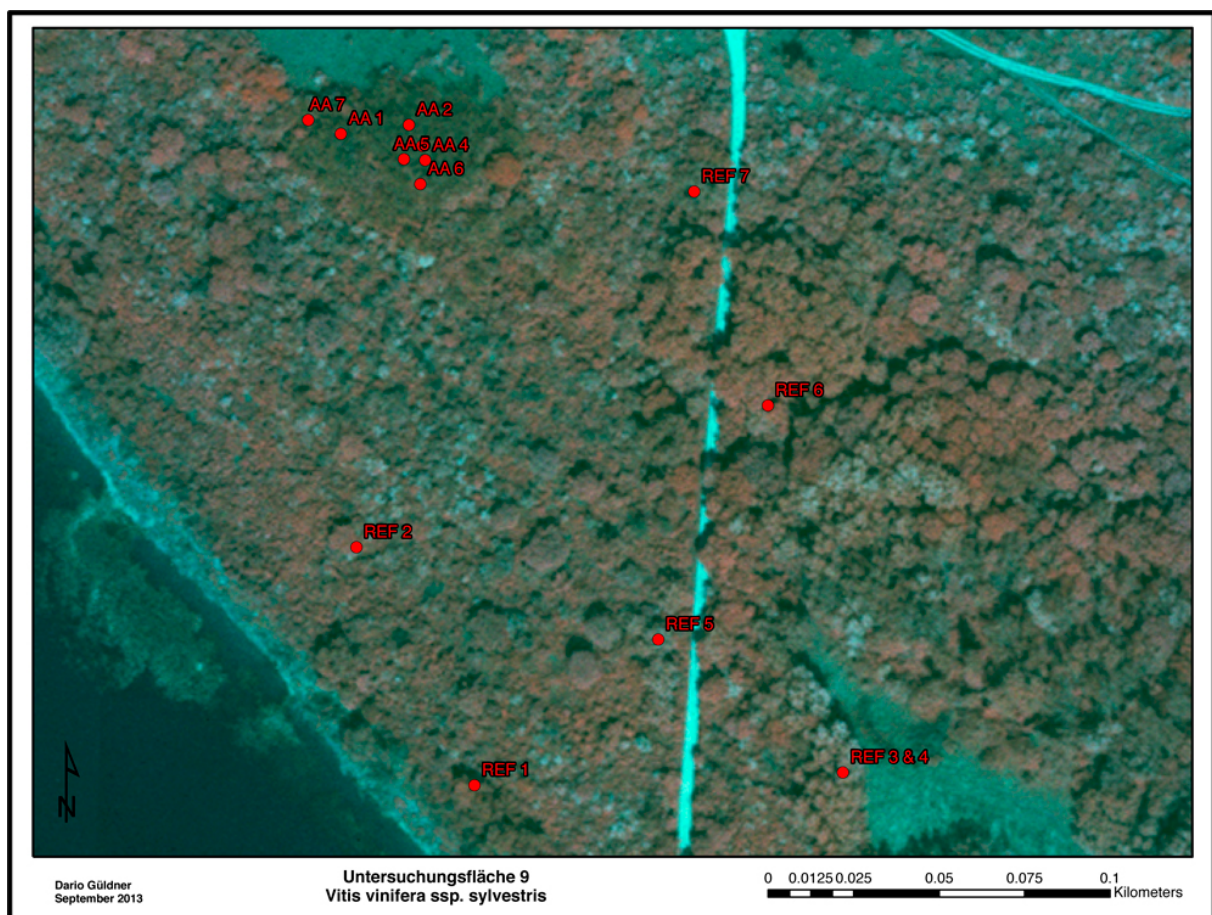


Abb. 4.9: Luftbildaufnahme des Gebietes westlich von Schönau. Untersuchungsfläche 9. (AA) *Ailanthus altissima*. (REF) Referenzflächen. Quelle: Nationalpark Donauauen GmbH.



Abb. 4.10: *V. vinifera* ssp. *sylvestris* mit *Ailanthus altissima* als Trägerbaum. Foto: Dario Güldner



Abb. 4.11: Entnahme einer Probe von *V. vinifera* ssp. *sylvestris* in Referenzfläche 3 & 4. Foto: Dario Güldner

5. Ergebnisse

In diesem Abschnitt werden die mittels chromatographischer Verfahren untersuchten Proben auf Gruppenbildung und Ähnlichkeit mittels beschriebener statistischer Methoden (siehe Kap. 3) überprüft. Die folgenden Unterkapitel sind nach Pflanzenart, entsprechenden Organen (Laubblätter bzw. Wurzeln) und chromatographischer Analysemethoden gegliedert.

Auf die 21 Datensätze wurden jeweils die beiden Ordinationsverfahren der Hauptkomponentenanalyse (PCA) und der Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) angewandt. Die Ellipsen in den Ordinationen beschreiben ein 95%-iges Konfidenzintervall um die Zentroide der Probengruppen. Hierarchische Clusteranalyse (HCA), nichtparametrische Ähnlichkeitsanalyse (ANOSIM) und perMANOVA (*Permutational Multivariate Analysis of Variance*) basieren auf dieselbe Ähnlichkeitsmatrix (Bray-Curtis), die für die NMDS verwendet wurde.

Die ANOSIM und perMANOVA geben die Effektstärke R^2 , die Auskunft über die Größe eines Effekts (Faktors) gibt und die statistische Signifikanz durch den p-Wert an. Die Effektstärke ist eine dimensionslose Zahl im Bereich von -1 bis +1 (ANOSIM), wobei ein Wert von Null oder nahe Null keinen Effekt des betreffenden Faktors bedeuten. Die perMANOVA gibt die Effektstärke als % der erklärten Variation an.

Ausschließlich für die Untersuchung von *Vitis vinifera* ssp. *sylvestris* wurden drei Wiederholungen pro Probepflanze unter Verwendung drei verschiedener Laubblätter derselben Pflanze chromatographisch analysiert, woraus sich die Bezeichnungen der jeweiligen Probengruppe ergeben (A = 1. Wiederholung, B = 2. Wiederholung, C = 3. Wiederholung).

Nicht näher identifizierte Metaboliten wurden als „peak + Retentionszeit“ angegeben. Sofern Abbildungen paarweise dargestellt sind, bezeichnet (A) die linke und (B) die rechte Abbildung.

5.1 *Asarum europaeum*



Foto: Dario Güldner

5.1.1 Extrakte der Laubblätter

5.1.1.1 GC-MS Analyse

Die Ergebnisse der PCA der GC-MS-Proben der Laubblattextrakte von *A. europaeum* sind in Abbildung 5.1 dargestellt. Die erste Hauptkomponente (Dim 1) erklärt 30.22% und die zweite Hauptkomponente (Dim 2) 17.01% der Gesamtvarianz. Die Gruppen „*Quercus robur* 108“ und „*Ailanthus altissima* 114“ sind, bis auf wenige Ausreißer, einigermaßen deutlich über die erste Hauptkomponente getrennt. Der Korrelation-Loadings-Plot (Abb. 5.1, B) verdeutlicht, dass Fructose (peak36.298, peak36.642) und Glucose (peak37.088, peak37.500) sowie Saccharose (peak57.875) am stärksten zur ersten Hauptkomponente beitragen. Myo-Inosit (peak42.623) und Dopamin (peak42.754) korrelieren positiv mit der zweiten Hauptkomponente, differenzieren aber die untersuchten Gruppen nicht weiter. Die Lage der Probe 124_10 erklärt sich durch den hohen relativen Gehalt an Galactose (peak36.765).

Tab. 5.1: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.

	Dist	Dim.1	cos2	v.test	Dim.2	cos2	v.test
<i>Ailanthus altissima</i> 114	1.911	-1.775	0.862	-2.898	-0.075	0.002	-0.163
<i>Quercus robur</i> 108	2.203	2.063	0.877	3.368	0.307	0.019	0.668
<i>Tilia cordata</i> 124	1.182	-0.288	0.059	-0.470	-0.232	0.039	-0.505

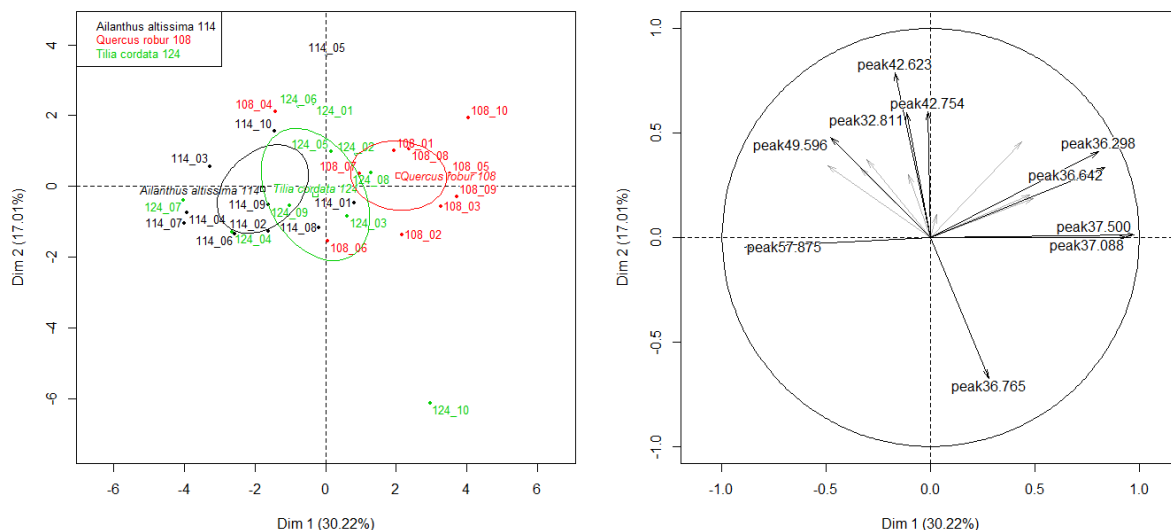


Abb. 5.1: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.

Im Vergleich zur PCA führt die NMDS (Abb. 5.2) zu einer weniger starken Unterscheidung der Proben Gruppen, verdeutlicht aber analog zur PCA die Heterogenität innerhalb der Gruppen. Die ANOSIM belegt die Unähnlichkeit zwischen den Gruppen „*Ailanthus altissima* 114“ und „*Quercus robur* 108“ (Abb. 5.3, B), wobei die Effektstärke relativ gering ist ($R^2 = 0.261$, $p = 0.002$).

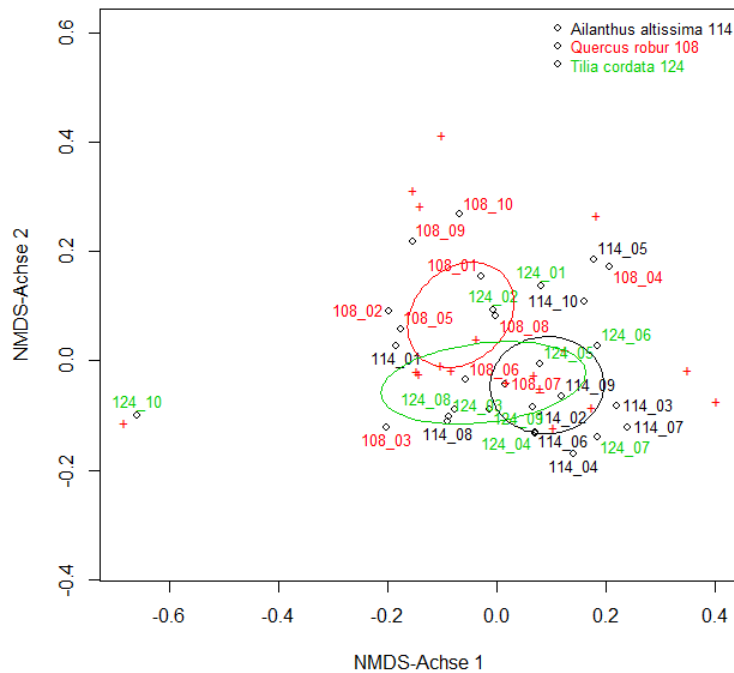


Abb. 5.2: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der GC-MS-Proben der Laubblattextrakte von *Asarum europaeum*. 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.0449671.

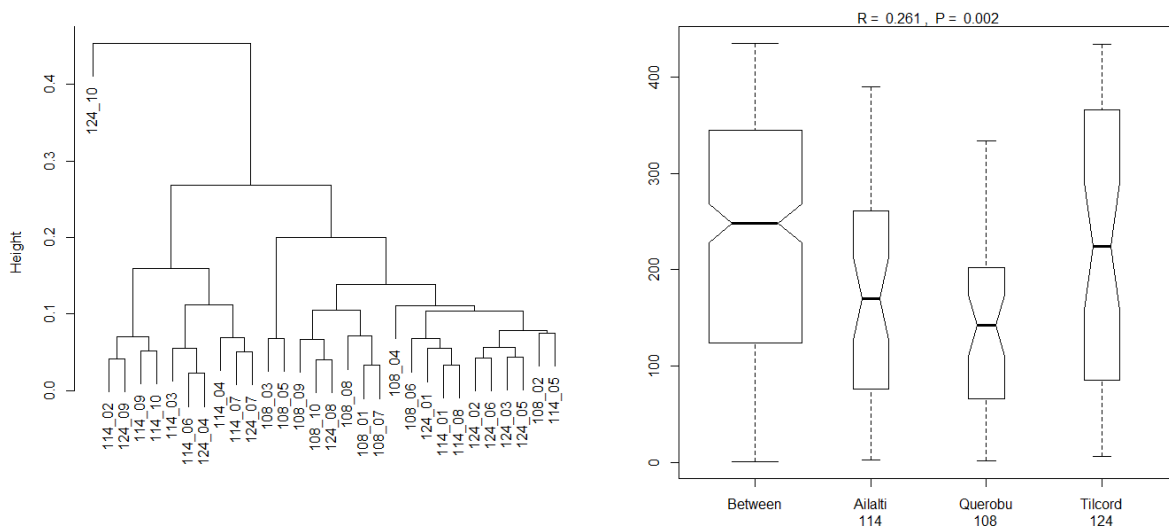


Abb. 5.3: (A) Hierarchische Clusteranalyse (average-linkage). (B) Boxplot der ANOSIM.

5.1.1.2 HPLC-Analyse

Die Ergebnisse der PCA der HPLC-Proben der Laubblattextrakte von *A. europaeum* sind in Abbildung 5.4 dargestellt. Die erste Hauptkomponente (Dim 1) erklärt 19.16% und die zweite Hauptkomponente (Dim 2) 12.18% der Gesamtvarianz. peak5.403, peak22.953 und peak23.852 bestimmen die Ausrichtung der ersten Hauptkomponente am stärksten. Eine Unterscheidung der Probengruppen bezüglich der ersten Hauptkomponente ist jedoch nicht gegeben. Zwischen den Gruppen „*Quercus robur* 108“ und „*Tilia cordata* 124“ ist eine deutliche Abgrenzung über die zweite Hauptkomponente zu erkennen (vgl. Tab. 5.2). Die Gruppe „*Ailanthus altissima* 114“ erscheint heterogen verteilt und lässt sich nicht klar von den übrigen Gruppen abgrenzen (vgl. Abb. 5.6).

Tab. 5.2: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.

	Dist	Dim.1	cos2	v.test	Dim.2	cos2	v.test
<i>Ailanthus altissima</i> 114	2.209	0.133	0.004	0.175	-0.308	0.019	-0.506
<i>Quercus robur</i> 108	2.660	-1.224	0.212	-1.605	-2.100	0.623	-3.455
<i>Tilia cordata</i> 124	3.097	1.091	0.124	1.430	2.408	0.604	3.961

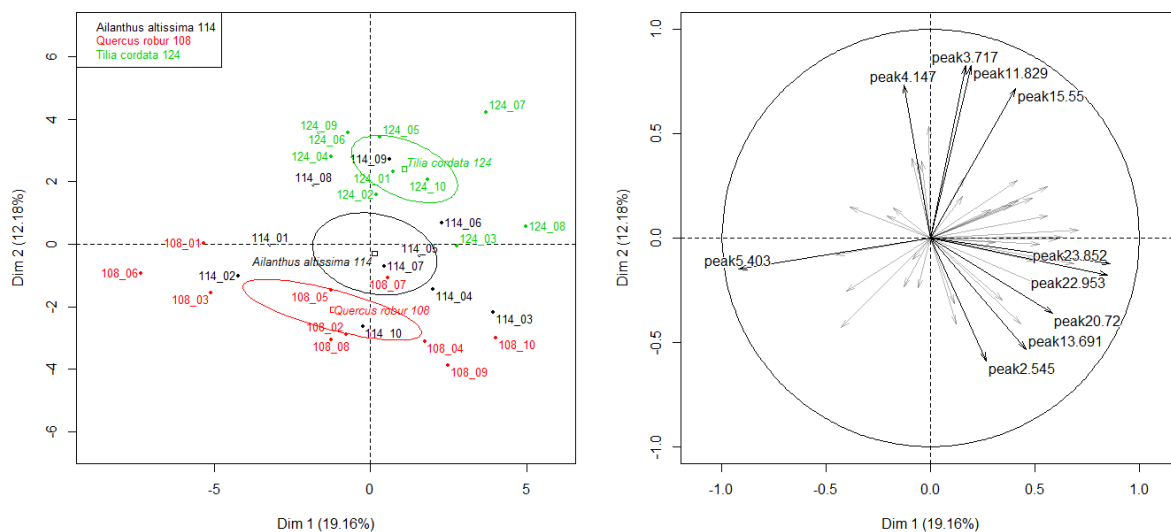


Abb. 5.4: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.

Im Unterschied zur PCA differenziert die NMDS (Abb. 5.5) zwischen der Gruppe „*Quercus robur* 108“ und den übrigen Gruppen stärker und resultiert in einer weniger starken Segmentierung der Gruppen. Die ANOSIM (Abb. 5.6, B) ergab signifikante Unähnlichkeit zwischen den Gruppen ($R^2 = 0.363$, $p = 0.001$), wobei die Gruppe „*Tilia cordata* 124“ sich von den übrigen Gruppen am stärksten unterscheidet.

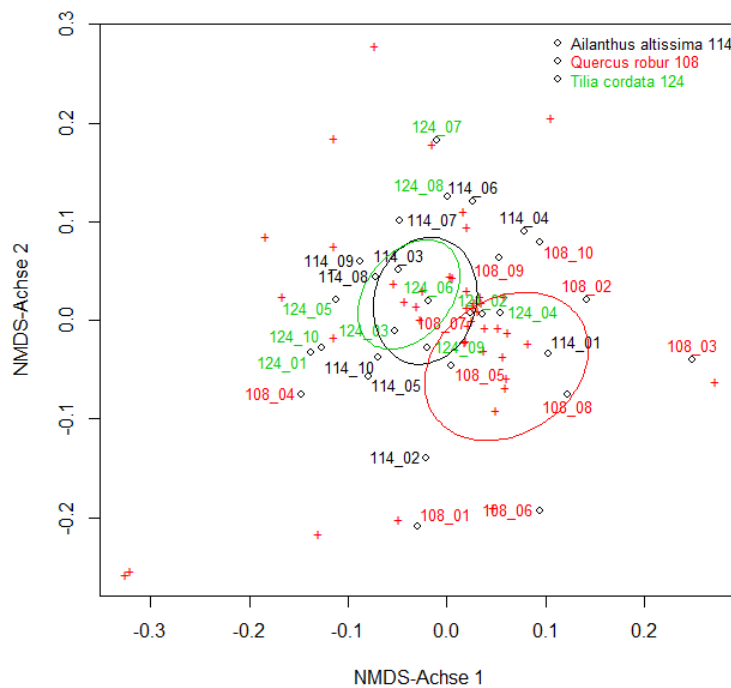


Abb. 5.5: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der HPLC-Proben der Laubblattextrakte von *Asarum europaeum*. 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.07182494.

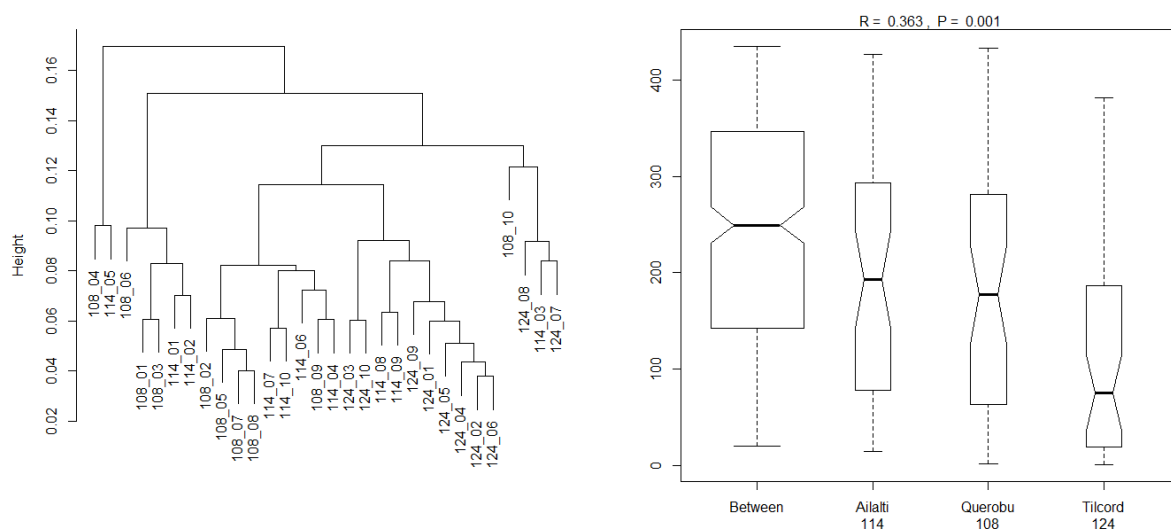


Abb. 5.6: (A) Hierarchische Clusteranalyse (average-linkage). (B) Boxplot der ANOSIM.

5.1.2 Extrakte der Wurzeln

5.1.2.1 GC-MS Analyse

Die Ergebnisse der PCA der GC-MS-Proben der Wurzelextrakte von *A. europaeum* sind in Abbildung 5.7 dargestellt. Die erste Hauptkomponente (Dim 1) erklärt 24.73% und die zweite Hauptkomponente (Dim 2) 18.69% der Gesamtvarianz. Analog zu den Laubblattextrakten (vgl. Kap. 5.1.1.1) haben die Monosaccharide Glucose (peak37.045, peak37.472) und Fructose (peak36.273, peak36.619) sowie Saccharose (peak57.983) den größten Einfluss auf die erste Hauptkomponente. Den größten Beitrag zur Beschreibung der zweiten Hauptkomponente liefern die Aminosäuren Asparaginsäure 1 und 2 (peak27.652, peak28.663), Tyrosin (peak29.257), Glutamin (peak32.819) und Pyroglutaminsäure (peak23.271). Eine klare Unterscheidung der Probengruppen kann jedoch nicht belegt werden, obwohl Teile der Gruppe „*Quercus robur* 108“ sich über die erste Hauptkomponente deutlicher von den beiden anderen Gruppen unterscheiden (vgl. Tab. 5.3).

Tab. 5.3: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.

	Dist	Dim.1	cos2	v.test	Dim.2	cos2	v.test
Ailanthus altissima 114	1.273	-0.507	0.159	-0.891	-0.429	0.114	-0.867
Quercus robur 108	1.483	1.085	0.535	1.906	0.367	0.061	0.742
Tilia cordata 124	1.135	-0.578	0.260	-1.016	0.062	0.003	0.126

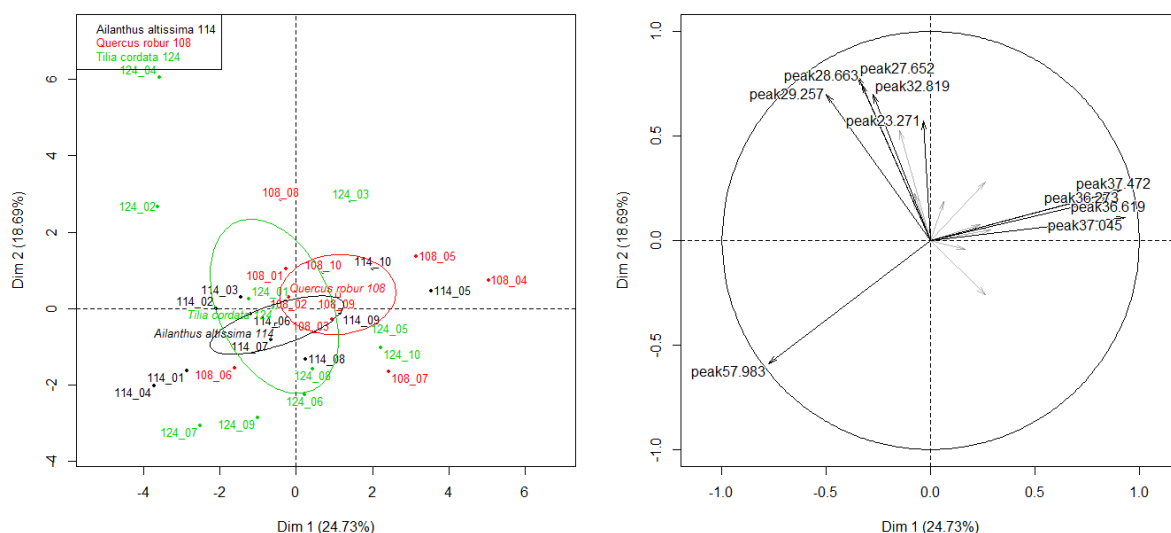


Abb. 5.7: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.

Die NMDS (Abb. 5.8) führt zu keiner erkennbaren Unterscheidung nach Probengruppen. Über die ANOSIM (Abb. 5.9, B) ist keine signifikante Unähnlichkeit zwischen den Probengruppen festzustellen ($R^2 = 0.005$, $p = 0.399$). Die Unähnlichkeit der Gruppe „*Ailanthus altissima* 114“ ist noch am niedrigsten, erlaubt aber dennoch keine Abgrenzung zu den anderen Probengruppen.

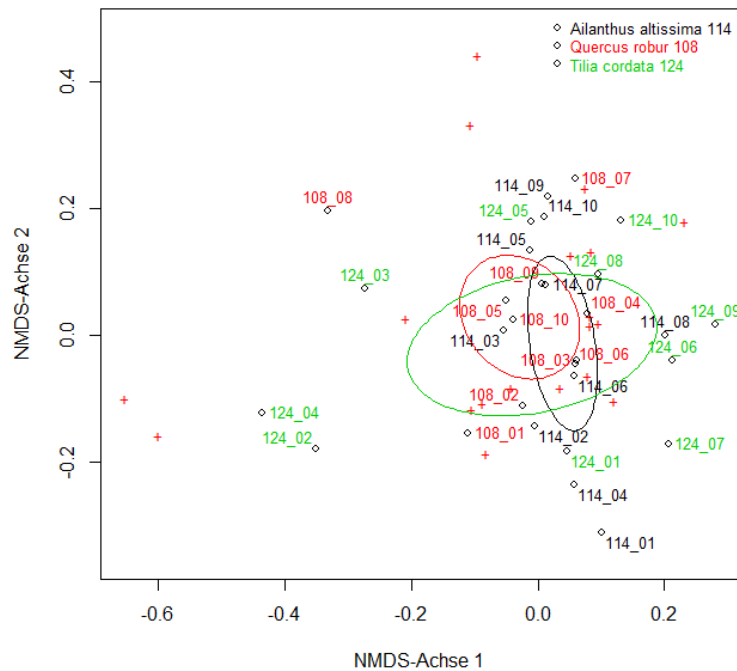


Abb. 5.8: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der GC-MS-Proben der Wurzelextrakte von *Asarum europaeum*. 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.06779892.

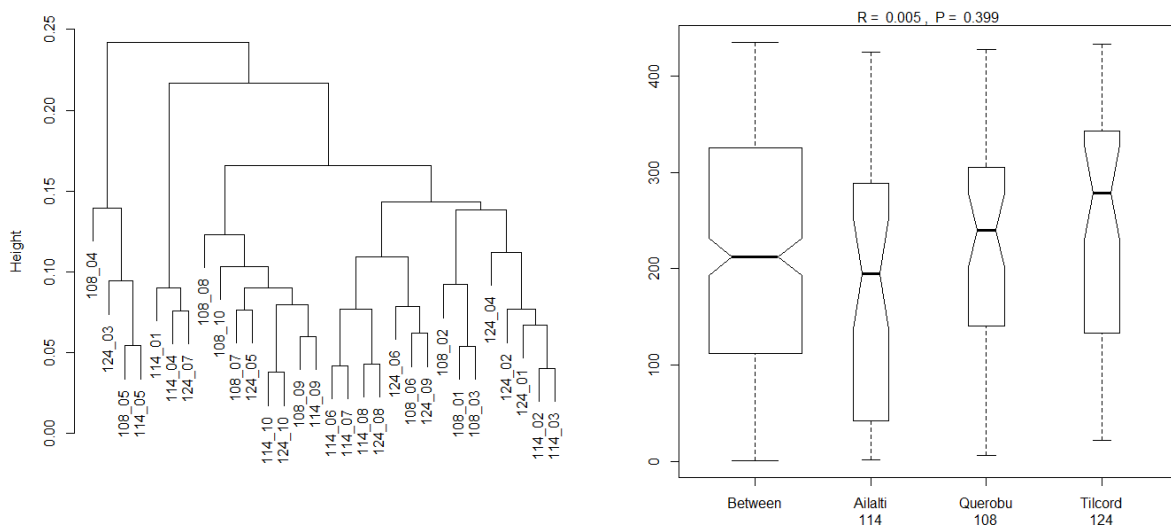


Abb. 5.9: (A) Hierarchische Clusteranalyse (average-linkage). (B) Boxplot der ANOSIM.

5.1.2.2 HPLC-Analyse

Die Ergebnisse der PCA der HPLC-Proben der Wurzelextrakte von *A. europaeum* sind in Abbildung 5.10 dargestellt. Die erste Hauptkomponente (Dim 1) erklärt 21.93% und die zweite Hauptkomponente (Dim 2) 17.29% der Gesamtvarianz. Die Gruppe „*Ailanthus altissima* 114“ charakterisiert die positive Korrelation mit der ersten Hauptkomponente, wobei die peaks33.461, peak63.217 und peak66.216 am stärksten dazu beitragen. Die Probengruppen „*Quercus robur* 108“ und „*Tilia cordata* 124“ sind deutlich über die zweite Hauptkomponente getrennt. Charakteristisch für die Ausreißer 108_02 und 108_10 ist der mit der ersten Hauptkomponente negativ korrelierte peak59.493, der in den beiden Proben extrem erhöhte Werte zeigt.

Tab. 5.4: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.

	Dist	Dim.1	cos2	v.test	Dim.2	cos2	v.test
<i>Ailanthus altissima</i> 114	2.586	2.320	0.805	3.060	0.032	0.000	0.048
<i>Quercus robur</i> 108	3.117	-1.494	0.230	-1.971	-2.553	0.671	-3.793
<i>Tilia cordata</i> 124	2.846	-0.825	0.084	-1.089	2.521	0.784	3.744

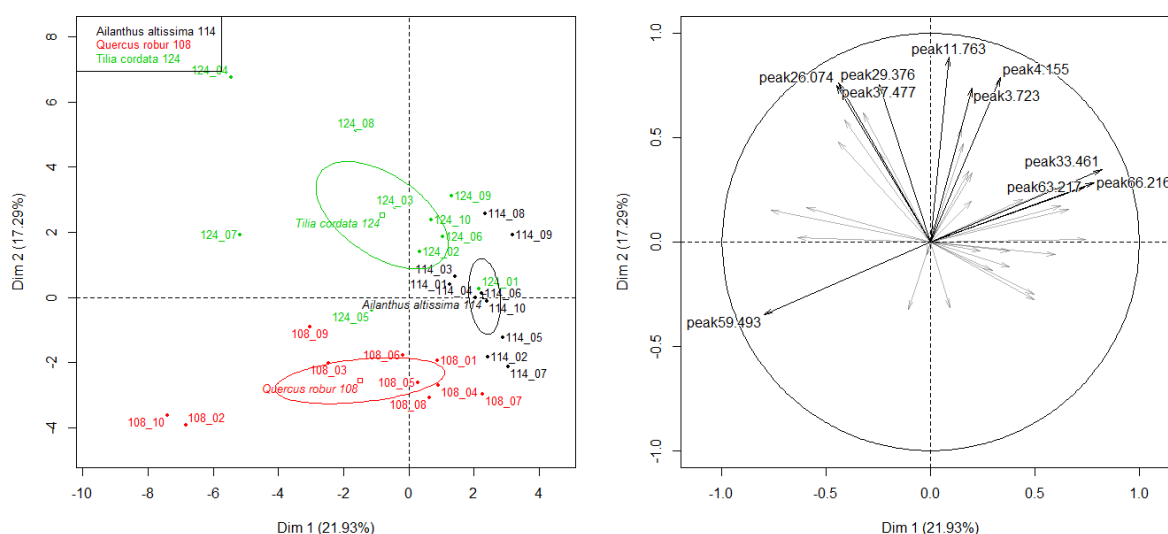


Abb. 5.10: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.

Die NMDS (Abb. 5.11) entspricht in der Darstellung der Ähnlichkeitsverhältnisse der PCA. Die ANOSIM (Abb. 5.12, B) ergibt eine signifikante Unähnlichkeit bei relativ geringer Effektstärke ($R^2 = 0.269$, $p = 0.001$), wobei sich die Gruppe „*Ailanthus altissima* 114“ am stärksten zu den anderen unterscheidet. Die Gruppe „*Quercus robur* 108“ kann nicht von den anderen Gruppen unterschieden werden.

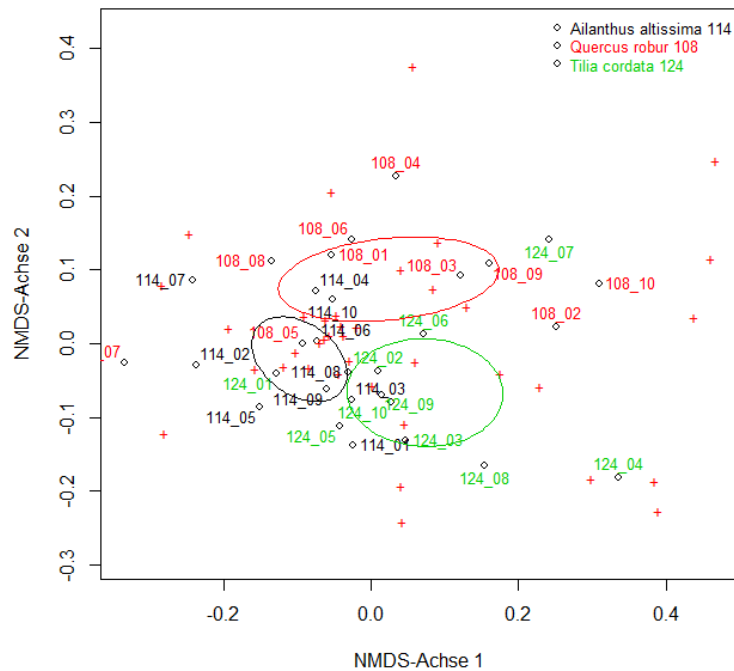


Abb. 5.11: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der HPLC-Proben der Wurzelextrakte von *Asarum europaeum*. 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.06311272

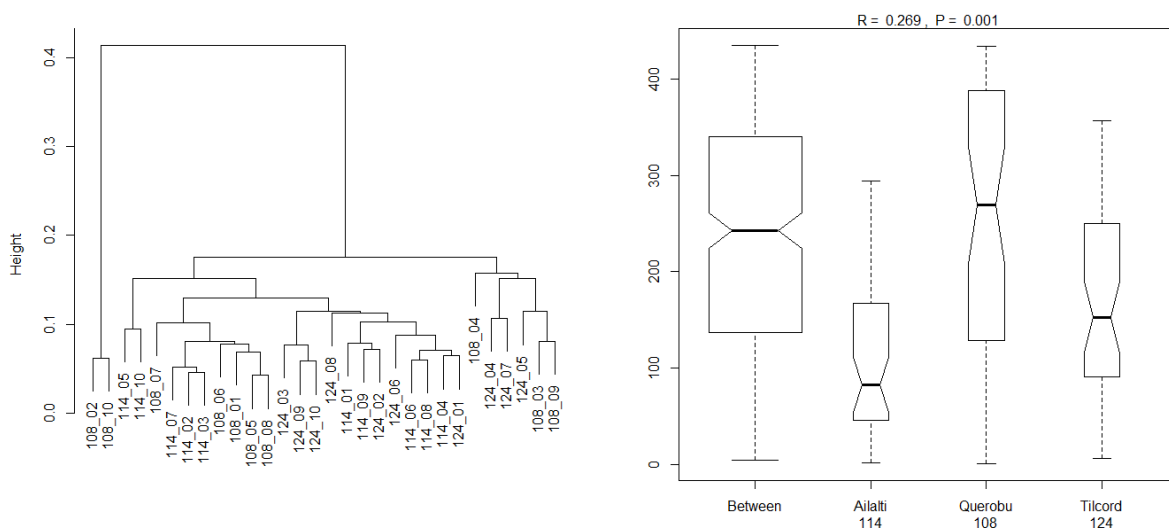


Abb. 5.12: (A) Hierarchische Clusteranalyse (*average-linkage*). (B) Boxplot der ANOSIM.

5.2 *Galanthus nivalis*



Foto: Dario Güldner

5.2.1 Extrakte der Laubblätter

5.2.1.1 GC-MS Analyse

Die Ergebnisse der PCA der GC-MS-Proben der Laubblattextrakte von *G. nivalis* sind in Abbildung 5.13 dargestellt. Die erste Hauptkomponente (Dim 1) erklärt 71.29% und die zweite Hauptkomponente (Dim 2) 18.31% der Gesamtvarianz. Fructose (peak36.384, peak36.748) und Glucose (peak37.199, peak37.570) sowie Saccharose (peak58.021) haben den größten Einfluss auf die Beschreibung der ersten Hauptkomponente. Die Monosaccharide Fructose und Glucose bestimmen die deutliche Abgrenzung der Gruppe „*Tilia cordata* 124“, deren Proben vor allem im Vergleich zur Gruppe „*Ailanthus altissima* 114“ einen deutlich geringeren Saccharose-Gehalt aufweisen. Die Ausrichtung der zweiten Hauptkomponente ist durch den Beitrag der Metaboliten myo-Inosit (peak42.610) sowie Äpfelsäure (peak22.499) bestimmt, die vor allem die Gruppe „*Quercus robur* 108“ signifikant differenziert.

Tab. 5.5: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.

	Dist	Dim.1	cos2	v.test	Dim.2	cos2	v.test
<i>Ailanthus altissima</i> 114	1.413	-1.370	0.940	-2.335	-0.273	0.037	-0.918
<i>Quercus robur</i> 108	0.763	-0.153	0.040	-0.261	0.710	0.865	2.388
<i>Tilia cordata</i> 124	1.597	1.523	0.909	2.595	-0.437	0.075	-1.470

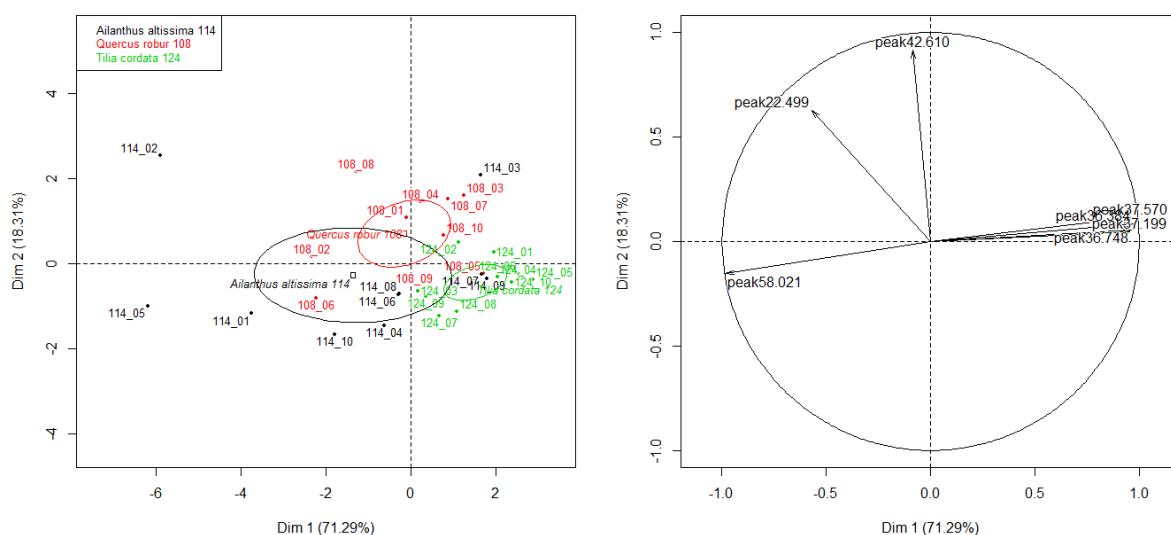


Abb. 5.13: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind alle 7 Peaks des Datensatzes.

Die NMDS (Abb. 5.14) liefert ein vergleichbares Ergebnis, aber verdeutlicht den Unterschied der Proben hinsichtlich ihres myo-Inosit-Gehalts stärker als die PCA (vgl. zweite Hauptkomponente, Abb. 5.13). Eine signifikante Unähnlichkeit ($R^2 = 0.12$, $p = 0.019$) konnte nur für die Gruppe „*Tilia cordata* 124“ nachgewiesen werden (Abb. 5.15, B). Die Gruppe „*Ailanthus altissima* 114“ konnte nicht von den übrigen Gruppen unterschieden werden.

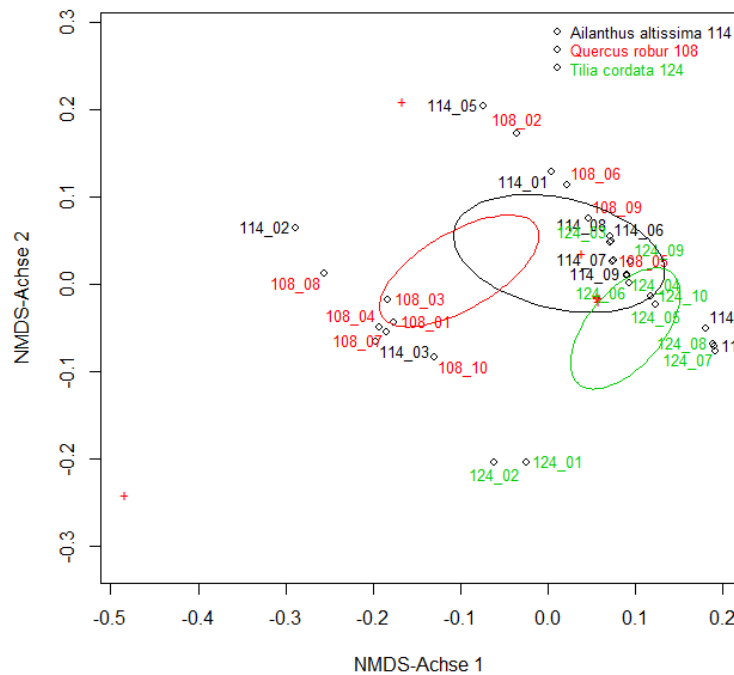


Abb. 5.14: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der GC-MS-Proben der Laubblattextrakte von *Galanthus nivalis*. 4-dimensionale Lösung. Stress: 0.01613284

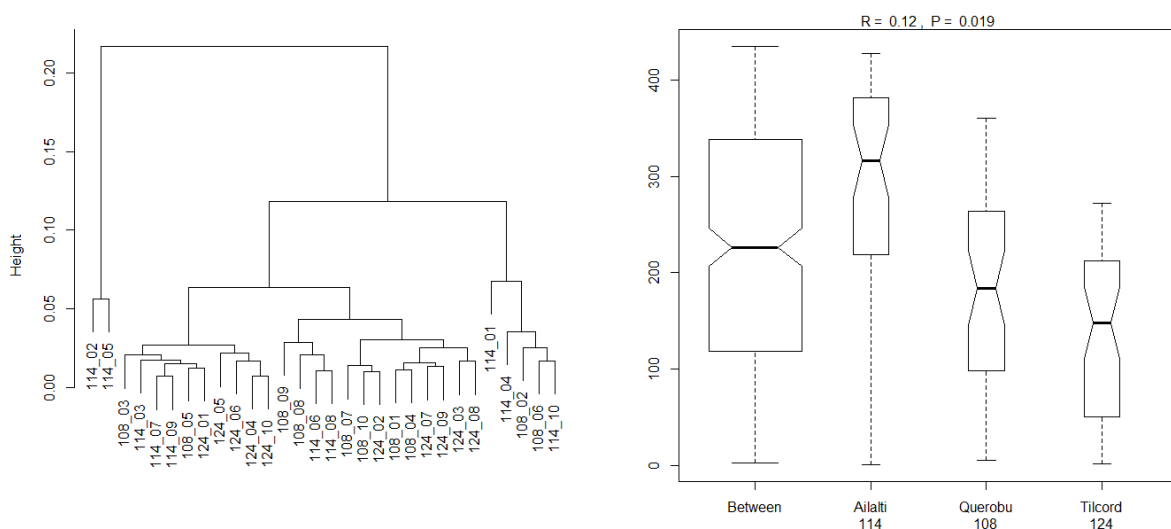


Abb. 5.15: (A) Hierarchische Clusteranalyse (*average-linkage*). (B) Boxplot der ANOSIM.

5.2.1.2 HPLC-Analyse

Die Ergebnisse der PCA der HPLC-Proben der Laubblattextrakte von *G. nivalis* sind in Abbildung 5.16 dargestellt. Die erste Hauptkomponente (Dim 1) erklärt 22.65% und die zweite Hauptkomponente (Dim 2) 13.20% der Gesamtvarianz. Die Ausrichtung der ersten Hauptkomponente ist vor allem durch die positiv korrelierten Metaboliten peak70.487 und peak5.601 motiviert. Die zweite Hauptkomponente ist positiv zu den Flavonoiden des Rutin-Typs (peak32.562, peak34.87, peak37.612) und peak35.918 (Kaempferol-Typ) bzw. negativ zu peak14.645 korreliert. Die Gruppen „*Ailanthus altissima* 114“ und „*Tilia cordata* 124“ sind relativ deutlich über die erste Hauptkomponente getrennt. Die zweite Hauptkomponente trägt nicht wesentlich zur Unterscheidung der Probengruppen bei, differenziert jedoch innerhalb der verschiedenen Gruppen (Abb. 5.16).

Tab. 5.6: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.

	Dist	Dim.1	cos2	v.test	Dim.2	cos2	v.test
<i>Ailanthus altissima</i> 114	2.565	-2.265	0.780	-3.365	0.098	0.001	0.190
<i>Quercus robur</i> 108	1.928	0.302	0.025	0.449	-0.739	0.147	-1.437
<i>Tilia cordata</i> 124	2.447	1.963	0.643	2.917	0.641	0.069	1.247

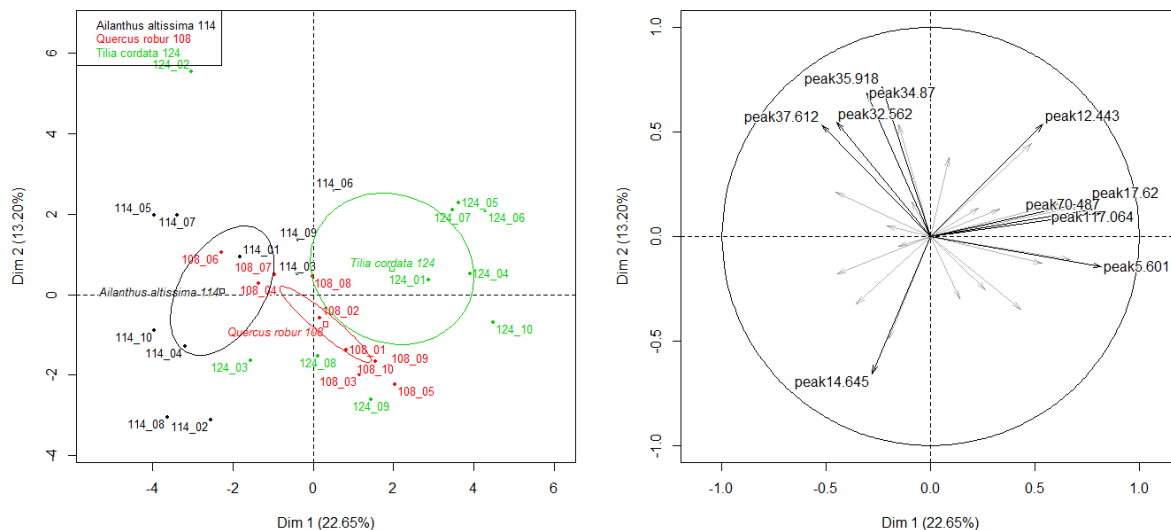


Abb. 5.16: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.

Im Vergleich zur NMDS (Abb. 5.17) unterscheidet die PCA stärker zwischen den Proben Gruppen, während die NMDS die Heterogenität der Gruppe „*Ailanthus altissima* 114“ stärker zum Ausdruck bringt (vgl. Abb. 5.18, A). Die ANOSIM (Abb. 5.18, B) zeigt, dass nur ein geringer Unterschied zwischen den Proben Gruppen gegeben ist ($R^2 = 0.141$, $p = 0.011$). „*Ailanthus altissima* 114“ kann nicht von den anderen Gruppen unterschieden werden.

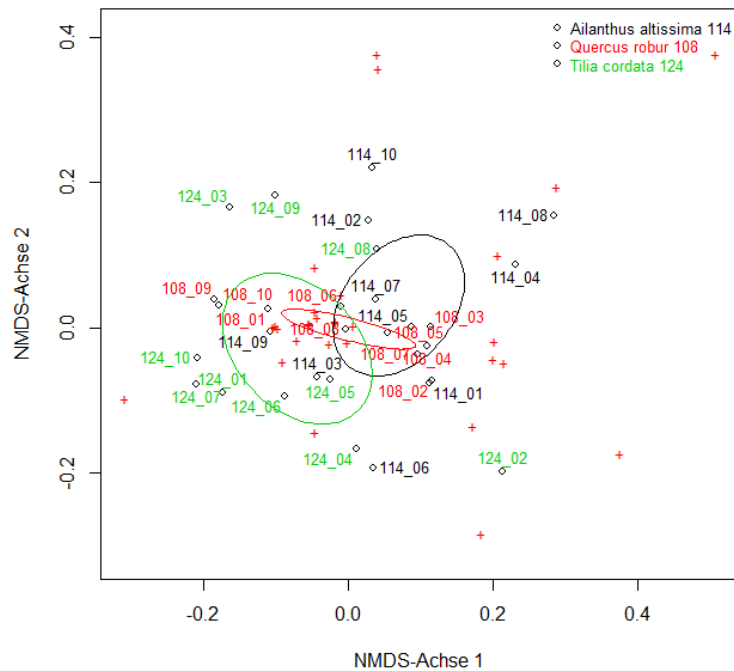


Abb. 5.17: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der HPLC-Proben der Laubblattextrakte von *Galanthus nivalis*. 6-dimensionale Lösung. Stress: 0.05256974

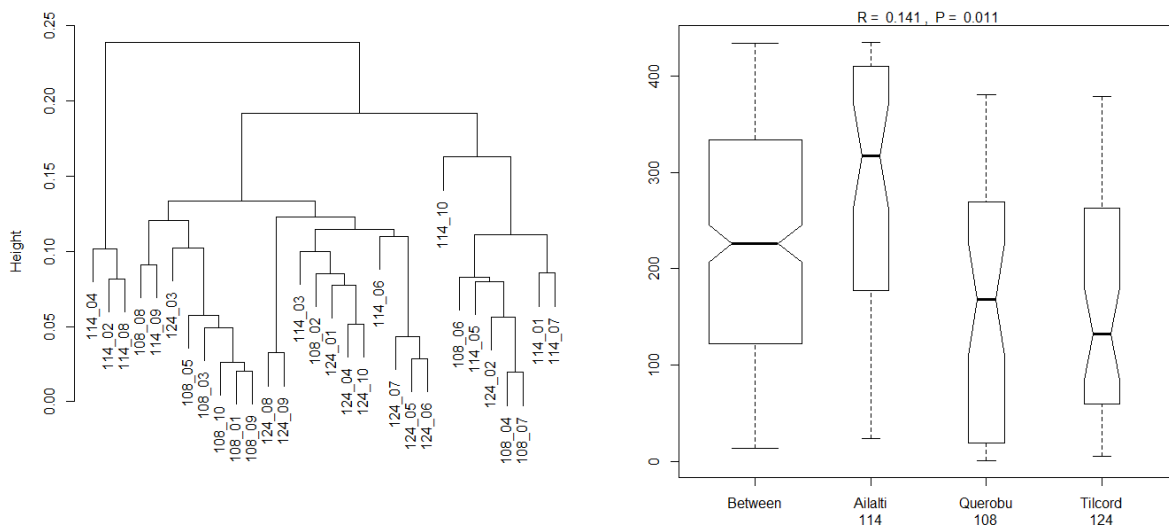


Abb. 5.18: (A) Hierarchische Clusteranalyse (*average-linkage*). (B) Boxplot der ANOSIM.

5.2.2 Extrakte der Wurzeln

5.2.2.1 GC-MS Analyse

Die Ergebnisse der PCA der GC-MS-Proben der Wurzelextrakte von *G. nivalis* sind in Abbildung 5.19 dargestellt. Die erste Hauptkomponente (Dim 1) erklärt 54.54% und die zweite Hauptkomponente (Dim 2) 20.70% der Gesamtvarianz. Die Monosaccharide Fructose (peak36.241, peak36.593) und Glucose (peak36.970, peak37.461) sind positiv und Saccharose (peak57.995) negativ mit der ersten Hauptkomponente korreliert. Äpfelsäure (peak22.512) und Zitronensäure (peak34.472) sind positiv und Trehalose (peak74.034) negativ mit der zweiten Hauptkomponente korreliert. Die erste Hauptkomponente differenziert zwischen Proben mit geringem und hohem Fructose- bzw. Glucose-Gehalt, wobei in der Gruppe „*Tilia cordata* 124“ die Proben mit den höchsten Werten vertreten sind. Erst die zweite Hauptkomponente erlaubt eine deutlichere Differenzierung nach Probengruppen.

Tab. 5.7: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.

	Dist	Dim.1	cos2	v.test	Dim.2	cos2	v.test
Ailanthus altissima 114	1.240	-0.416	0.113	-0.759	1.141	0.846	3.376
Quercus robur 108	0.800	-0.719	0.809	-1.311	0.057	0.005	0.169
Tilia cordata 124	1.662	1.136	0.467	2.070	-1.198	0.520	-3.546

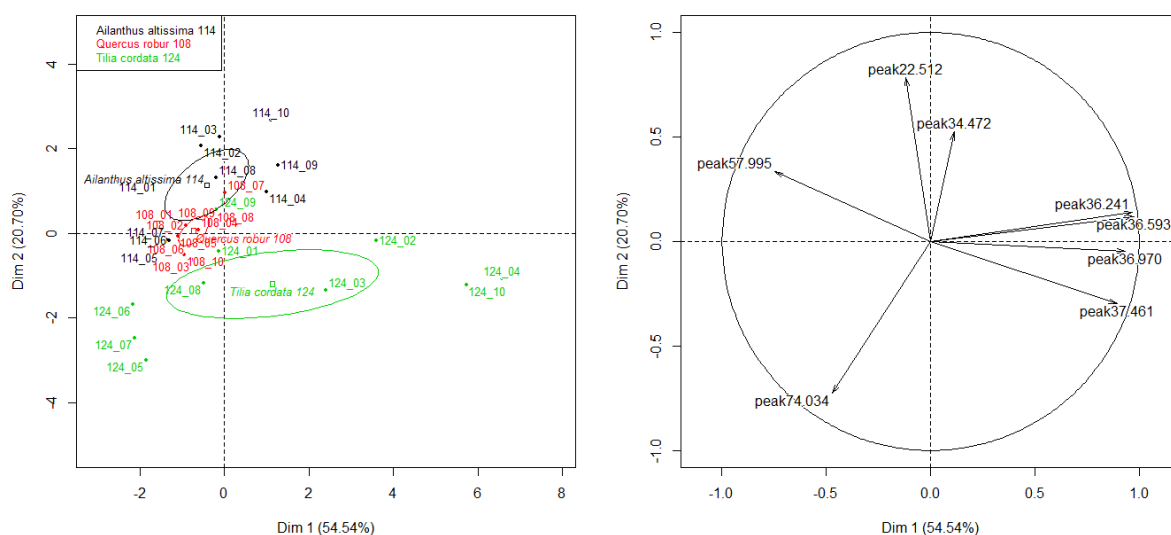


Abb. 5.19: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind alle 8 Peaks des Datensatzes.

Die NMDS (Abb. 5.20) demonstriert ein vergleichbares Ähnlichkeitsverhältnis der Probengruppen. Die geringste Variabilität ist innerhalb der Gruppe „*Quercus robur* 108“ zu erkennen, während die Gruppe „*Tilia cordata* 124“ durch die stärkste interne Streuung gekennzeichnet ist. Durch die ANOSIM (Abb. 5.21, B) konnte nur zum Teil eine signifikante Unähnlichkeit zwischen den Probengruppen nachgewiesen werden ($R^2 = 0.18$, $p = 0.002$).

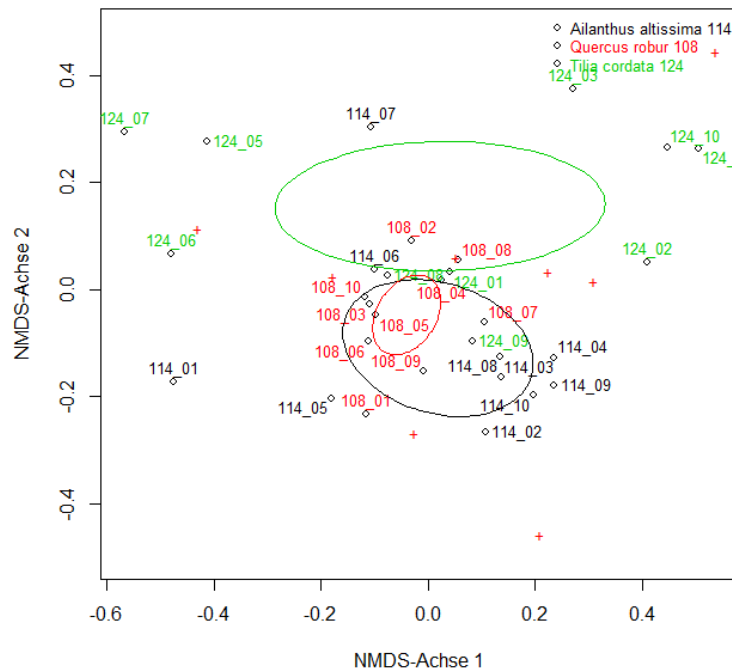


Abb. 5.20: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der GC-MS-Proben der Wurzelextrakte von *Galanthus nivalis*. 4-dimensionale Lösung. Stress: 0.03334691

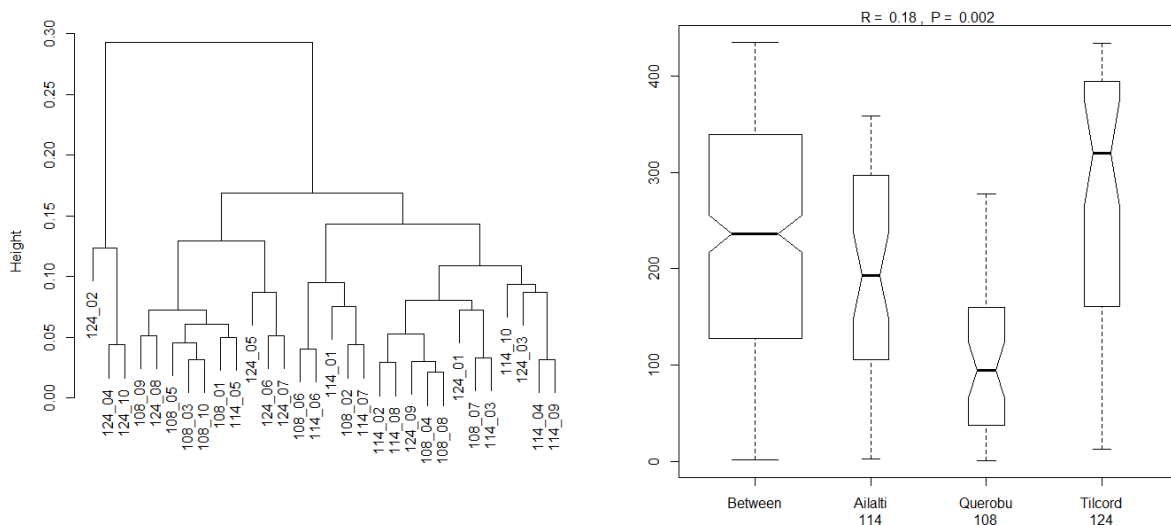


Abb. 5.21: (A) Hierarchische Clusteranalyse (*average-linkage*). (B) Boxplot der ANOSIM.

5.2.2.2 HPLC-Analyse

Die Ergebnisse der PCA der HPLC-Proben der Wurzelextrakte von *G. nivalis* sind in Abbildung 5.22 dargestellt. Die erste Hauptkomponente (Dim 1) erklärt 16.03% und die zweite Hauptkomponente (Dim 2) 12.12% der Gesamtvarianz. Eine Reihe nicht identifizierbarer Metaboliten korrelieren zur ersten Hauptkomponente, zu deren Ausrichtung peak41.788, peak27.115 und peak36.375 am stärksten beitragen. Die Gruppe „*Tilia cordata* 124“ kann über beide Hauptkomponenten eindeutig von den anderen Probengruppen unterschieden werden (vgl. Tab. 5.8). „*Ailanthus altissima* 114“ und „*Quercus robur* 108“ weisen eine starke Ähnlichkeit bezüglich der ersten beiden Hauptkomponenten auf.

Tab. 5.8: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.

	Dist	Dim.1	cos2	v.test	Dim.2	cos2	v.test
<i>Ailanthus altissima</i> 114	2.472	-1.086	0.193	-1.433	1.013	0.168	1.536
<i>Quercus robur</i> 108	2.559	-1.504	0.346	-1.984	0.814	0.101	1.235
<i>Tilia cordata</i> 124	3.376	2.590	0.589	3.417	-1.827	0.293	-2.771

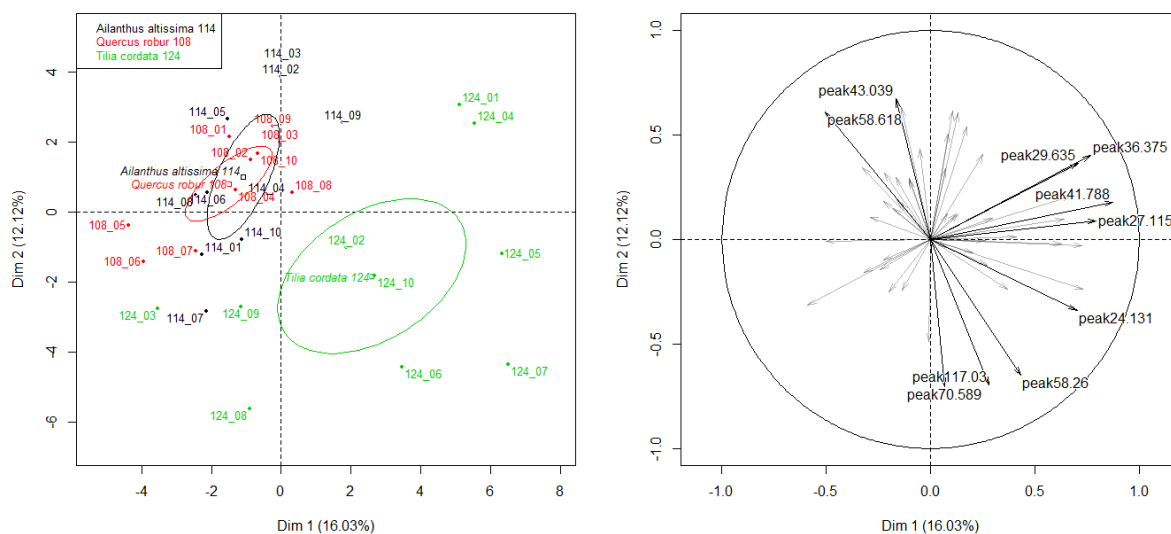


Abb. 5.22: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.

Die Ordination der NMDS (Abb. 5.23) gleicht dem Scores-Plot der PCA (vgl. Abb. 5.22, A), hebt jedoch die Heterogenität der Gruppe „*Ailanthus altissima* 114“ stärker hervor (vgl. Abb. 5.24, B). Über die ANOSIM (Abb. 5.24, B) konnten nur zum Teil signifikante Unterschiede zwischen den Proben Gruppen nachgewiesen werden ($R^2 = 0.118$, $p = 0.015$). Die Gruppe „*Ailanthus altissima* 114“ kann nicht von den anderen Gruppen unterschieden werden.

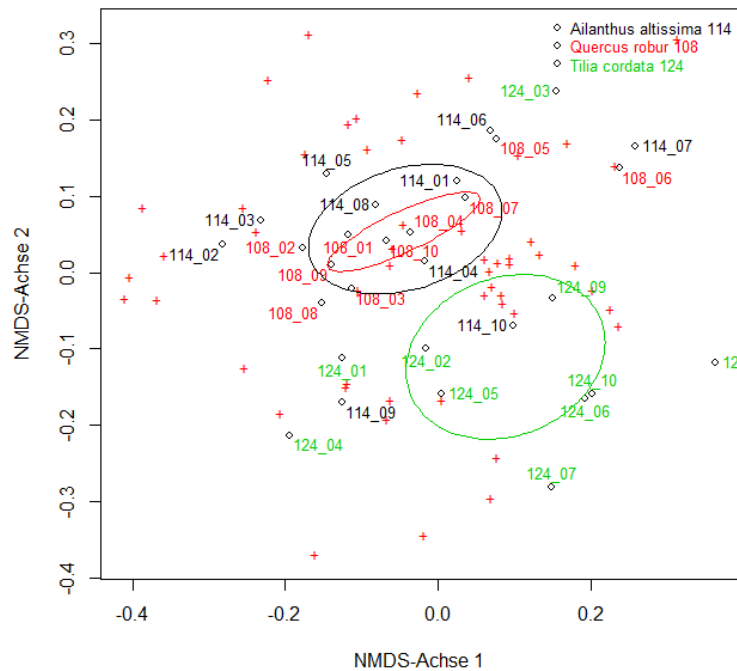


Abb. 5.23: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der HPLC-Proben der Wurzelextrakte von *Galanthus nivalis*. 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.06311161

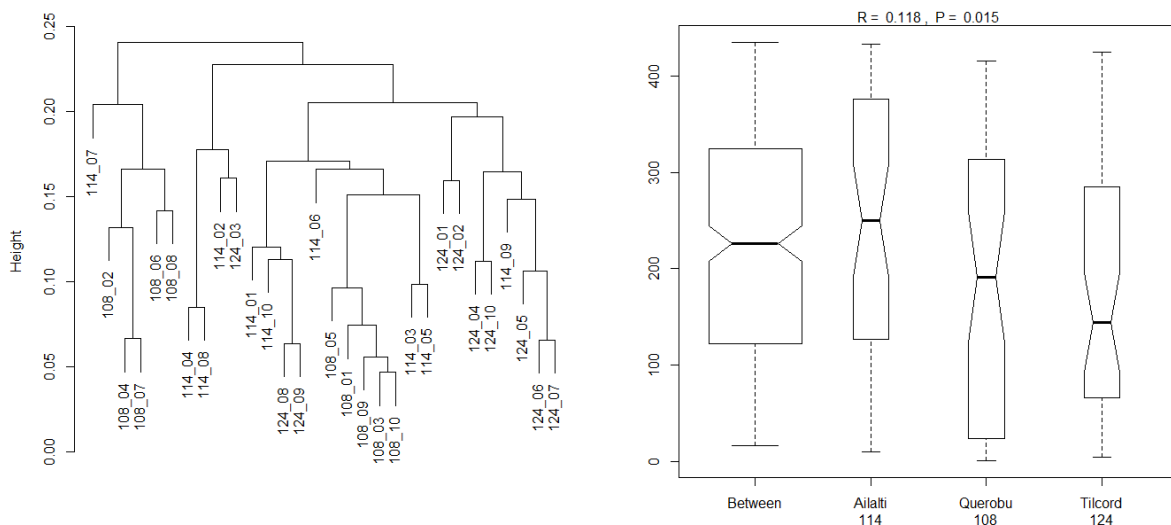


Abb. 5.24: (A) Hierarchische Clusteranalyse (average-linkage). (B) Boxplot der ANOSIM.

5.3 *Impatiens noli-tangere*



Foto: Dario Güldner

5.3.1 Extrakte der Laubblätter

5.3.1.1 GC-MS Analyse

Die Ergebnisse der PCA der GC-MS-Proben der Laubblattextrakte von *I. noli-tangere* sind in Abbildung 5.25 dargestellt. Die erste Hauptkomponente (Dim 1) erklärt 18.21% und die zweite Hauptkomponente (Dim 2) 15.59% der Gesamtvarianz. Die erste Hauptkomponente ist positiv zu Threonsäure (peak24.908), einem Abbauprodukt der Ascorbinsäure, myo-Inosit (peak42.108) und Zitronensäure (peak33.996) bzw. negativ zu Fructose (peak35.759, peak36.122) und Saccharose (peak57.131) korreliert. Glucose (peak36.594, peak37.012) trägt am stärksten zur Ausrichtung der zweiten Hauptkomponente bei und ist negativ korreliert. Die erste Hauptkomponente differenziert die Probengruppen deutlich nach Untersuchungsflächen (1 und 5). Über die zweite Hauptkomponente ist eine Aufteilung der Gruppen von *A. altissima* (114 und 502) und *Q. robur* (108 und 507) erkennbar, wobei die Gruppen der Untersuchungsfläche 1 (108 und 114) stärker voneinander divergieren.

Tab. 5.9: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.

	Dist	Dim.1	cos2	v.test	Dim.2	cos2	v.test
Ailanthus altissima 114	3.108	-2.422	0.607	-3.823	1.559	0.252	2.660
Ailanthus altissima 502	2.899	0.900	0.096	1.421	1.054	0.132	1.798
Juglans regia 505	2.935	1.913	0.425	3.020	-0.053	0.000	-0.091
Quercus robur 108	2.582	-1.762	0.466	-2.781	-1.487	0.332	-2.536
Quercus robur 507	2.709	1.370	0.256	2.163	-1.073	0.157	-1.831

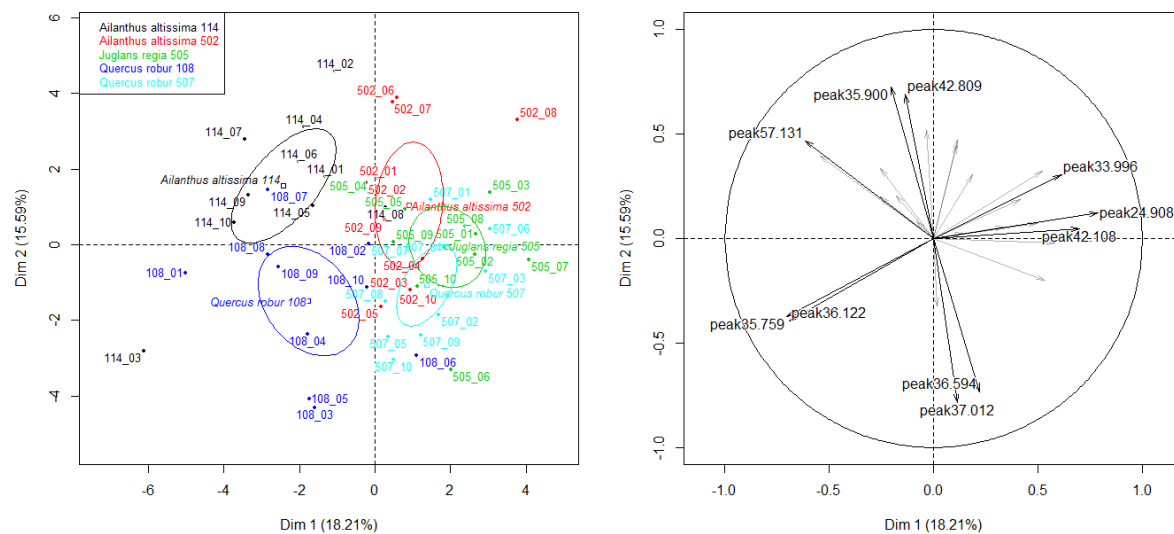


Abb. 5.25: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.

Analog zur PCA ist sowohl in der Ordination der NMDS (Abb. 5.26), als auch im Dendrogramm der hierarchischen Clusteranalyse (Abb. 5.27, A), eine relativ eindeutige Segmentierung der Probengruppen nach den Untersuchungsflächen 1 und 5 ersichtlich. Ebenso konnte mittels ANOSIM (Abb. 5.27, B) ein signifikanter Unterschied zwischen den Probengruppen nachgewiesen werden ($R^2 = 0.427$, $p = 0.001$).

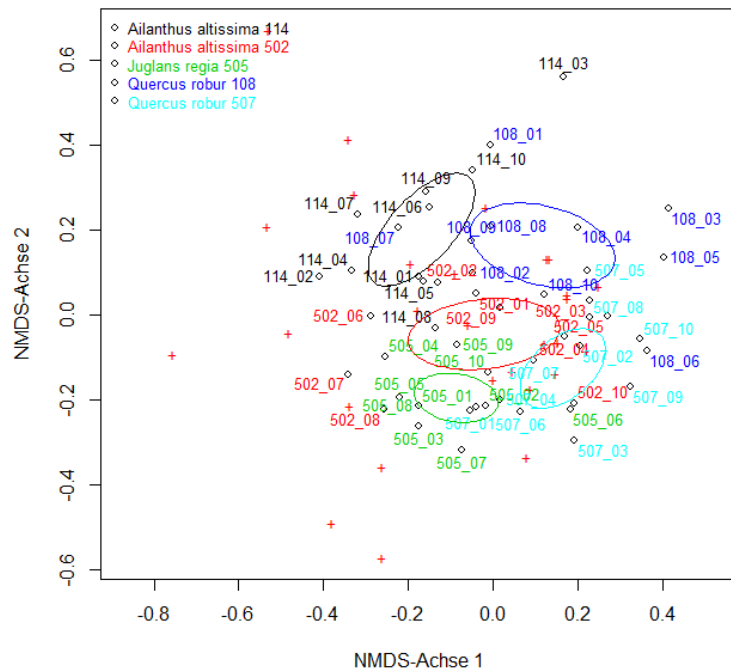


Abb. 5.26: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der GC-MS-Proben der Laubblattextrakte von *Impatiens noli-tangere*. 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.07220087

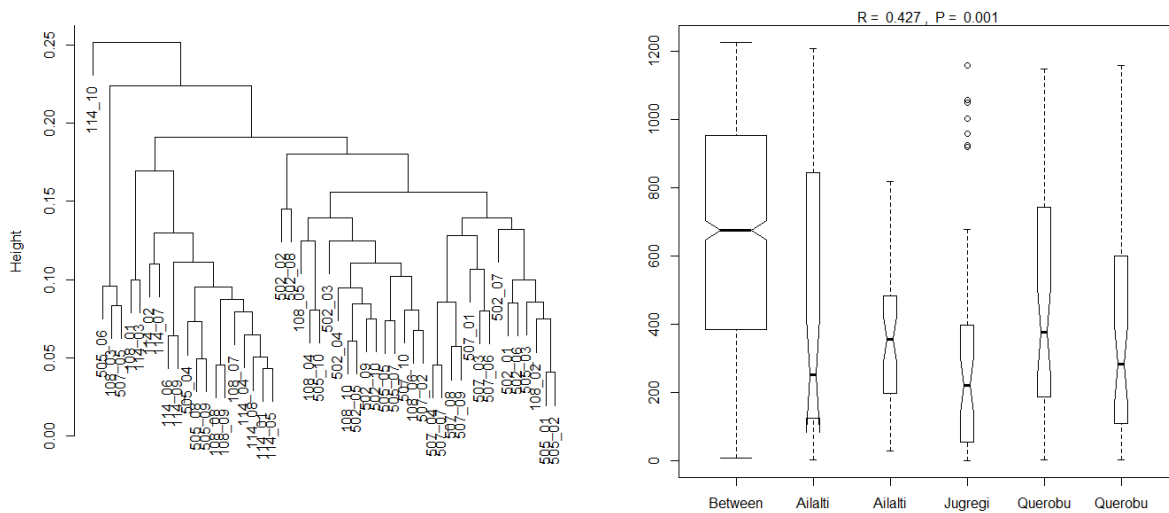


Abb. 5.27: (A) Hierarchische Clusteranalyse (*average-linkage*). (B) Boxplot der ANOSIM.

Um die Ergebnisse der vorangegangenen Analysen auf den Einfluss, d.h. den Anteil der erklärten Varianz durch die Untersuchungsflächen (1 und 5) und „Probengruppen“ (*A. altissima* [114, 502] – *Q. robur* [108, 507]) zu überprüfen, wurde die Probengruppe „*Juglans regia* 505“ aus dem Datensatz entfernt. Zur Unterscheidung der Untersuchungsflächen wurde der kategoriale Faktor „Autyp“ (abgedämmte Au [1] – freie Au [5]) eingeführt. In folge dessen wurden Ähnlichkeitsanalysen (ANOSIM) (Abb. 5.28) und eine multivariate Varianzanalyse (perMANOVA) (Tab. 5.10) unter Einbeziehung der beiden Faktoren „Autyp“ und „Probengruppen“ durchgeführt. Diese Vorgehensweise wurde auf alle Datensätze von *I. noli-tangere* angewandt.

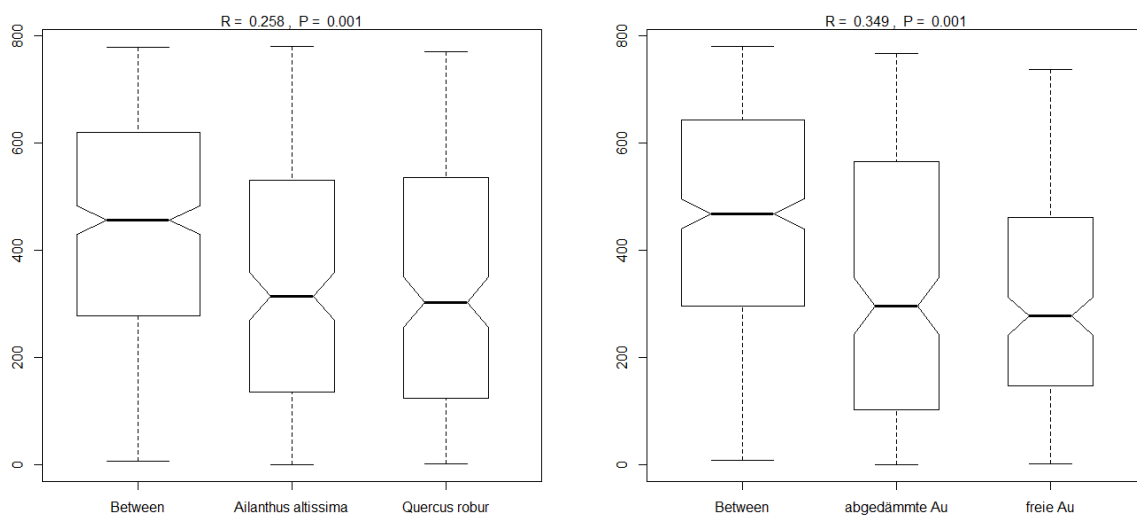


Abb. 5.28: (A) Boxplot der ANOSIM „Probengruppen“. (B) Boxplot der ANOSIM „Autyp“.

Die ANOSIM (Abb. 5.28) ergibt signifikante Unähnlichkeit für beide Faktorenpaare. Die Unterschiede der Einzelproben können allerdings besser über den Faktor „Autyp“ erklärt werden ($R^2 = 0.349$, $p = 0.001$). Die perMANOVA (Tab. 5.10) ergab signifikante Ergebnisse für beide Faktoren ($p = 0.001$). Der Faktor „Autyp“ (~21%) erklärt jedoch einen höheren Anteil der Variation des untersuchten Datensatzes, als der Faktor „Probengruppen“ (~15%). Der größte Anteil der Variation (~64%) bleibt ungeklärt.

Tab. 5.10: perMANOVA. Probengruppen (BAUM), Autyp (AU).

	Df	SumsOfSqs	MeanSqs	F.Model	R2	Pr(>F)
BAUM	1	0.10563	0.105632	8.5617	0.14850	0.001 ***
AU	1	0.14918	0.149179	12.0913	0.20973	0.001 ***
Residuals	37	0.45650	0.012338		0.64177	
Total	39	0.71131			1.00000	

5.3.1.2 HPLC-Analyse

Die Ergebnisse der PCA der HPLC-Proben der Laubblattextrakte von *I. noli-tangere* sind in Abbildung 5.29 dargestellt. Die erste Hauptkomponente (Dim 1) erklärt 29.13% und die zweite Hauptkomponente (Dim 2) 16.59% der Gesamtvarianz. Die erste Hauptkomponente ist zu einer Reihe unpolarer, nicht identifizierter Metaboliten positiv korreliert, wobei peak99.393, peak88.317, peak94.75 und peak89.908 die höchsten Ladungswerte haben. Die beiden Flavonoide des Rutin- (peak37.689) und Kaempferol-Typs (peak40.913) sind bezüglich der ersten Hauptkomponente negativ korreliert. Die Ausrichtung der zweiten Hauptkomponente wird durch eine Reihe unpolarer, nicht identifizierter Metaboliten (v.a. peak103.176, peak107.878, peak110.09, peak112.232) bestimmt. Die erste Hauptkomponente separiert „*Juglans regia* 505“ (negativ korreliert) und „*Quercus robur* 507“ (positiv korreliert) eindeutig. Über die zweite Hauptkomponente ist eine relative Aufteilung nach Untersuchungsflächen (1 und 5) zu erkennen.

Tab. 5.11: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.

	Dist	Dim.1	cos2	v.test	Dim.2	cos2	v.test
Ailanthus altissima 114	3.717	0.508	0.019	0.461	-2.373	0.408	-2.856
Ailanthus altissima 502	2.346	0.454	0.037	0.412	1.034	0.194	1.244
Juglans regia 505	5.613	-3.757	0.663	-3.412	0.721	0.024	0.868
Quercus robur 108	3.908	-0.893	0.052	-0.811	-2.548	0.425	-3.066
Quercus robur 507	5.117	3.689	0.520	3.349	3.166	0.383	3.810

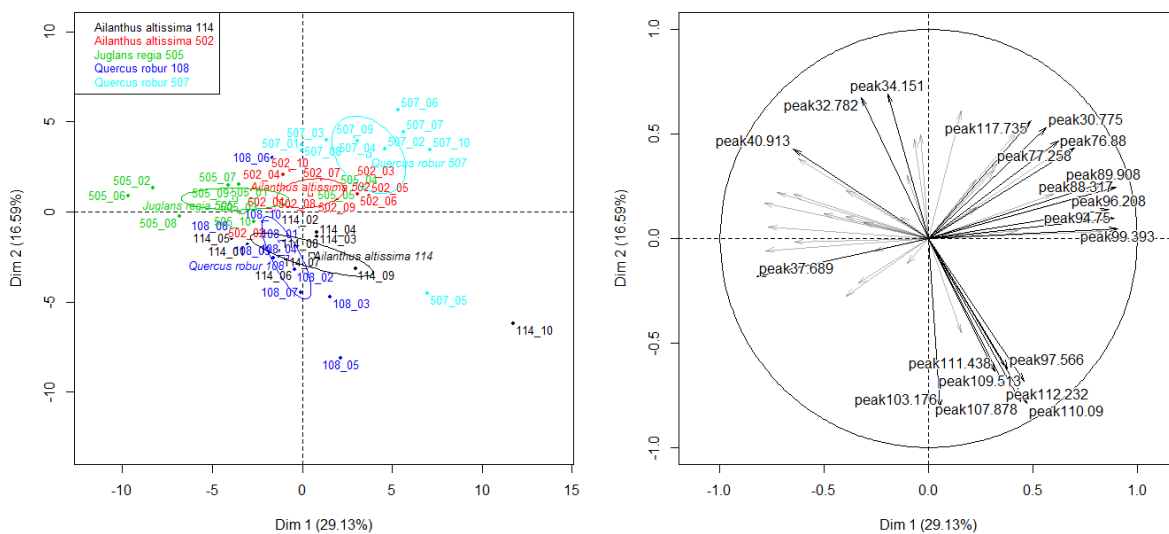


Abb. 5.29: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 20 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.

Die NMDS (Abb. 5.30) weist starke Ähnlichkeit zu der Ordination der ersten beiden Hauptkomponenten der PCA auf (vgl. Abb. 5.29, A). Durch die ANOSIM (Abb. 5.31, B) konnten signifikante Unterschiede zwischen den Proben Gruppen, bei mittlerer Effektstärke ($R^2 = 0.382$, $p = 0.001$), nachgewiesen werden.

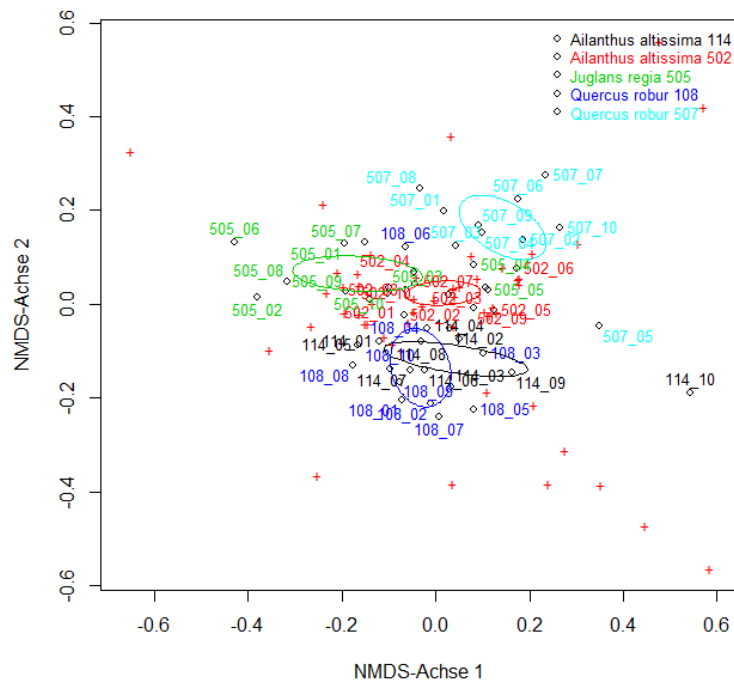


Abb. 5.30: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der HPLC-Proben der Laubblattextrakte von *Impatiens noli-tangere*. 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.04858217

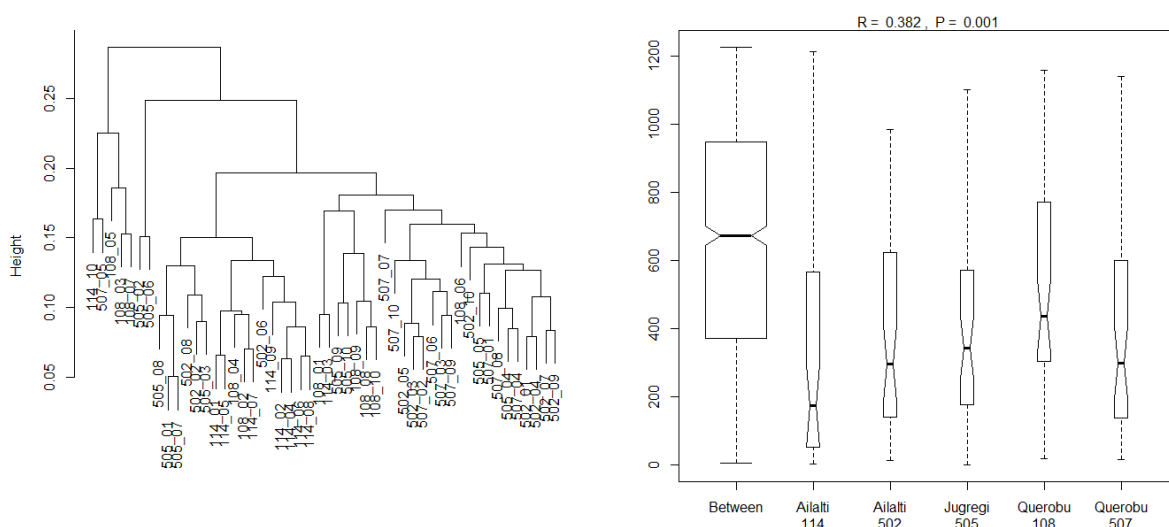


Abb. 5.31: (A) Hierarchische Clusteranalyse (average-linkage). (B) Boxplot der ANOSIM.

Die ANOSIM (Abb. 5.28) ergibt eine signifikante Unähnlichkeit der Gruppen bezüglich des Faktors „Autyp“ ($R^2 = 0.284$, $p = 0.001$) (Abb. 5.28, B). Anhand des Faktors „Probengruppen“ lässt sich nur für die Proben der Gruppe „*Ailanthus altissima*“ signifikante Unähnlichkeit ($R^2 = 0.186$, $p = 0.003$) bei geringer Effektstärke nachweisen (Abb. 5.28, A).

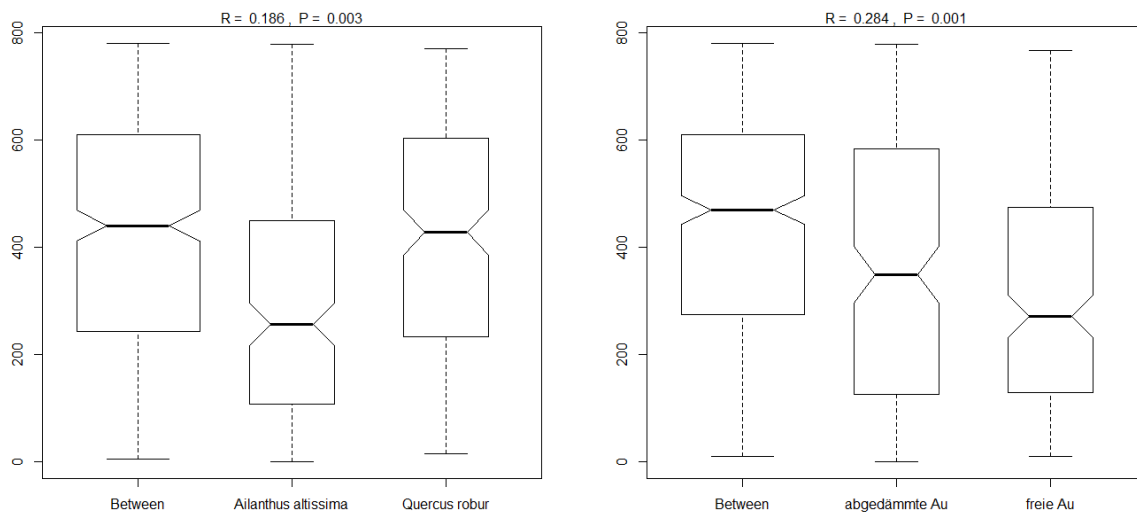


Abb. 5.32: (A) Boxplot der ANOSIM „Probengruppen“. (B) Boxplot der ANOSIM „Autyp“.

Die perMANOVA (Tab. 5.12) ergibt signifikante Ergebnisse für beide Faktoren ($p = 0.002$, $p = 0.001$), wobei der Faktor „Autyp“ einen leicht höheren Anteil der Variation ($\sim 14\%$) als der Faktor „Probengruppen“ ($\sim 11\%$) erklären kann. Der größte Anteil der Variation ($\sim 75\%$) bleibt ungeklärt.

Tab. 5.12: perMANOVA. Probengruppen (BAUM), Autyp (AU).

	Df	SumsOfSqs	MeanSqs	F.Model	R2	Pr(>F)	
BAUM	1	0.09423	0.094233	5.5491	0.11175	0.002	**
AU	1	0.12070	0.120702	7.1078	0.14314	0.001	***
Residuals	37	0.62832	0.016982		0.74511		
Total	39	0.84325			1.00000		

5.3.2 Extrakte der Wurzeln

5.3.2.1 GC-MS Analyse

Die Ergebnisse der PCA der GC-MS-Proben der Wurzelextrakte von *I. noli-tangere* sind in Abbildung 5.33 dargestellt. Die erste Hauptkomponente (Dim 1) erklärt 28.36% und die zweite Hauptkomponente (Dim 2) 16.46% der Gesamtvarianz. Die erste Hauptkomponente ist positiv zu Fructose (peak35.726, peak36.094) und Glucose (peak36.573, peak36.992) bzw. negativ zu Äpfelsäure 2 (peak22.382) korreliert. Die Metaboliten myo-Inosit (peak42.071), Pyroglutaminsäure (peak22.884) und Zitronensäure (peak33.990) haben den stärksten Einfluss auf die Ausrichtung der zweiten Hauptkomponente. Analog zu den GC-MS-Proben der Laubblattextrakte von *I. noli-tangere* (vgl. Kap. 5.3.1.1) differenziert die erste Hauptkomponente nach Untersuchungsflächen (1 und 5), jedoch ist über die zweite Hauptkomponente keine klare Unterscheidung zwischen den Gruppen *A. altissima* (114 und 502) und *Q. robur* (108 und 507) feststellbar.

Tab. 5.13: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.

	Dist	Dim.1	cos2	v.test	Dim.2	cos2	v.test
Ailanthus altissima 114	2.786	2.686	0.929	5.160	-0.260	0.009	-0.529
Ailanthus altissima 502	2.453	-1.591	0.420	-2.464	0.915	0.139	1.860
Juglans regia 505	2.102	-1.158	0.304	-1.795	-1.315	0.392	-2.674
Quercus robur 108	2.034	1.416	0.485	2.194	-0.173	0.007	-0.352
Quercus robur 507	2.024	-1.353	0.447	-2.096	0.834	0.170	1.695

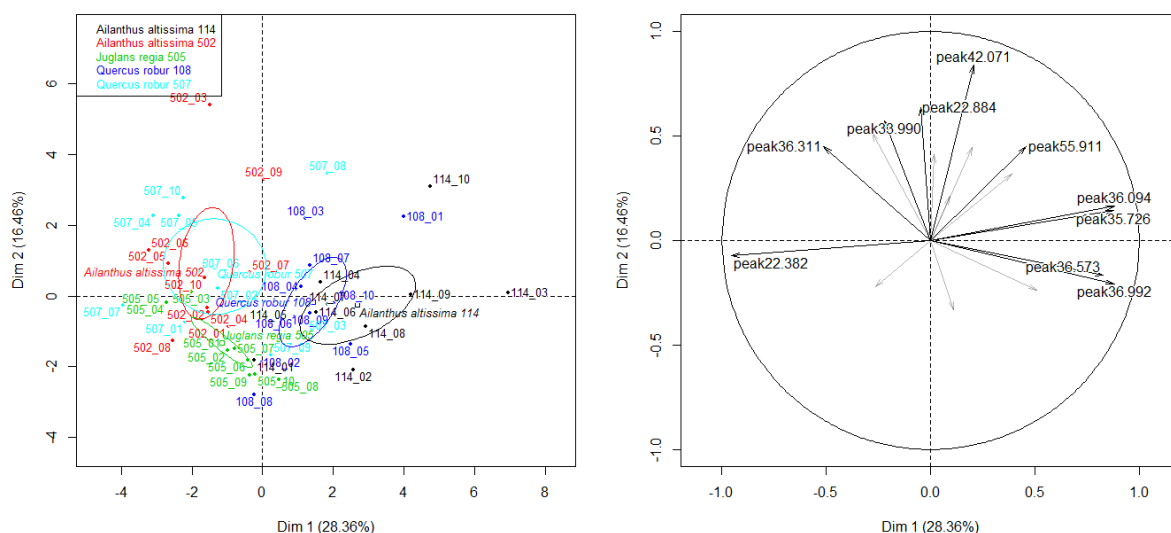


Abb. 5.33: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.

Sowohl NMDS (Abb. 5.34) als auch die hierarchische Clusteranalyse ergeben, analog zur PCA, eine eindeutige Aufteilung nach Untersuchungsflächen (1 und 5). Durch die ANOSIM (Abb. 5.35, B) konnte eine signifikante Unähnlichkeit bei mittlerer Effektstärke ($R^2 = 0.341$, $p = 0.001$) zwischen den Probengruppen nachgewiesen werden.

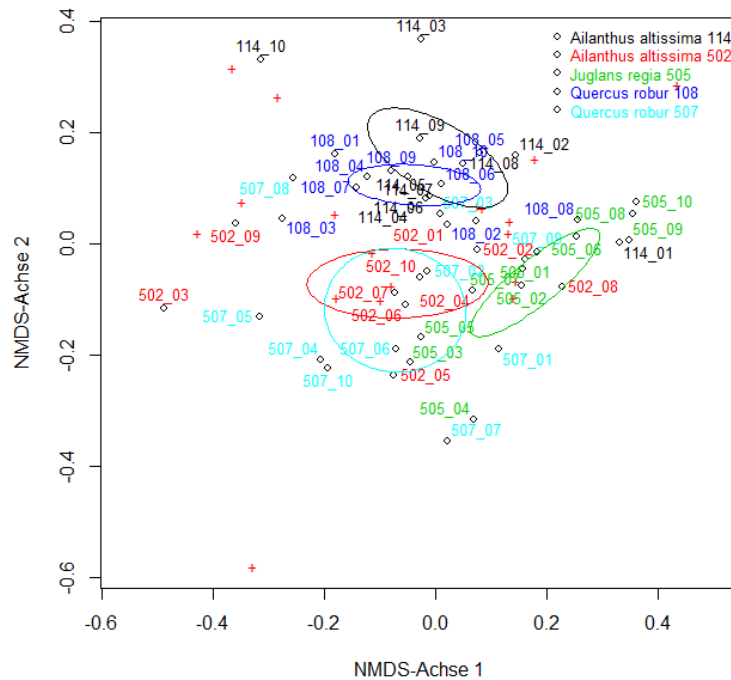


Abb. 5.34: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der GC-MS-Proben der Wurzelextrakte von *Impatiens noli-tangere*. 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.06397138

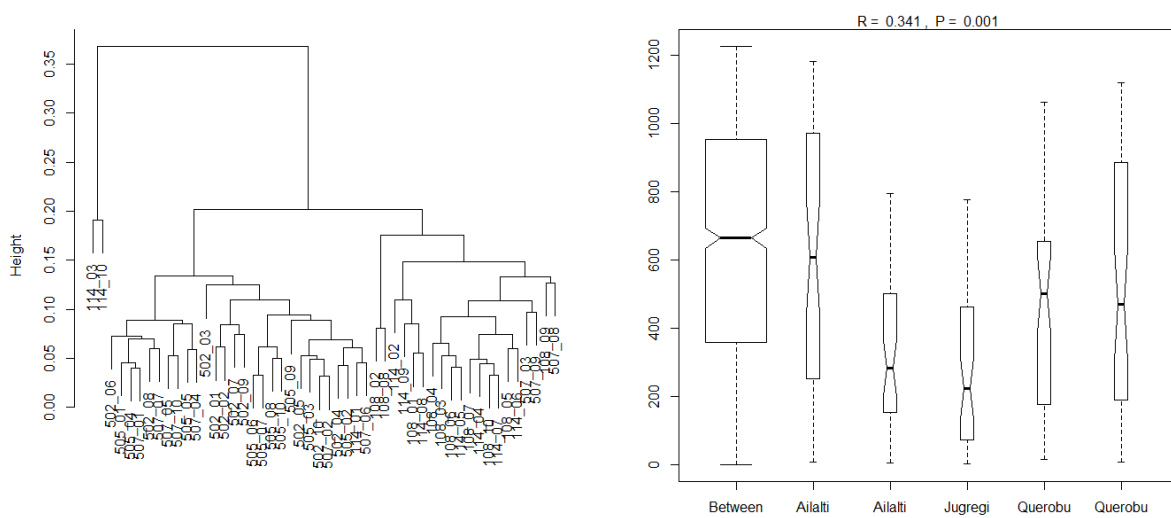


Abb. 5.35: (A) Hierarchische Clusteranalyse (*average-linkage*). (B) Boxplot der ANOSIM.

Die ANOSIM (Abb. 5.36) ergibt nur für den Faktor „Autyp“ signifikante Unähnlichkeit ($R^2 = 0.473$, $p = 0.001$) (Abb. 5.36, B). Die verschiedenen Baumarten (*A. altissima* und *Q. robur*) haben auf die Unähnlichkeit der Proben keinen Einfluss ($R^2 = -0.002$, $p = 0.001$) (Abb. 5.36, A). Die Ausgangshypothese muss also klar abgelehnt werden.

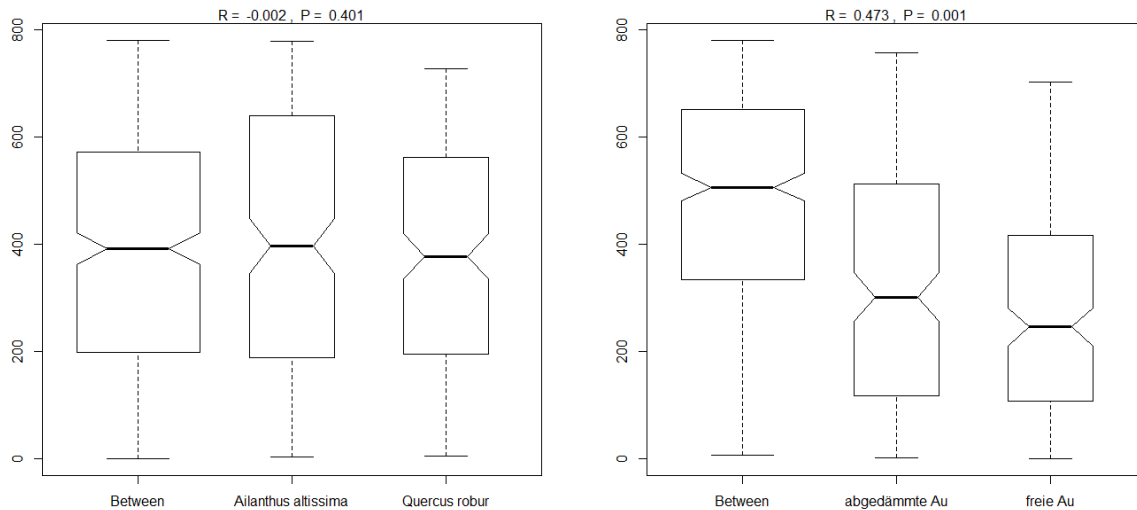


Abb. 5.36: (A) Boxplot der ANOSIM „Probengruppen“. (B) Boxplot der ANOSIM „Autyp“.

Die perMANOVA (Tab. 5.14) ergab nur bezüglich des Faktors „Autyp“ signifikante Ergebnisse ($p = 0.001$). Ein bedeutend hoher Anteil der Variation ($\sim 39\%$) kann aufgrund der verschiedenen Untersuchungsflächen erklärt werden. Die verschiedenen Baumarten haben keinen signifikanten Einfluss auf die Unähnlichkeit der Proben ($p = 0.16$) und erklären nur $\sim 3\%$ der Variation. Der größte Anteil der Variation ($\sim 59\%$) bleibt jedoch ungeklärt.

Tab. 5.14: perMANOVA. Probengruppen (BAUM), Autyp (AU).

	Df	SumsOfSqs	MeanSqs	F.Model	R2	Pr(>F)
BAUM	1	0.02140	0.02140	1.6052	0.02553	0.168
AU	1	0.32361	0.32361	24.2718	0.38602	0.001 ***
Residuals	37	0.49331	0.01333		0.58845	
Total	39	0.83832			1.00000	

5.3.2.2 HPLC-Analyse

Die Ergebnisse der PCA der HPLC-Proben der Wurzelextrakte von *I. noli-tangere* sind in Abbildung 5.37 dargestellt. Die erste Hauptkomponente (Dim 1) erklärt 20.10% und die zweite Hauptkomponente (Dim 2) 13.60% der Gesamtvarianz. Die erste Hauptkomponente ist positiv zu peak41.014 und einer Reihe nicht identifizierter Metaboliten im Retentionsbereich von 27.5 bis 30.7 Minuten bzw. negativ zu peak45.961 korreliert. peak17.05 und peak24.161 tragen am stärksten zur Separation der Gruppen „*Ailanthus altissima* 114“ und „*Quercus robur* 108“ von den anderen Gruppen über die zweite Hauptkomponente bei, während vor allem die Metaboliten peak77.017 und 80.259 negativ dazu korreliert sind. Die erste Hauptkomponente trennt die Gruppen der Untersuchungsfläche 1 und „*Ailanthus altissima* 502“ von „*Juglans regia* 505“ und „*Quercus robur* 507“. Die zweite Hauptkomponente separiert die Probengruppen nach Untersuchungsflächen (1 und 5), mit Ausnahme von der Gruppe „*Juglans regia* 505“, die positiv korreliert ist.

Tab. 5.15: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.

	Dist	Dim.1	cos2	v.test	Dim.2	cos2	v.test
<i>Ailanthus altissima</i> 114	3.374	-1.864	0.305	-2.100	1.975	0.343	2.706
<i>Ailanthus altissima</i> 502	5.055	-2.113	0.271	-2.381	-3.066	0.572	-5.200
<i>Juglans regia</i> 505	3.351	2.312	0.476	2.605	0.504	0.023	0.690
<i>Quercus robur</i> 108	3.308	-1.250	0.143	-1.408	2.178	0.434	2.984
<i>Quercus robur</i> 507	3.831	2.914	0.579	3.284	-1.592	0.173	-2.180

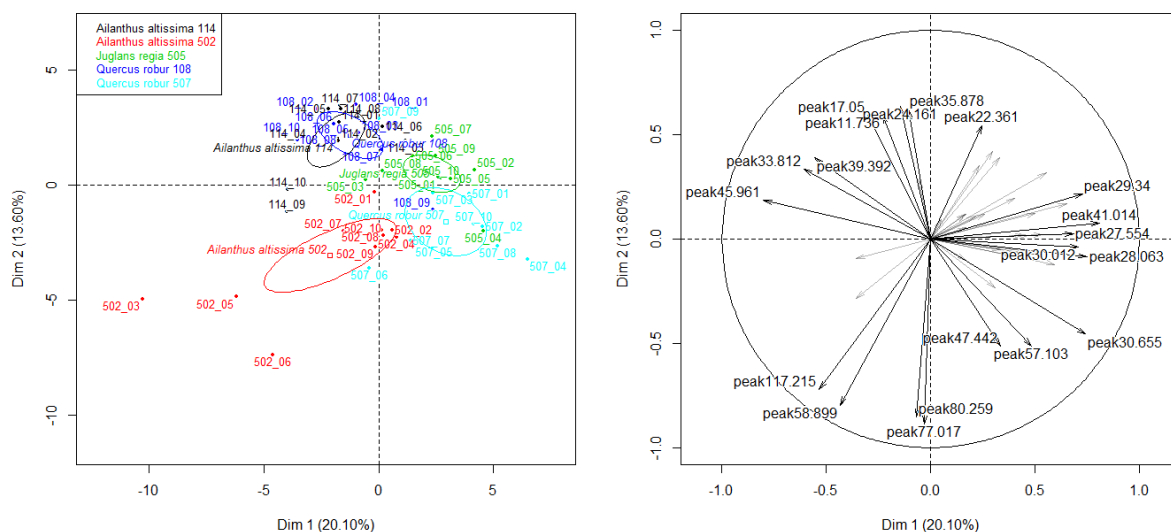


Abb. 5.37: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 20 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.

Die Ergebnisse der NMDS (Abb. 5.38) korrespondieren mit der Ordination der ersten beiden Hauptkomponenten. Mittels ANOSIM (Abb. 5.39, B) konnte eine signifikante Unähnlichkeit zwischen den Proben Gruppen nachgewiesen werden ($R^2 = 0.347$, $p = 0.001$). Durch die Ausreißer (502_03, 502_05, 502_06) ergibt die ANOSIM für die Proben Gruppe „*Ailanthus altissima* 502“ durch die starke interne Streuung keine signifikante Unähnlichkeit.

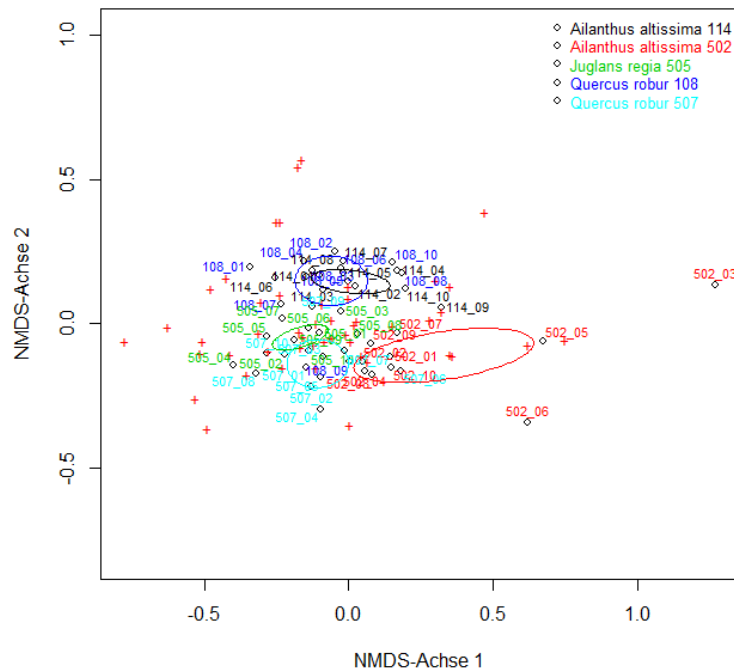


Abb. 5.38: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der HPLC-Proben der Wurzelextrakte von *Impatiens noli-tangere*. 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.06298956

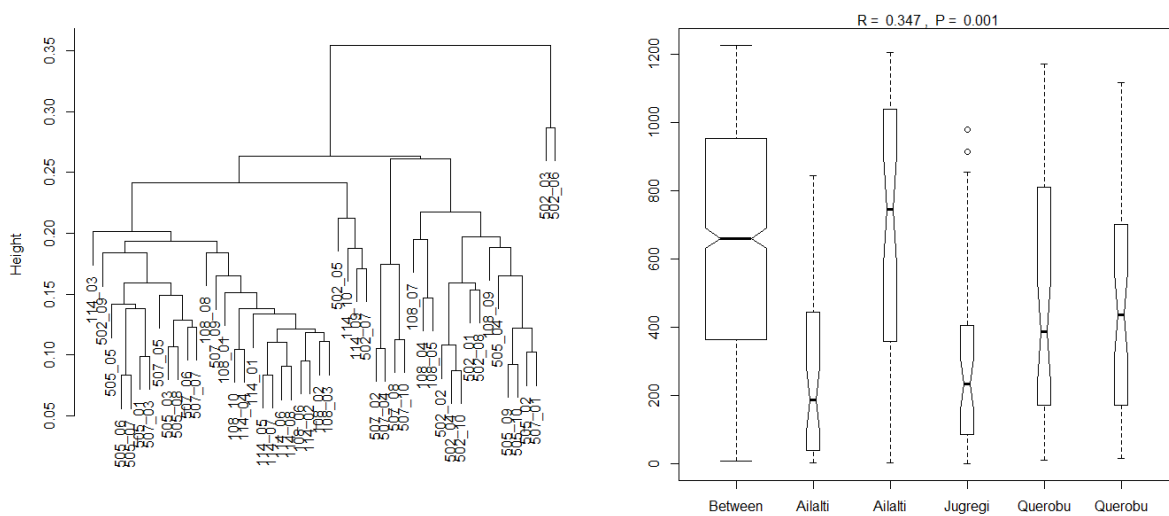


Abb. 5.39: (A) Hierarchische Clusteranalyse (average-linkage). (B) Boxplot der ANOSIM.

Die ANOSIM (Abb. 5.40) ergibt nur für den Faktor „Autyp“ signifikante Unähnlichkeit ($R^2 = 0.354$, $p = 0.001$) (Abb. 5.40, B). Die verschiedenen Baumarten (*A. altissima* und *Q. robur*) haben auf die Unähnlichkeit der Proben keinen Einfluss ($R^2 = 0.054$, $p = 0.056$) (Abb. 5.40, A). Die Ausgangshypothese kann also klar abgelehnt werden.

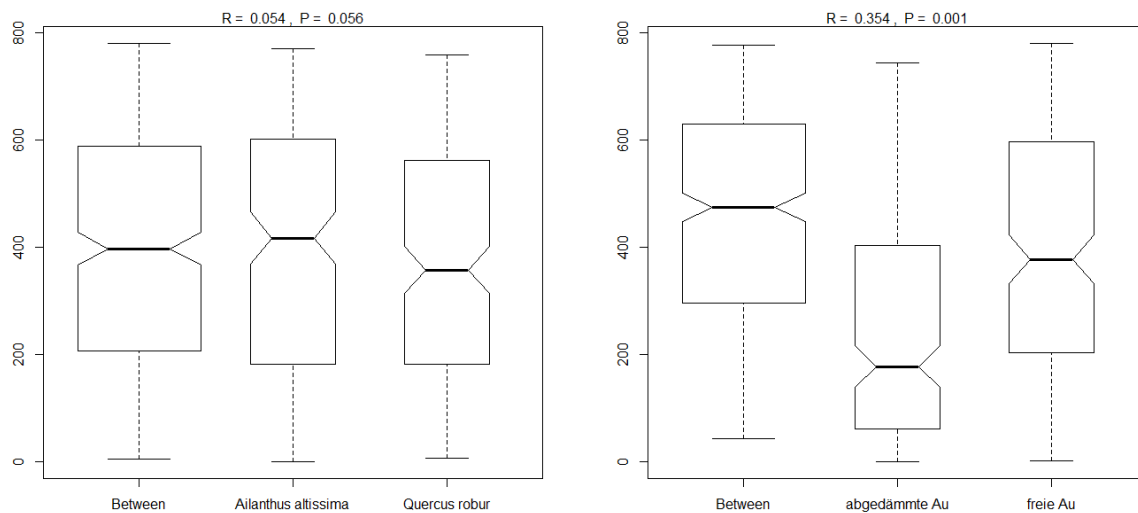


Abb. 5.40: (A) Boxplot der ANOSIM „Probengruppen“. (B) Boxplot der ANOSIM „Autyp“.

Die perMANOVA (Tab. 5.16) ergab für beide Erklärungsmodelle signifikante Ergebnisse ($p = 0.014$, $p = 0.001$). Die Unterscheidung der Probengruppen anhand des Autyps erklärt jedoch einen höheren Anteil der Variation (~16%). Der Großteil der Variation (77.5%) des untersuchten Datensatzes kann mit den verwendeten Hypothesen nicht erklärt werden.

Tab. 5.16: perMANOVA. Probengruppen (BAUM), Autyp (AU).

	Df	SumsOfSqs	MeanSqs	F.Model	R2	Pr(>F)
BAUM	1	0.08922	0.089224	3.3351	0.06982	0.014 *
AU	1	0.19884	0.198836	7.4324	0.15559	0.001 ***
Residuals	37	0.98985	0.026753		0.77459	
Total	39	1.27791			1.00000	

Die Ergebnisse der beiden Ähnlichkeitsanalysen (siehe Abb. 5.40) sind durch die Ausreißer in der Probengruppe „*Ailanthus altissima* 502“ beeinflusst. Eine Eliminierung der Ausreißer führt zu einem eindeutigeren Ergebnis (vgl. Abb. 5.41).

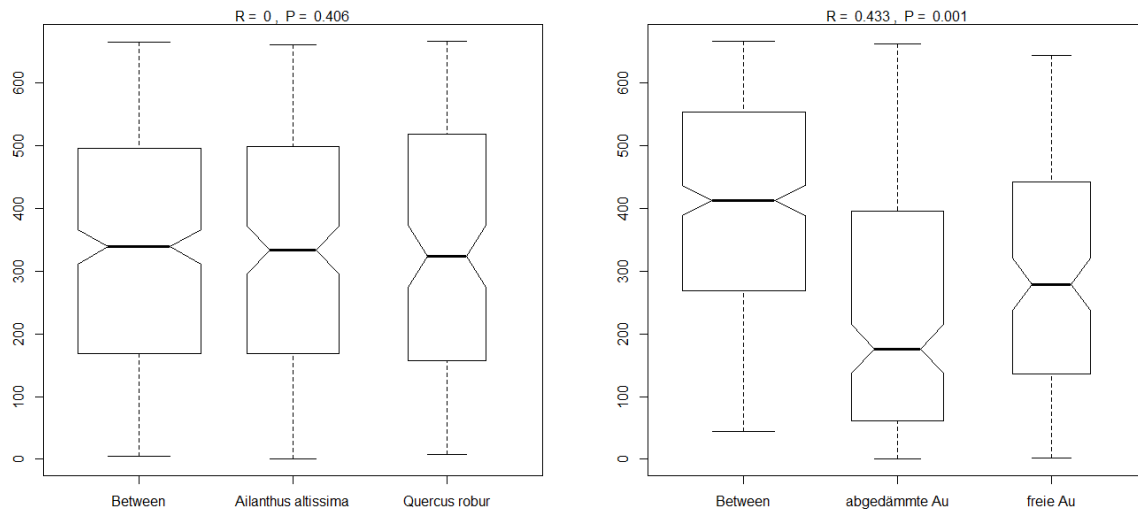


Abb. 5.41: (A) Boxplot der ANOSIM „Probengruppen“. (B) Boxplot der ANOSIM „Autyp“. Ausreißer wurden eliminiert.

5.4 *Impatiens parviflora*



Foto: Dario Güldner

5.5.1 Extrakte der Laubblätter

5.5.1.1 GC-MS Analyse

Die Ergebnisse der PCA der GC-MS-Proben der Laubblattextrakte von *I. parviflora* sind in Abbildung 5.42 dargestellt. Die erste Hauptkomponente (Dim 1) erklärt 28.68% und die zweite Hauptkomponente (Dim 2) 14.63% der Gesamtvarianz. Die Ausrichtung der ersten Hauptkomponente ist durch die positiv korrelierten Metaboliten Äpfelsäure (peak22.528), Zitronensäure (peak34.467) und myo-Inosit (peak42.605) bzw. durch die negativ korrelierten Monosaccharide Fructose (peak36.253, peak36.586) und Glucose (peak37.024, peak37.443) bestimmt. Fructose 3 (peak36.348), peak43.306, Galactose (peak37.847) und Threonsäure 1 (peak24.552) üben den stärksten Einfluss auf die zweite Hauptkomponente aus. Über die ersten beiden Hauptkomponenten kommt es zu keiner eindeutigen Aufteilung nach Probengruppen, lediglich die Gruppe „*Ailanthus altissima* 114“ ist in Summe stärker positiv zu der zweiten Hauptkomponente korreliert. Threonsäure 2 (peak25.321) charakterisiert vor allem die Gruppe „*Juglans regia* 505“.

Tab. 5.17: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.

	Dist	Dim.1	cos2	v.test	Dim.2	cos2	v.test
<i>Ailanthus altissima</i> 502	1.831	-0.547	0.089	-0.811	1.152	0.396	2.391
<i>Juglans regia</i> 505	1.664	0.725	0.190	1.075	-0.748	0.202	-1.554
<i>Quercus robur</i> 507	1.785	-0.178	0.010	-0.264	-0.403	0.051	-0.837

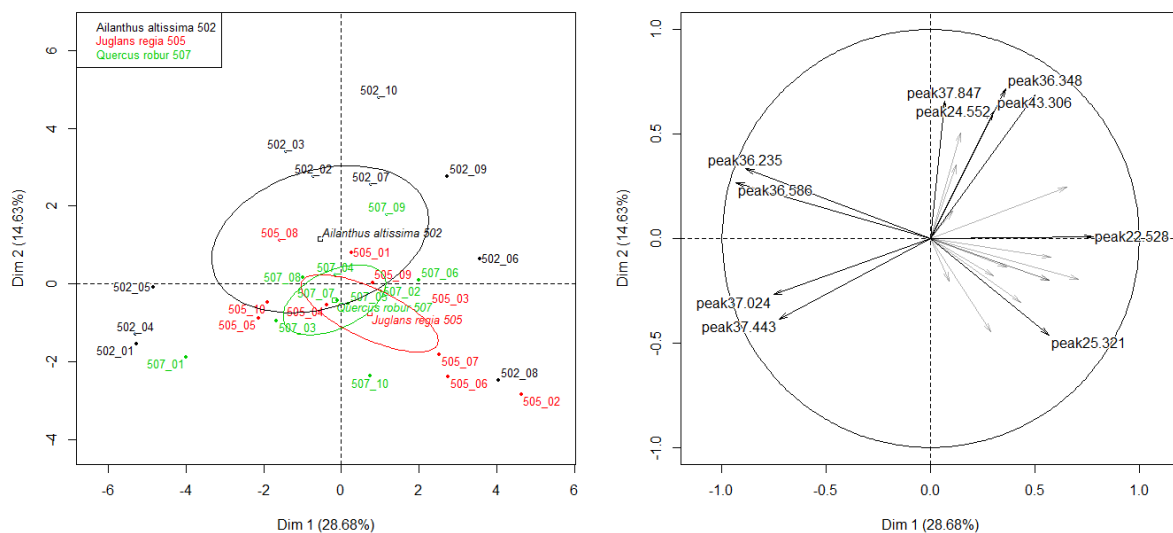


Abb. 5.42: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.

Die NMDS (Abb. 5.43) liefert ein mit der PCA (Abb. 5.42, A) vergleichbares Ergebnis. Die ANOSIM (Abb. 5.44, B) ergibt eine signifikante Unähnlichkeit zwischen den Probengruppen ($R^2 = 0.22$, $p = 0.001$), allerdings kann die Gruppe „*Ailanthus altissima* 502“ nicht von übrigen Gruppen unterschieden werden (vgl. Abb. 5.44, A).

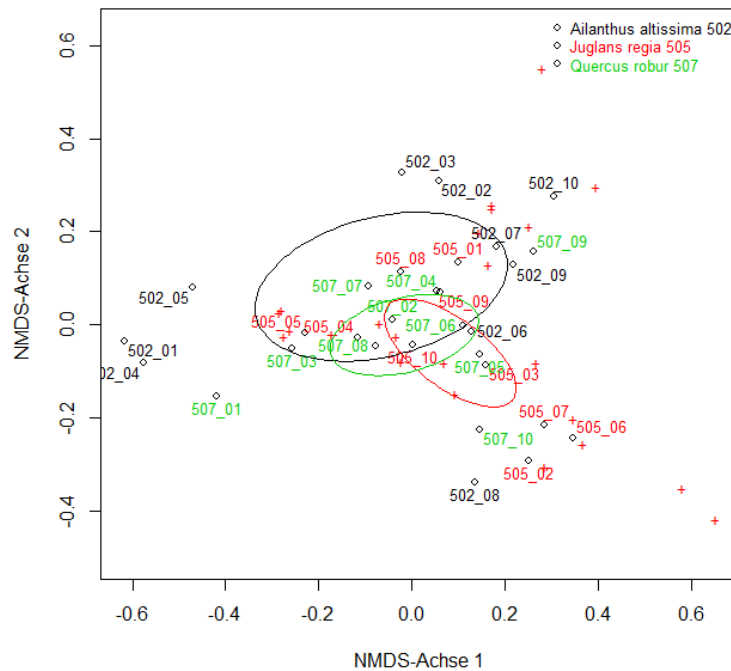


Abb. 5.43: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der GC-MS-Proben der Laubblattextrakte von *Impatiens parviflora*. 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.06401866

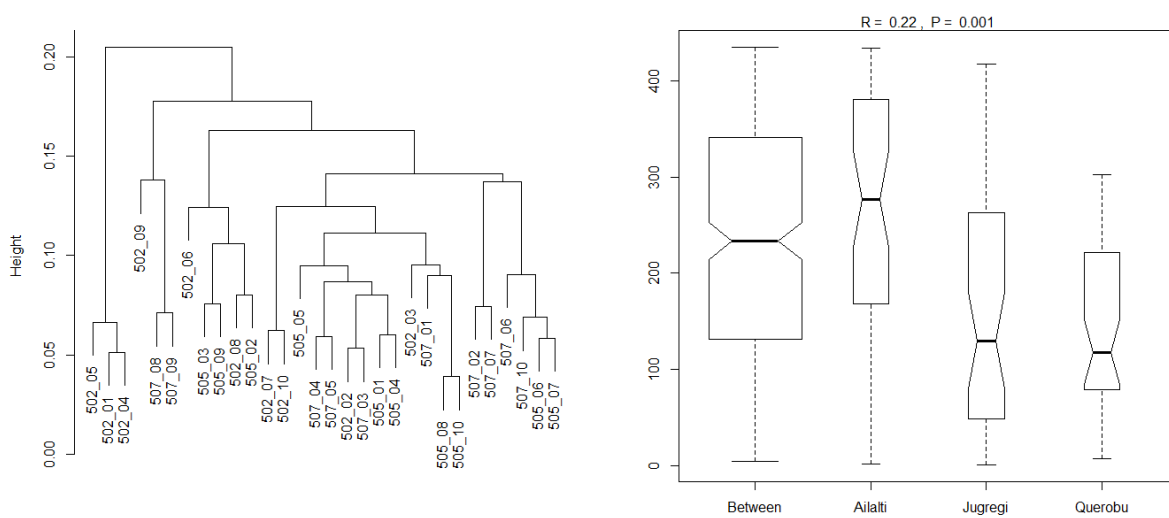


Abb. 5.44: (A) Hierarchische Clusteranalyse (*average-linkage*). (B) Boxplot der ANOSIM.

5.5.1.2 HPLC-Analyse

Die Ergebnisse der PCA der HPLC-Proben der Laubblattextrakte von *I. parviflora* sind in Abbildung 5.45 dargestellt. Die erste Hauptkomponente (Dim 1) erklärt 33.18% und die zweite Hauptkomponente (Dim 2) 16.68% der Gesamtvarianz. Die erste Hauptkomponente ist positiv zu einer Reihe unpolarer Metaboliten (v.a. peak97.165) bzw. negativ zu den Flavonoiden des Kaempferol-Typs (peak42.185, peak44.125) korreliert. Die Gruppe „*Ailanthus altissima* 502“ korreliert negativ zur ersten Hauptkomponente und kann von den übrigen Probengruppen unterschieden werden. Die Gruppe „*Quercus robur* 507“ ist zur zweiten Hauptkomponente positiv korreliert und erlaubt eine Unterscheidung zu „*Juglans regia* 505“.

Tab. 5.18: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.

	Dist	Dim.1	cos2	v.test	Dim.2	cos2	v.test
<i>Ailanthus altissima</i> 502	3.890	-3.246	0.696	-3.235	-1.783	0.210	-2.506
<i>Juglans regia</i> 505	2.552	1.207	0.224	1.203	-0.048	0.000	-0.067
<i>Quercus robur</i> 507	3.220	2.039	0.401	2.032	1.831	0.323	2.573

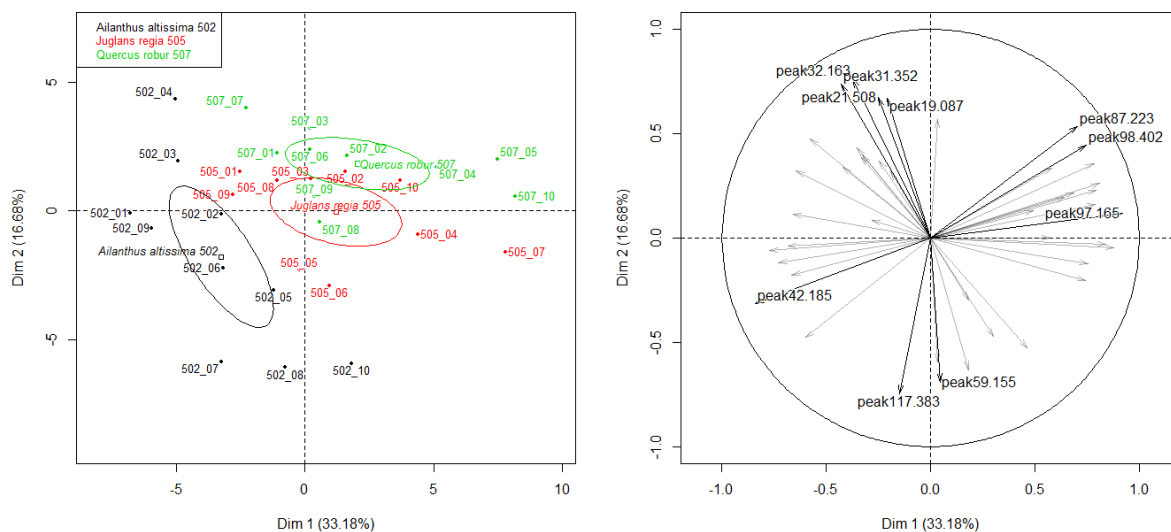


Abb. 5.45: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.

Die Ordination der NMDS (Abb. 5.46) spiegelt die Ähnlichkeitsverhältnisse der PCA wider (vgl. Abb. 5.45, A). Mittels ANOSIM (Abb. 5.47, B), konnte eine signifikante Unähnlichkeit ($R^2 = 0.292$, $p = 0.001$) zwischen den Gruppen festgestellt werden. „*Quercus robur* 507“ und „*Juglans regia* 505“ zeigen deutliche Unterschiede, während die Gruppe „*Ailanthus altissima* 502“ keine signifikanten Unähnlichkeiten zu den anderen Gruppen aufweist (Abb. 5.47, B).

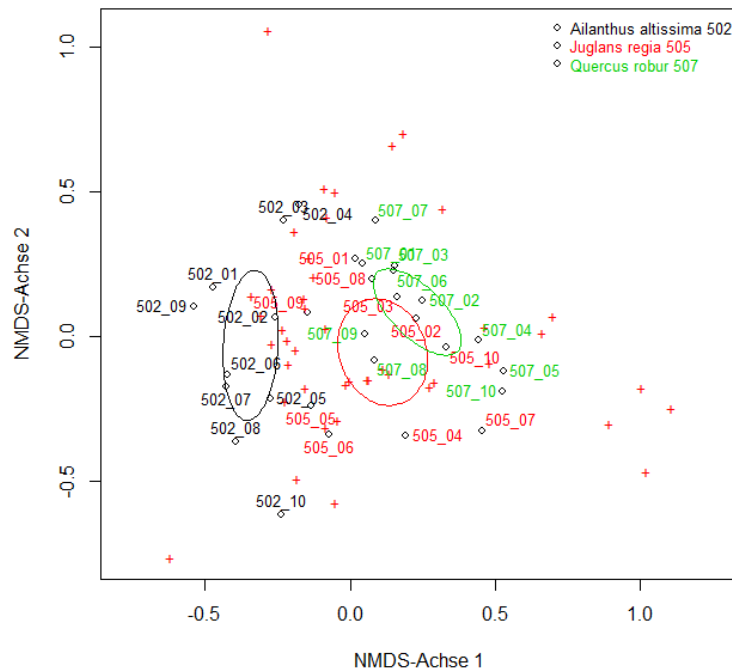


Abb. 5.46: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der HPLC-Proben der Laubblattextrakte von *Impatiens parviflora*. 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.03505485

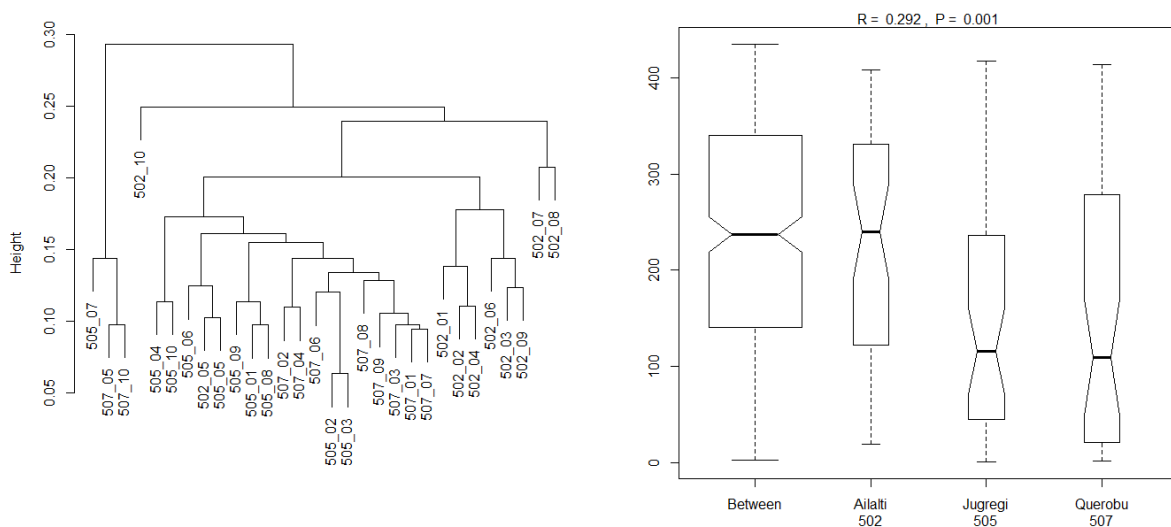


Abb. 5.47: (A) Hierarchische Clusteranalyse (*average-linkage*). (B) Boxplot der ANOSIM.

5.5.2 Extrakte der Wurzeln

5.5.2.1 GC-MS Analyse

Die Ergebnisse der PCA der GC-MS-Proben der Wurzelextrakte von *I. parviflora* sind in Abbildung 5.48 dargestellt. Die erste Hauptkomponente (Dim 1) erklärt 33.49% und die zweite Hauptkomponente (Dim 2) 21.05% der Gesamtvarianz. Die erste Hauptkomponente ist positiv zu Fructose (peak36.244, peak36.609) und Glucose (peak37.098, peak37.504) bzw. negativ zu Äpfelsäure (peak22.632, peak22.131) korreliert. Die Ausrichtung der zweiten Hauptkomponente ist maßgeblich durch Fructose 3 (peak36.793), peak15.405 und Glycerinsäure (peak15.643) bestimmt. Fructose (peak36.244, peak36.609) und Saccharose (peak57.686) sind negativ korreliert. Über die erste Hauptkomponente ist keine eindeutige Unterscheidung zwischen den Probengruppen möglich. Ein Großteil der Gruppe „*Ailanthus altissima* 502“ korreliert positiv zu der zweiten Hauptkomponente, motiviert durch die überdurchschnittlich hohen Werte der Metaboliten Glycerinsäure (peak15.643) und peak15.405.

Tab. 5.19: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.

	Dist	Dim.1	cos2	v.test	Dim.2	cos2	v.test
<i>Ailanthus altissima</i> 502	1.841	0.889	0.233	1.622	1.461	0.630	3.362
<i>Juglans regia</i> 505	1.194	-0.168	0.020	-0.306	-0.501	0.176	-1.154
<i>Quercus robur</i> 507	1.409	-0.721	0.262	-1.316	-0.960	0.464	-2.209

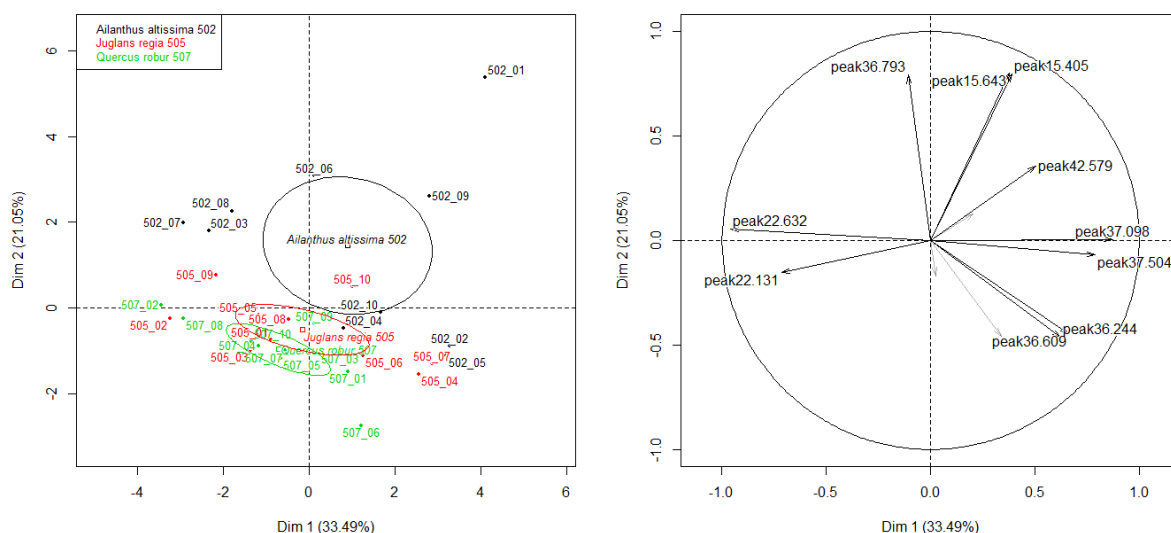


Abb. 5.48: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.

Die Ordination der NMDS (Abb. 5.49) entspricht in der Darstellung dem Scores-Plot der PCA (vgl. Abb. 5.48, A). Durch die ANOSIM (Abb. 5.50, B) konnte nur bedingt eine signifikante Unähnlichkeit zwischen den Proben Gruppen ($R^2 = 0.119$, $p = 0.031$) und keine signifikante Unähnlichkeit der Gruppe „*Ailanthus altissima* 502“ nachgewiesen werden.

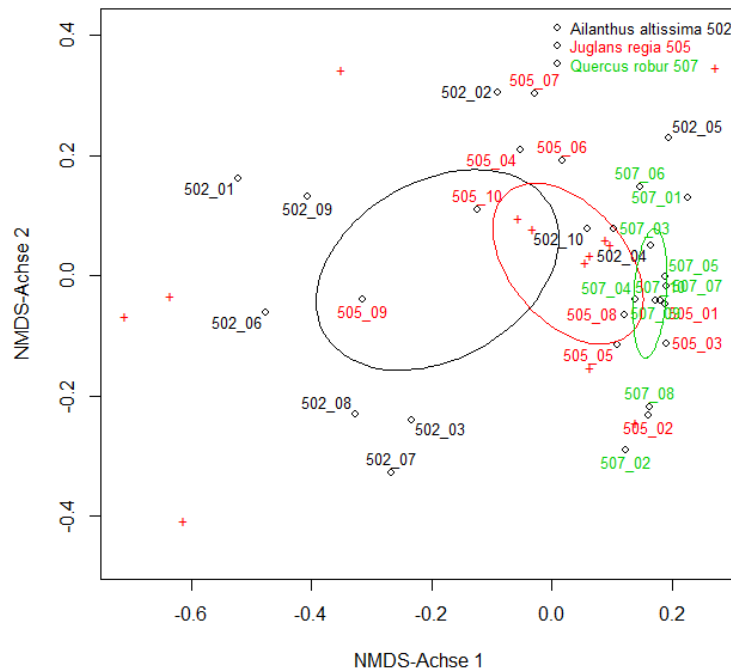


Abb. 5.49: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der GC-MS-Proben der Wurzelextrakte von *Impatiens parviflora*. 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.04658219

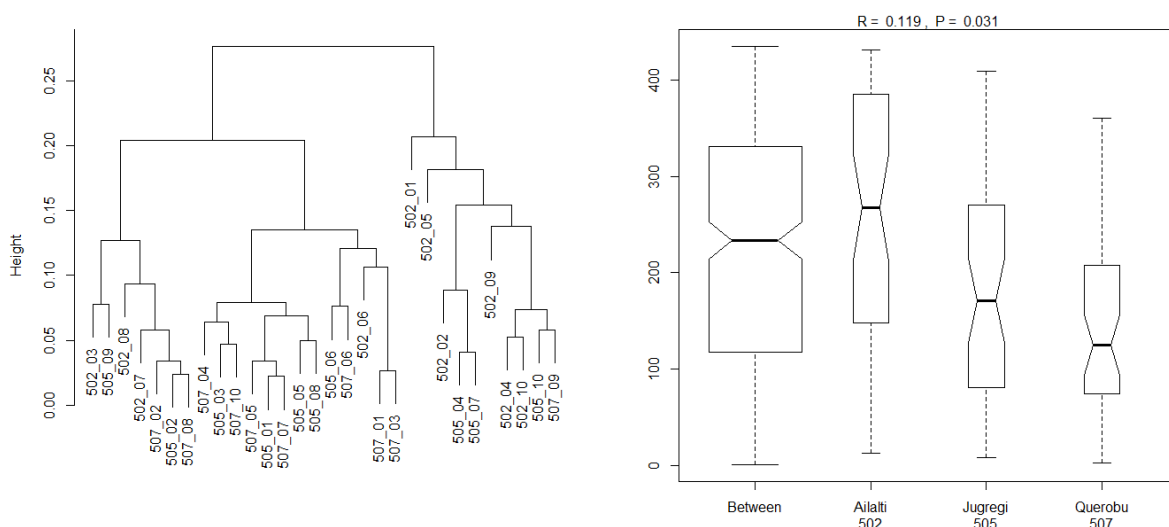


Abb. 5.50: (A) Hierarchische Clusteranalyse (*average-linkage*). (B) Boxplot der ANOSIM.

5.5.2.2 HPLC-Analyse

Die Ergebnisse der PCA der HPLC-Proben der Wurzelextrakte von *I. parviflora* sind in Abbildung 5.51 dargestellt. Die erste Hauptkomponente (Dim 1) erklärt 24.79% und die zweite Hauptkomponente (Dim 2) 13.49% der Gesamtvarianz. Die Gruppe „*Ailanthus altissima* 502“ ist eindeutig negativ mit der ersten Hauptkomponente korreliert, wird aber über die zweite Hauptkomponente zu gleichen Teilen getrennt. Die Gruppe „*Juglans regia* 505“ kann über die erste Hauptkomponente nicht deutlich von den übrigen Gruppen differenziert werden. Die zweite Hauptkomponente ermöglicht eine Unterscheidung der Gruppe „*Quercus robur* 507“ und „*Juglans regia* 505“.

Tab. 5.20: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.

	Dist	Dim.1	cos2	v.test	Dim.2	cos2	v.test
<i>Ailanthus altissima</i> 502	2.932	-2.422	0.682	-3.087	-0.589	0.040	-1.018
<i>Juglans regia</i> 505	2.580	1.405	0.297	1.791	1.936	0.563	3.344
<i>Quercus robur</i> 507	2.382	1.017	0.182	1.296	-1.346	0.319	-2.326

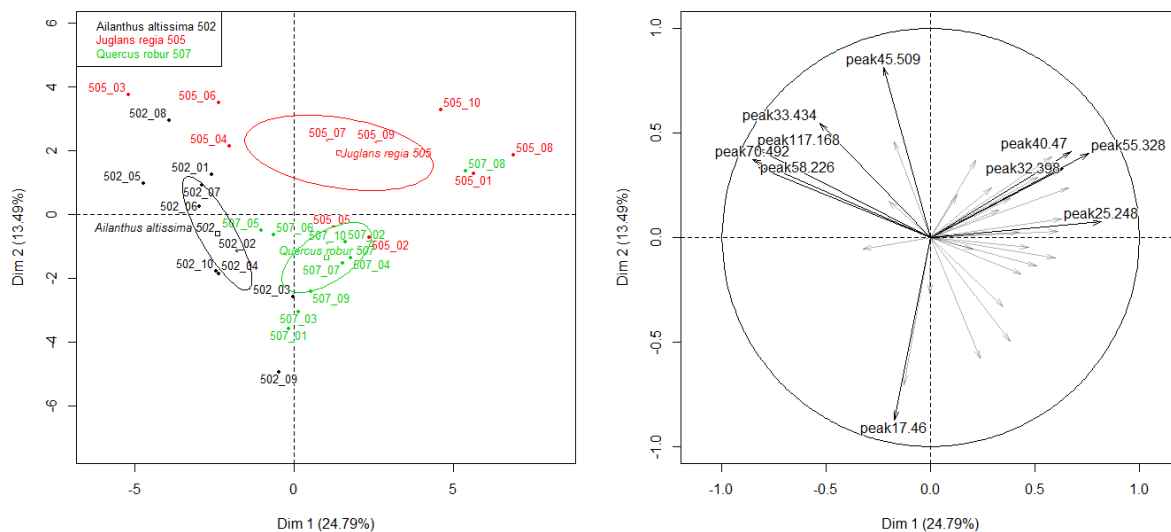


Abb. 5.51: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.

Die durch die NMDS (Abb. 5.52) dargestellten Ähnlichkeitsverhältnisse der Probengruppen korrespondieren mit den Ergebnissen der PCA (vgl. Abb. 5.51, A). Durch die ANOSIM (Abb. 5.53, B) konnte eine signifikante Unähnlichkeit zwischen den Probengruppen, bei mittlerer Effektstärke ($R^2 = 0.342$, $p = 0.001$) nachgewiesen werden. Die Gruppe „*Quercus robur* 507“ unterscheidet sich am stärksten von den übrigen Gruppen.

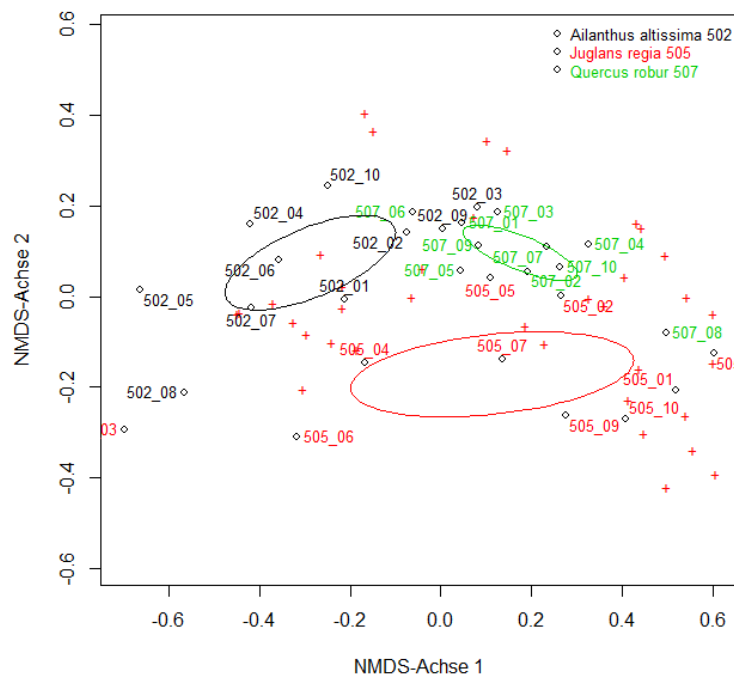


Abb. 5.52: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der HPLC-Proben der Wurzelextrakte von *Impatiens parviflora*. 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.04208361

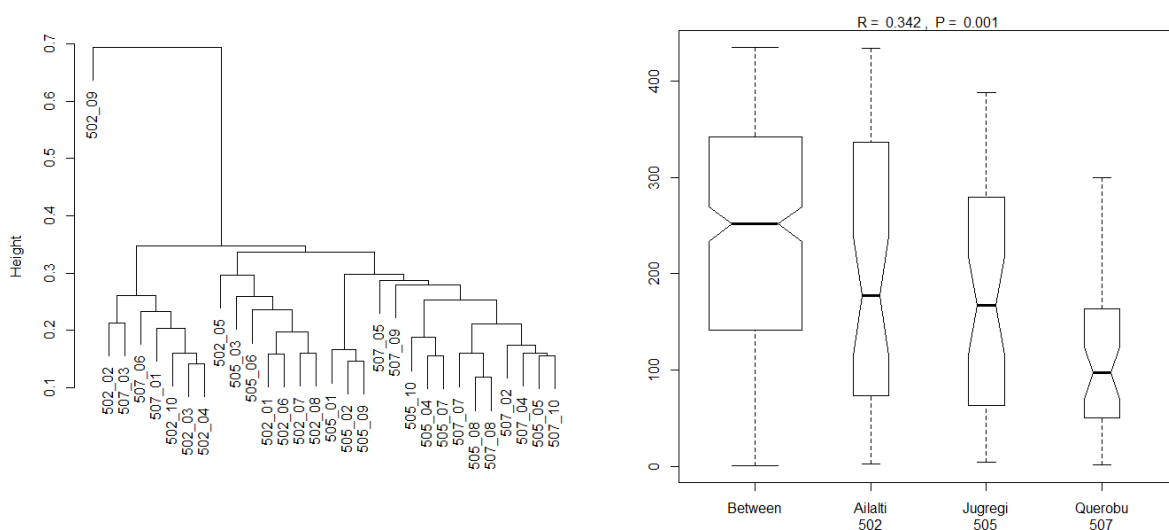


Abb. 5.53: (A) Hierarchische Clusteranalyse (*average-linkage*). (B) Boxplot der ANOSIM.

5.5 Solidago gigantea



Foto: Dario Güldner

5.5.1 Extrakte der Laubblätter

5.5.1.1 GC-MS Analyse

Die Ergebnisse der PCA der GC-MS-Proben der Laubblattextrakte von *S. gigantea* sind in Abbildung 5.54 dargestellt. Die erste Hauptkomponente (Dim 1) erklärt 28.06% und die zweite Hauptkomponente (Dim 2) 18.42% der Gesamtvarianz. Die erste Hauptkomponente ist positiv zu Fructose (peak36.266, peak36.596) und Glucose (peak36.995, peak37.471) bzw. negativ zu Saccharose (peak57.802), peak28.037, Pyruvat (peak25.138) und Trehalose (peak73.910) korreliert, und ermöglicht es die Probengruppen von *A. altissima* (803, 806) und *P. alba* (811, 812) klar zu unterscheiden. Die deutliche Gruppenbildung wird auch durch die Hierarchische Clusteranalyse gestützt (vgl. Abb. 5.56, A). Die Metaboliten peak50.290, peak42.648, peak28.037 und Threonsäure (peak25.363) tragen am stärksten zur zweiten Hauptkomponente bei und sind allesamt positiv korreliert. Die Gruppen „*Ailanthus altissima* 806“ und „*Populus alba* 811“ differenzieren sich erst über die zweite Hauptkomponente eindeutig, sind jedoch beide negativ korreliert.

Tab. 5.21: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.

	Dist	Dim.1	cos2	v.test	Dim.2	cos2	v.test
<i>Ailanthus altissima</i> 803	3.391	3.022	0.794	5.289	1.299	0.147	2.275
<i>Ailanthus altissima</i> 806	2.237	0.385	0.030	0.547	-1.898	0.720	-3.325
<i>Populus alba</i> 811	1.837	-0.352	0.037	-0.500	-0.814	0.196	-1.426
<i>Populus alba</i> 812	3.470	-3.056	0.775	-5.337	1.413	0.166	2.475

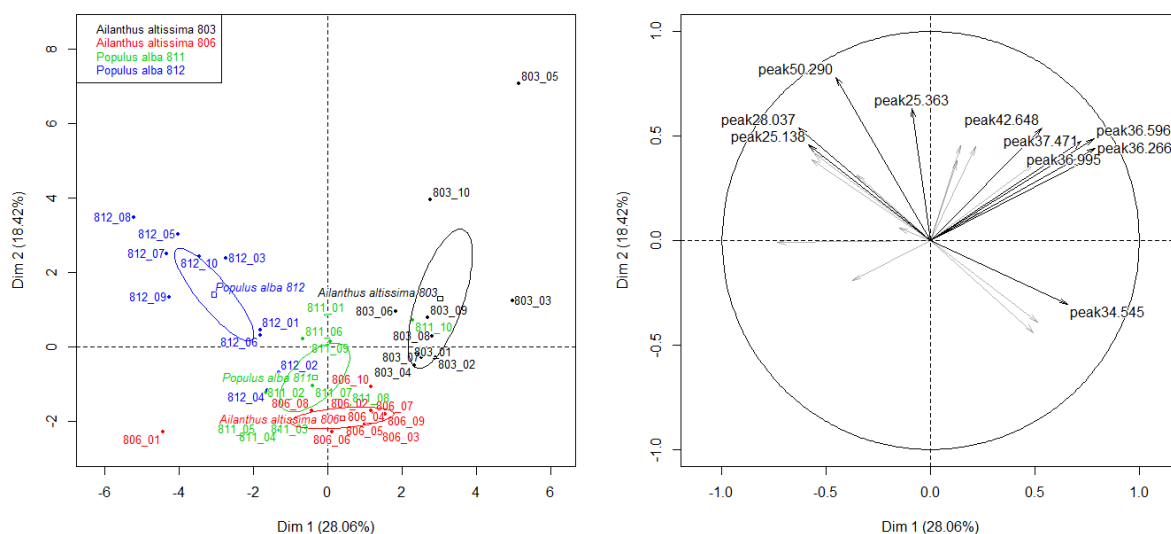


Abb. 5.54: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.

Die NMDS (Abb.5.55) ergibt im Vergleich zur PCA (Abb. 5.54) eine deutlich abweichende Ordination, bei genauerer Betrachtung korrespondieren die dargestellten Ähnlichkeitsverhältnisse der beiden Verfahren weitgehend. Durch die ANOSIM (Abb. 5.56, B) können ebenso signifikante Unterschiede zwischen den Probengruppen gezeigt werden ($R^2 = 0.433$, $p = 0.001$).

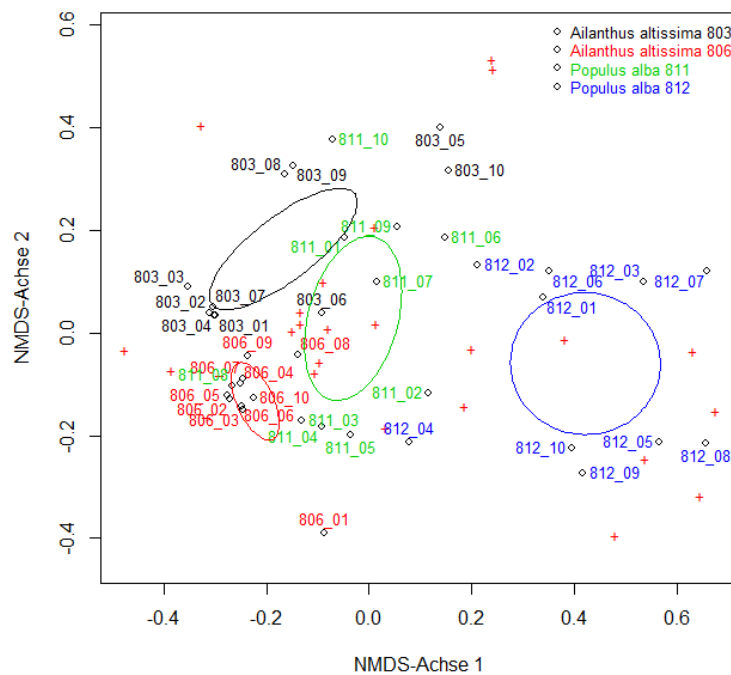


Abb. 5.55: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der GC-MS-Proben der Laubblattextrakte von *Solidago gigantea*. 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.04385421

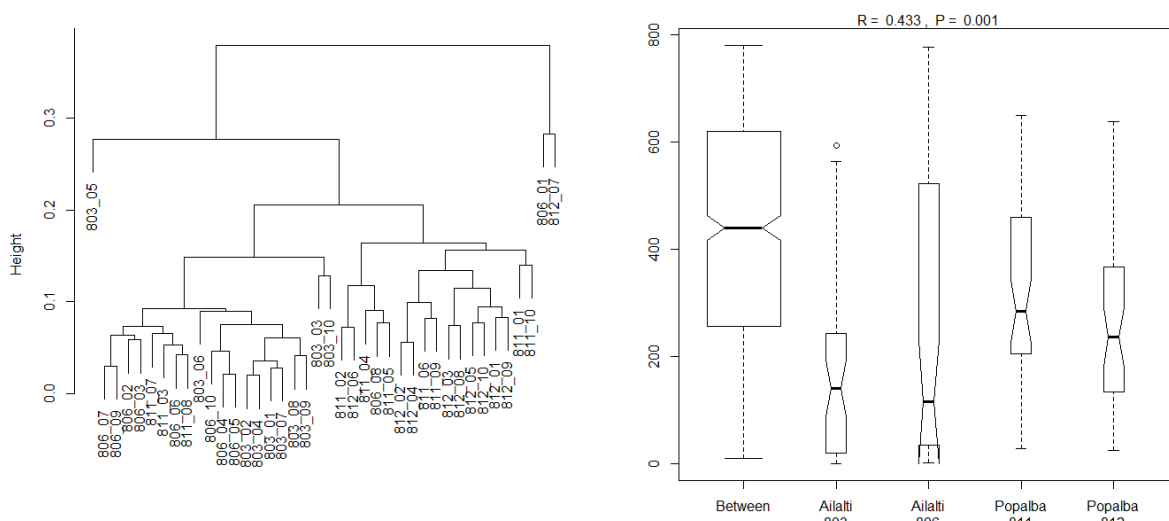


Abb. 5.56: (A) Hierarchische Clusteranalyse (average-linkage). (B) Boxplot der ANOSIM.

5.5.1.2 HPLC-Analyse

Die Ergebnisse der PCA der HPLC-Proben der Laubblattextrakte von *S. gigantea* sind in Abbildung 5.57 dargestellt. Die erste Hauptkomponente (Dim 1) erklärt 39.99% und die zweite Hauptkomponente (Dim 2) 14.37% der Gesamtvarianz. Die erste Hauptkomponente ist positiv zu einer Reihe unpolarer Metaboliten, wobei peak96.315 und 94.877 die höchsten Ladungen haben, bzw. negativ zu den Phenolsäuren peak21.016, peak22.544 und peak24.4 korreliert. Eine Reihe nicht näher identifizierter Metaboliten (peak29.048, peak25.707, peak30.672, peak31.765) bestimmen die Ausrichtung der zweiten Hauptkomponente. Für die Gruppe „*Populus alba* 812“ sind die Flavonoide des Rutin-Typs (peak38.189, peak42.085) höchst charakterisierend. Die erste Hauptkomponente erlaubt eine eindeutige Unterscheidung der Probengruppen von *A. altissima* (803, 806) und *P. alba* (811, 812), die durch eine ebenso klare Aufteilung in der Clusteranalyse (Abb. 5.59, A) gestützt wird. Im Gegensatz zu den Ergebnissen der GC-MS-Analyse (vgl. Abb. 5.54, A) besteht eine größere Ähnlichkeit zwischen den Gruppen „*Ailanthus altissima* 803“ und „*Populus alba* 811“.

Tab. 5.22: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.

	Dist	Dim.1	cos2	v.test	Dim.2	cos2	v.test
<i>Ailanthus altissima</i> 803	3.095	1.424	0.212	1.094	1.498	0.234	1.921
<i>Ailanthus altissima</i> 806	6.150	5.899	0.920	5.536	-1.229	0.040	-1.576
<i>Populus alba</i> 811	5.108	-2.791	0.461	-2.146	2.364	0.331	3.031
<i>Populus alba</i> 812	5.379	-5.532	0.710	-3.485	-2.633	0.240	-3.376

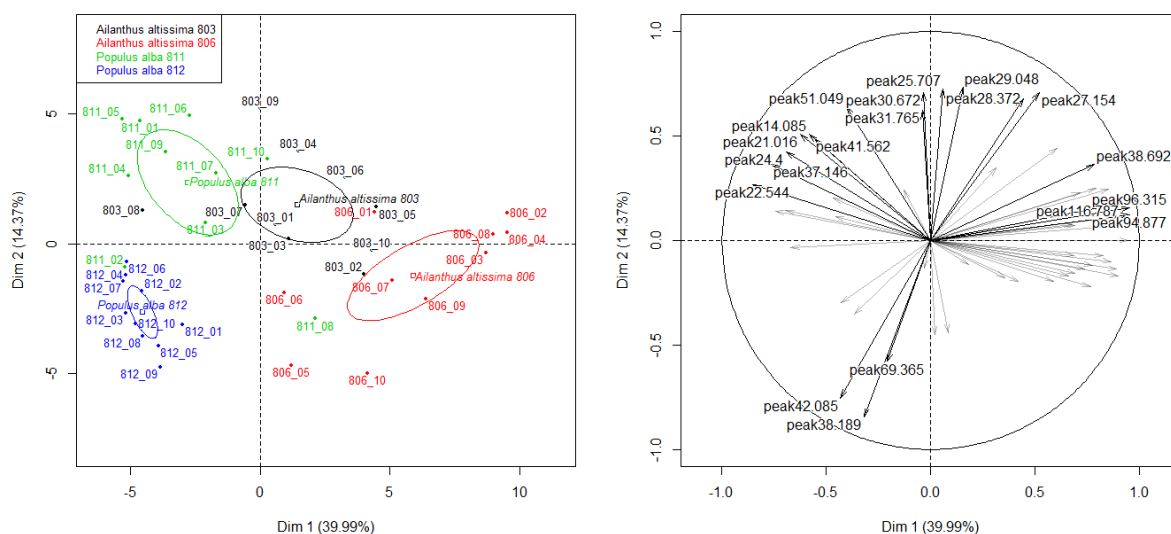


Abb. 5.57: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 20 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.

Die in der NMDS (Abb. 5.58) dargestellten Ähnlichkeitsverhältnisse korrespondieren mit der Ordination der PCA (vgl. Abb. 5.57, A). Mittels ANOSIM (5.59, B) konnte eine signifikante Unähnlichkeit zwischen den Proben Gruppen nachgewiesen werden ($R^2 = 0.595$, $p = 0.001$).

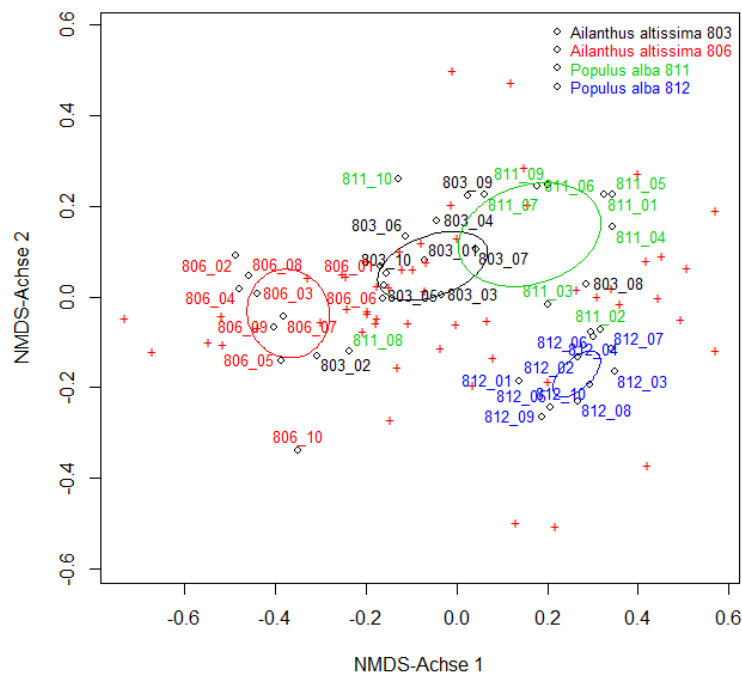


Abb. 5.58: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der HPLC-Proben der Laubblattextrakte von *Solidago gigantea*. 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.03736643

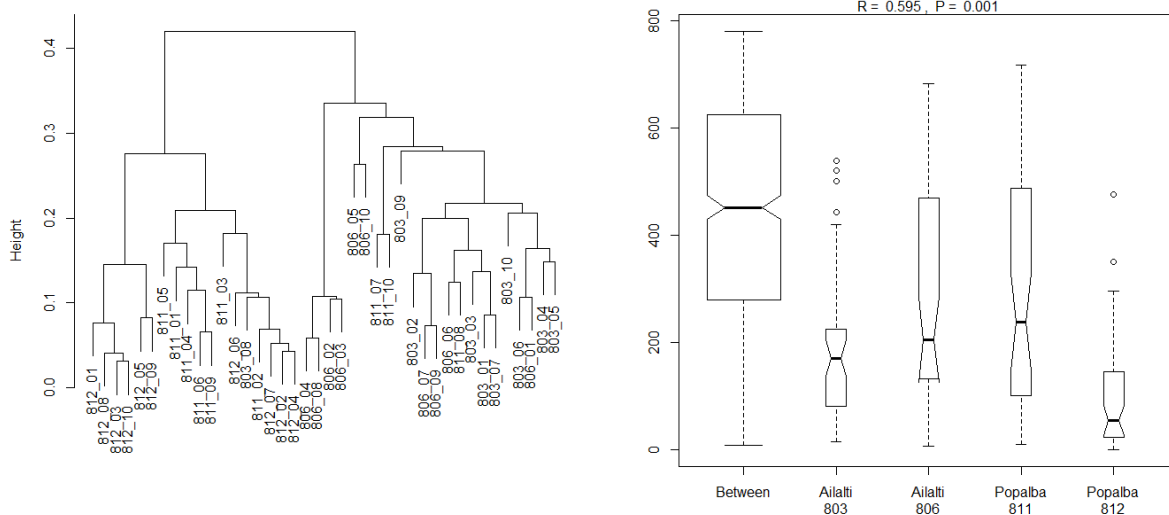


Abb. 5.59: (A) Hierarchische Clusteranalyse (*average-linkage*). (B) Boxplot der ANOSIM.

5.5.2 Extrakte der Wurzeln

5.5.2.1 GC-MS Analyse

Die Ergebnisse der PCA der GC-MS-Proben der Wurzelextrakte von *S. gigantea* sind in Abbildung 5.60 dargestellt. Die erste Hauptkomponente (Dim 1) erklärt 25.15% und die zweite Hauptkomponente (Dim 2) 15.01% der Gesamtvarianz. Die erste Hauptkomponente ist positiv zu Fructose (peak36.270, peak36.621) bzw. negativ zu den nicht näher identifizierten Diterpenen (peak50.462, peak55.377) korreliert. Bezüglich der zweiten Hauptkomponente tragen weitere nicht näher identifizierte Diterpene (peak53.971, peak52.009, peak51.728) sowie Zitronensäure (peak34.536) und Myo-Inosit (peak42.712) die höchsten Ladungswerte und sind allesamt positiv korreliert. Die Probengruppen von *A. altissima* und *P. alba*, besonders die Gruppen „*Populus alba* 812“ und „*Ailanthus altissima* 803“, sind über die erste Hauptkomponente eindeutig zu unterscheiden. Im Dendrogramm der Clusteranalyse (vgl. Abb. 5.62, A) kann jedenfalls eine schemenhafte Zweiteilung nach Baumarten wiedererkannt werden.

Tab. 5.23: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.

	Dist	Dim.1	cos2	v.test	Dim.2	cos2	v.test
Ailanthus altissima 803	2.936	2.702	0.847	3.886	-0.125	0.002	-0.233
Ailanthus altissima 806	1.797	0.977	0.295	1.404	-0.359	0.040	-0.668
Populus alba 811	2.526	-1.293	0.262	-1.860	1.304	0.267	2.427
Populus alba 812	3.090	-2.385	0.596	-3.430	-0.820	0.070	-1.526

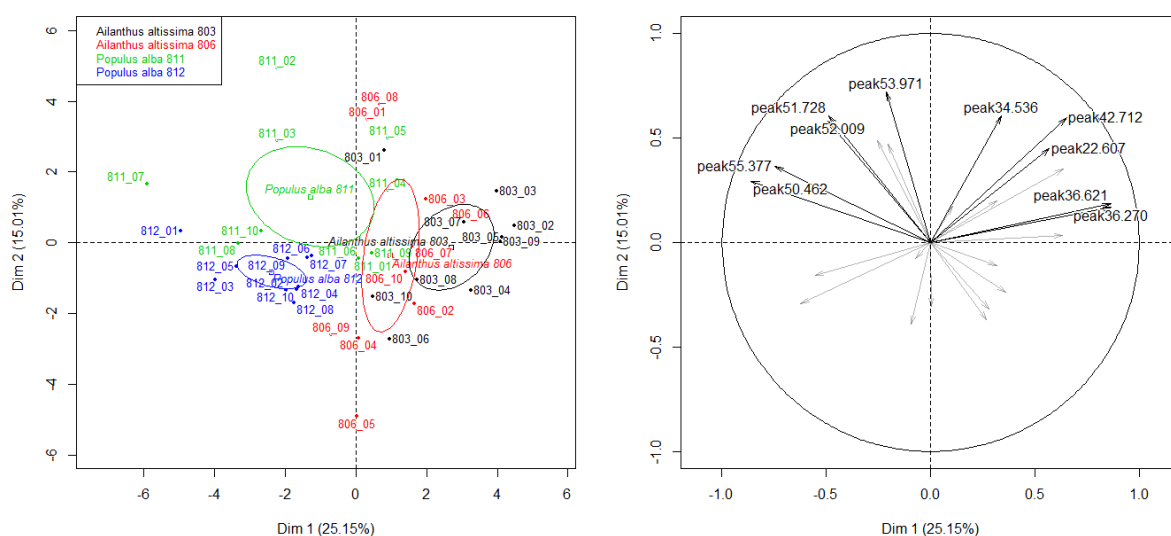


Abb. 5.60: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.

Analog zu der Ordination der PCA zeigt sich in der NMDS (Abb. 5.61) eine deutliche Unterscheidung der Gruppen „*Ailanthus altissima* 803“ und „*Populus alba* 812“. Eine signifikante Unähnlichkeit zwischen den Proben Gruppen konnte mittels ANOSIM (Abb. 5.62, B) nachgewiesen werden ($R^2 = 0.367$, $p = 0.001$). Die Gruppe „*Ailanthus altissima* 806“ weist die stärkste interne Streuung auf.

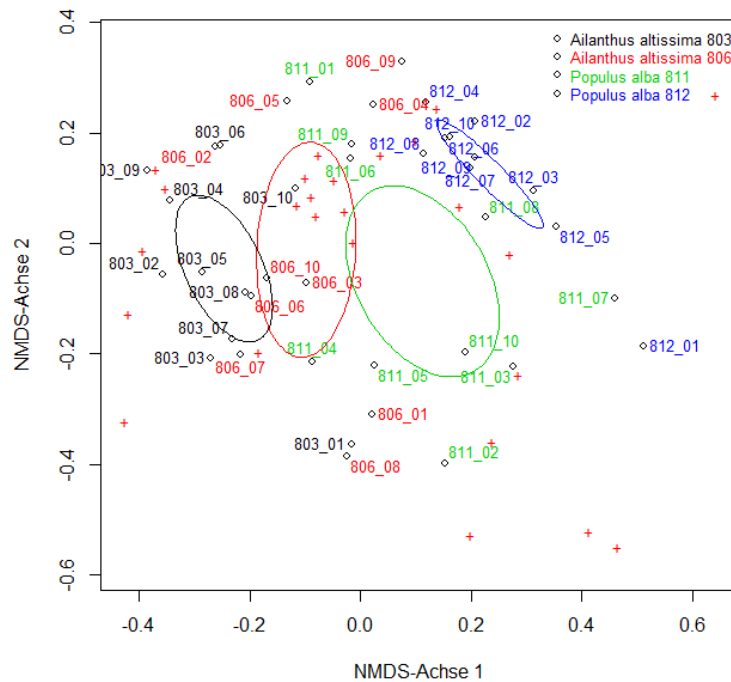


Abb. 5.61: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der GC-MS-Proben der Wurzelextrakte von *Solidago gigantea*. 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.06144181

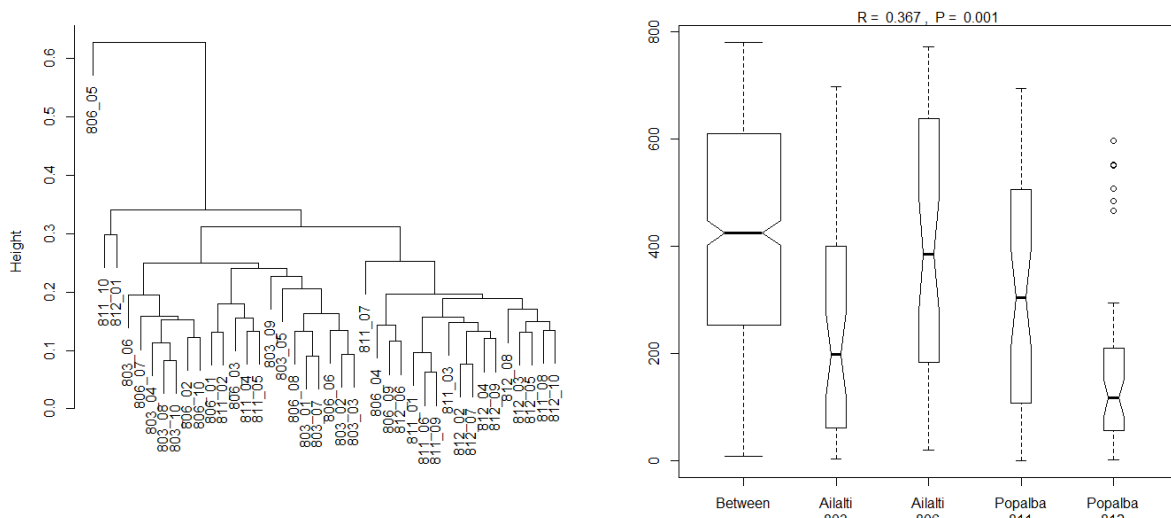


Abb. 5.62: (A) Hierarchische Clusteranalyse (average-linkage). (B) Boxplot der ANOSIM.

5.5.2.2 HPLC-Analyse

Die Ergebnisse der PCA der HPLC-Proben der Wurzelextrakte von *S. gigantea* sind in Abbildung 5.63 dargestellt. Die erste Hauptkomponente (Dim 1) erklärt 20.29% und die zweite Hauptkomponente (Dim 2) 19.23% der Gesamtvarianz. Die erste Hauptkomponente ist positiv zu einer Reihe nicht näher identifizierbarer Phenolsäuren (peak45.773, peak44.16, peak42.436, peak40.825, peak46.551) bzw. negativ zu peak84.285, peak87.814 und peak74.907 korreliert. Die Abgrenzung der Gruppen von *A. altissima* (803, 806) über die zweite Hauptkomponente ist vor allem durch die negativ korrelierten Metaboliten peak75.507, peak76.094 und peak37.676 motiviert. Über die erste Hauptkomponente können vor allem die Gruppen „*Populus alba* 811“ und „*Populus alba* 812“ relativ eindeutig differenziert werden. Die Gruppe „*Populus alba* 812“ unterscheidet sich am stärksten von allen übrigen Gruppen (vgl. Abb. 5.65, B). Eine klare Aufteilung der Gruppen von *A. altissima* (803, 806) und *P. alba* (811, 812) erfolgt erst über die zweite Hauptkomponente. Diese Gruppenbildung auf Basis der verschiedenen Baumarten ist ebenso in der Clusteranalyse (vgl. Abb. 5.65, A) zu erkennen.

Tab. 5.24: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.

	Dist	Dim.1	cos2	v.test	Dim.2	cos2	v.test
Ailanthus altissima 803	3.924	-0.643	0.027	-0.676	-3.215	0.671	-3.471
Ailanthus altissima 806	3.823	0.967	0.064	1.016	-2.854	0.557	-3.082
Populus alba 811	5.455	2.596	0.340	2.728	3.329	0.558	3.593
Populus alba 812	5.379	-2.920	0.445	-3.069	2.741	0.392	2.959

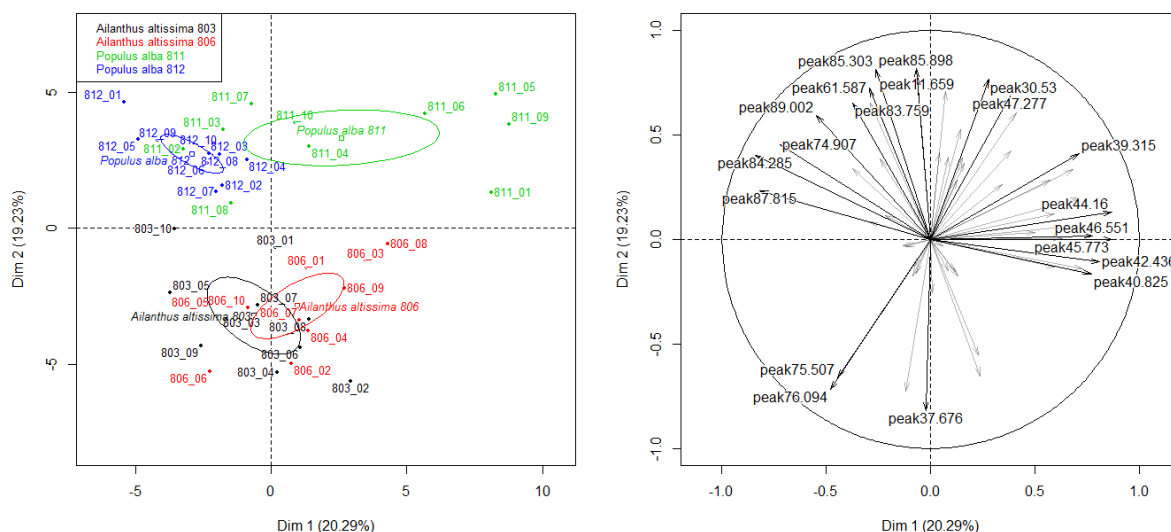


Abb. 5.63: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 20 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.

Eine klare Gruppenbildung ist auch aus der NMDS (Abb. 5.64) ersichtlich. Wie schon in der PCA erkennbar (vgl. Abb. 5.63, A), ist „*Populus alba* 812“ die kohärenteste Gruppe. Mittels ANOSIM (Abb. 5.65, B) konnte eine signifikante Unähnlichkeit zwischen den Proben Gruppen nachgewiesen werden ($R^2 = 0.481$, $p = 0.001$). Lediglich die Gruppe „*Populus alba* 811“ fällt durch starke interne Streuung auf (vgl. Abb. 5.63, B).

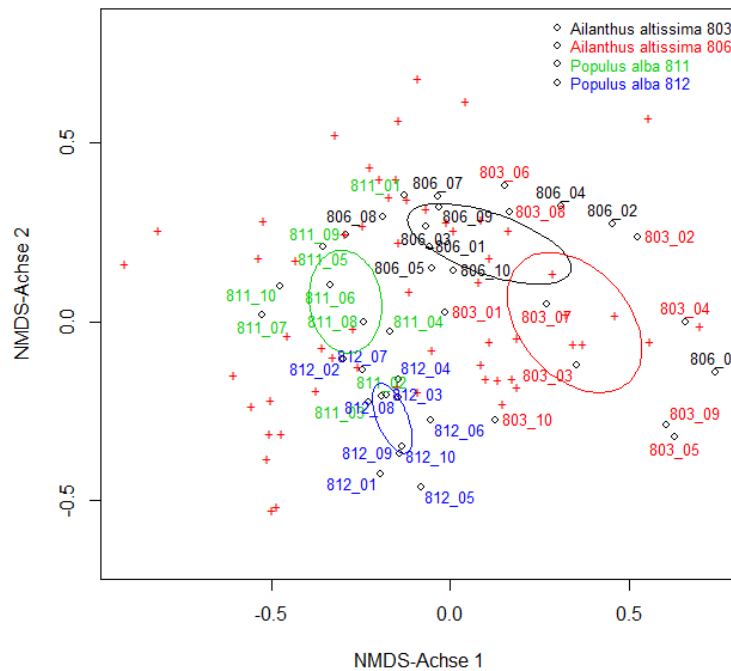


Abb. 5.64: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der HPLC-Proben der Wurzelextrakte von *Solidago gigantea*. 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.04735702

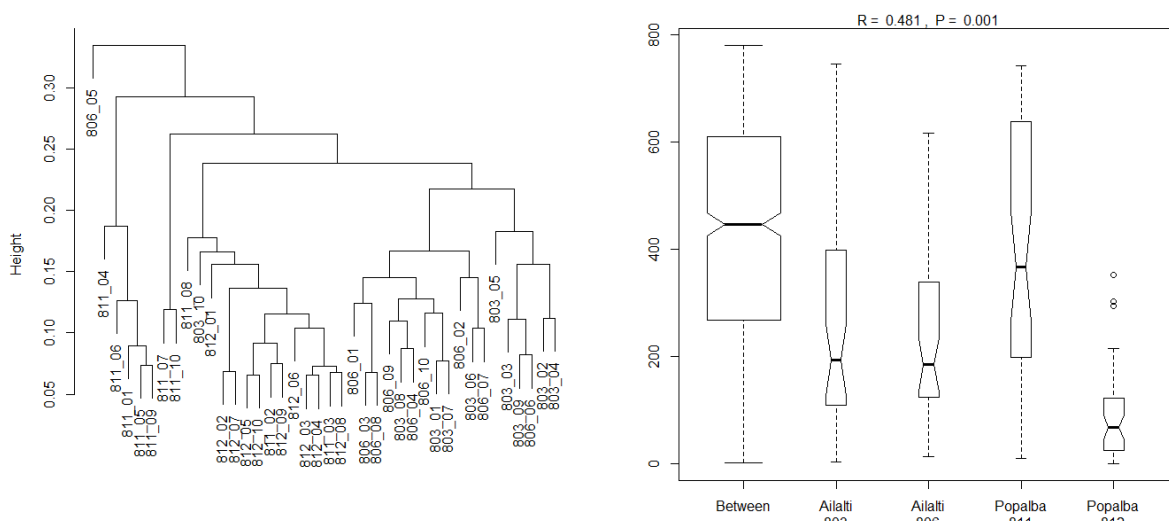


Abb. 5.65: (A) Hierarchische Clusteranalyse (average-linkage). (B) Boxplot der ANOSIM.

5.6 *Vitis vinifera* ssp. *sylvestris*



Foto: Dario Güldner

5.6.1 Extrakte der Laubblätter

5.6.1.1 GC-MS Analyse

Die Ergebnisse der PCA der GC-MS-Proben der Laubblattextrakte von *V. vinifera* ssp. *sylvestris* sind in Abbildung 5.66 dargestellt. Die erste Hauptkomponente (Dim 1) erklärt 32.85% und die zweite Hauptkomponente (Dim 2) 18.21% der Gesamtvarianz. Die erste Hauptkomponente ist positiv zu Saccharose (peak57.050) und peak37.687 positiv bzw. negativ zu Fructose (peak35.743, peak36.106) und Glucose (peak36.562, peak36.994) korreliert. Mannitol (peak39.841) und Glycerinsäure (peak15.588) tragen zur Ausrichtung der zweiten Hauptkomponente am stärksten bei. Eine Differenzierung nach Probengruppen bzw. zwischen den Gruppen „*Ailanthus altissima*“ und „Referenz“ über die ersten beiden Hauptkomponenten ist nicht ersichtlich. Lediglich die dritte Wiederholung (C) der Gruppe „*A. altissima*“ unterscheidet sich deutlicher gegenüber allen anderen Proben.

Tab. 5.25: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.

	Dist	Dim.1	cos2	v.test	Dim.2	cos2	v.test
Ailanthus altissima A	1.212	0.171	0.020	0.207	0.655	0.292	1.068
Ailanthus altissima B	1.320	-0.449	0.116	-0.545	-0.505	0.146	-0.823
Ailanthus altissima C	2.548	1.198	0.221	1.454	1.904	0.558	3.105
Referenz A	1.768	-0.889	0.253	-1.079	-0.571	0.104	-0.931
Referenz B	1.087	-0.555	0.261	-0.674	-0.586	0.290	-0.955
Referenz C	1.470	0.612	0.173	0.679	-1.047	0.507	-1.558

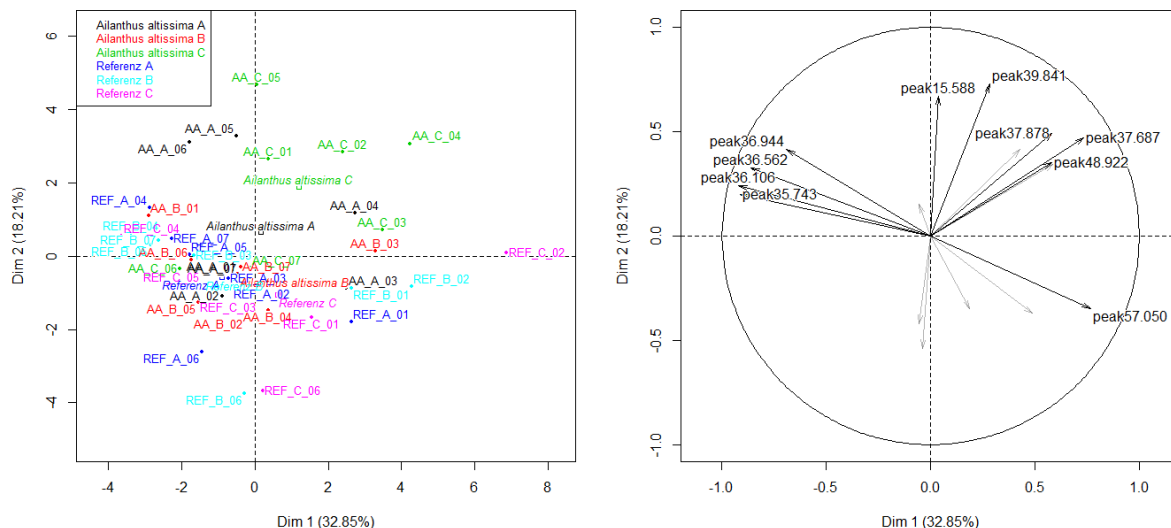


Abb. 5.66: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.

Die NMDS (Abb. 5.67) erbrachte analog zur PCA keine deutliche Separation zwischen den Gruppen „*Ailanthus altissima*“ und „Referenz“. Durch die ANOSIM (Abb. 5.68) konnte keine signifikante Unähnlichkeit zwischen den Proben Gruppen nachgewiesen werden ($R^2 = -0.011$, $p = 0.558$). Lediglich die dritte Wiederholung der Proben der Kategorie *Ailanthus altissima* (C) unterscheidet sich gegenüber allen anderen Gruppen deutlicher.

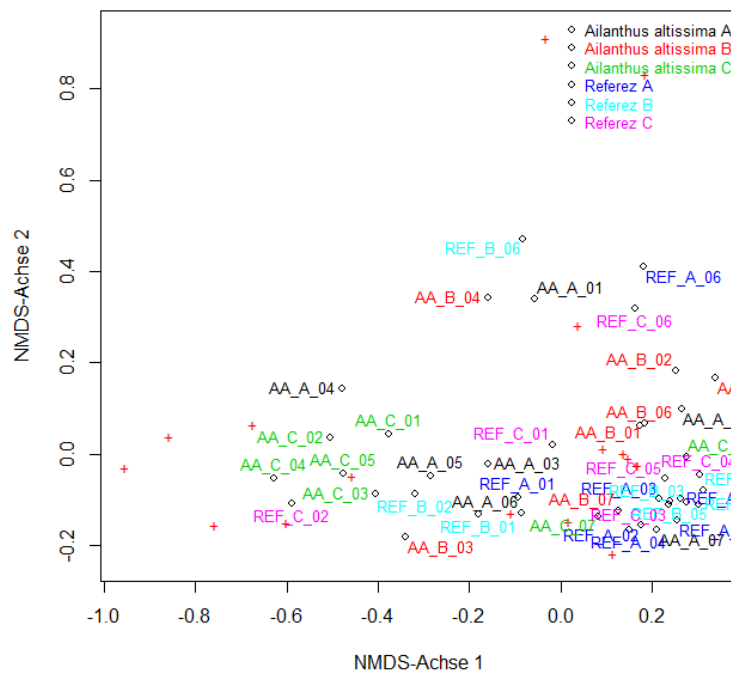


Abb. 5.67: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der GC-MS-Proben der Laubblattextrakte von *Vitis vinifera* ssp. *sylvestris*. 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.04298836

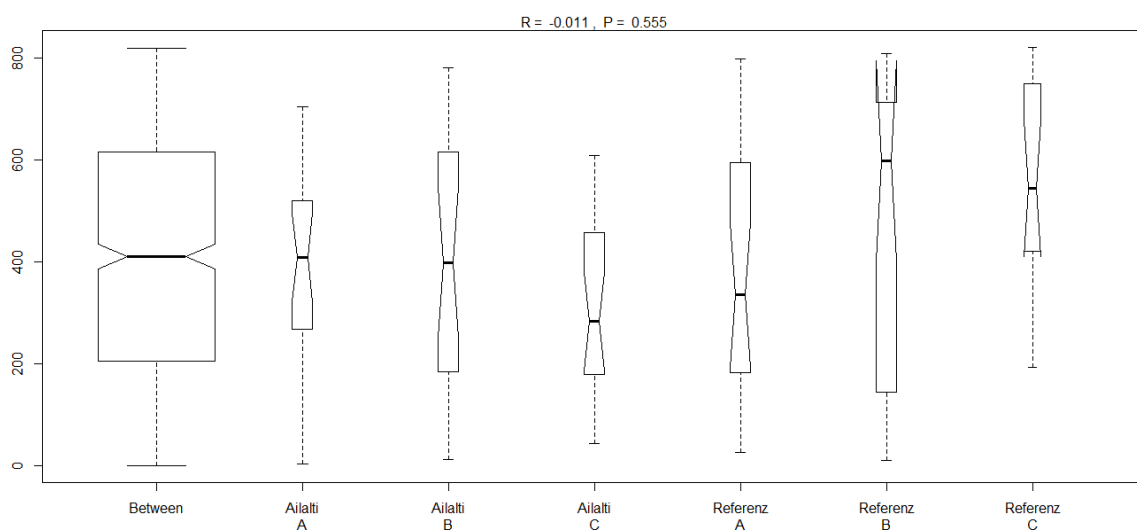


Abb. 5.68: Boxplot der ANOSIM.

Eine weitere ANOSIM (Abb. 5.69), wobei die Wiederholungen der Probengruppen (A, B, C) gemäß der Kategorien „*Ailanthus altissima*“ und „Referenz“ zusammengefasst wurden, erbrachte keine signifikanten Unähnlichkeiten zwischen den Kategorien ($R^2 = 0.05$, $p = 0.108$).

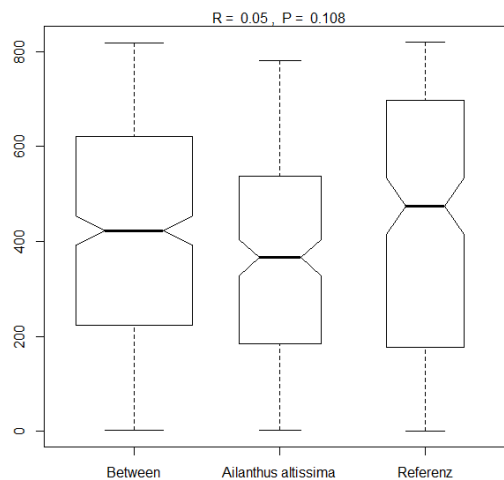


Abb. 5.69: Boxplot der ANOSIM – „*Ailanthus altissima*“ und „Referenz“.

Die Ähnlichkeitsanalyse mittels perMANOVA (Tab. 5.25) verdeutlicht das Ergebnis der ANOSIM (Abb. 5.69) noch drastischer. Zwischen den Metabolitenprofilen der Laubblätter von *Vitis vinifera* ssp. *sylvestris* unter dem Einfluss von *Ailanthus altissima* und jener der Referenzprobenflächen (Faktor SPEZIES) konnte kein signifikanter Unterschied nachgewiesen werden ($R^2 = 0.027$, $p = 0.338$). Die Ausgangshypothese muss abgelehnt werden.

Tab. 5.26: perMANOVA „*Ailanthus altissima*“ und „Referenz“.

	Df	SumsOfSqs	MeanSqs	F.Model	R2	Pr(>F)
SPEZIES	1	0.00935	0.0093546	1.1061	0.02758	0.338
Residuals	39	0.32985	0.0084576		0.97242	
Total	40	0.33920			1.00000	

Ein Vergleich zwischen Abbildung 5.67, Abbildung 5.68 und Abbildung 5.69 legt nahe, dass die Ähnlichkeiten der Metabolitenprofile der drei verschiedenen Laubblätter (A,B,C) desselben Exemplars von *Vitis vinifera* ssp. *sylvestris*, bedeutend größer als die Ähnlichkeit innerhalb der verschiedenen Probeflächen sind. Eine perMANOVA bezüglich des Faktors „Individuen“ (Tab. 5.15), bei der die Wiederholungen der Messungen (A, B, C) pro Individuum zusammengefasst wurden, bestätigt diesen Eindruck. 79% der Variation können hinsichtlich des Faktors „Individuen“ erklärt werden ($R^2 = 0.794$, $p = 0.001$).

Tab. 5.27: perMANOVA Basierend auf den Faktor „Individuen“.

	Df	SumsOfSqs	MeanSqs	F.Model	R2	Pr(>F)
Individuen	13	0.26941	0.020723	8.0167	0.79423	0.001 ***
Residuals	27	0.06980	0.002585		0.20577	
Total	40	0.33920			1.00000	

6. Diskussion

Die Diskussion der Ergebnisse der chromatographischen Analysen bezieht sich hauptsächlich auf die besser interpretierbaren Ergebnisse der GC-MS-Analysen. Eine nähere Diskussion der Veränderungen der Stoffwechselprofile, basierend auf den Ergebnissen der HPLC-Analysen, gestaltet sich schwieriger, aufgrund der zum großen Teil fehlenden Strukturaufklärung der Analyten. Eine Kopplung mit Massenspektroskopie (HPLC-MS) würde besser interpretierbare Ergebnisse liefern.

Asarum europaeum und *Galanthus nivalis*

Die Untersuchungen zu *Asarum europaeum* und *Galanthus nivalis* bezüglich der Probeflächen, die unter dem Einfluss von *Ailanthus altissima* standen, ergaben weder für *A. europaeum* noch für *G. nivalis* signifikante Unterschiede in Relation zu den anderen Probengruppen (Tab. 6.1). Eine Ausnahme bildet die Probengruppe der HPLC-Analyse der Wurzeln von *A. europaeum*. Die Metabolitenprofile beider Arten, die unter dem Einfluss von *A. altissima* standen, charakterisierte ein tendenziell höherer Saccharose-Gehalt.

Tab. 6.1: Unähnlichkeitsverhältnisse und Effektstärke der Probengruppen. *A. europaeum* und *G. nivalis*.

		<i>Ailanthus altissima</i>	<i>Quercus robur</i>	<i>Tilia cordata</i>	ANOSIM		perMANOVA	
<i>Asarum europaeum</i>		114	108	124	R ²	p	R ²	P
Laubblätter	GC-MS	~	+	X	0.261	0.002	0.318	0.002
	HPLC	~	~	+	0.363	0.001	0.291	0.001
Wurzeln	GC-MS	X	X	X	0.005	0.399	0.098	0.188
	HPLC	+	X	~	0.269	0.001	0.222	0.003
<i>Galanthus nivalis</i>								
Laubblätter	GC-MS	X	~	+	0.120	0.019	0.289	0.009
	HPLC	X	~	+	0.141	0.011	0.148	0.031
Wurzeln	GC-MS	~	+	X	0.180	0.002	0.187	0.021
	HPLC	X	~	+	0.118	0.015	0.125	0.024

(+), (~) und (X) beschreiben die Qualität, mit der eine Gruppe von den anderen Gruppen unterschieden werden kann. (+) Die Gruppe ist eindeutig von den anderen Gruppen zu unterscheiden. (~) Die Unähnlichkeit innerhalb der Gruppe unterschreitet kaum oder nur geringfügig die Unähnlichkeit zwischen den Gruppen. (X) Die Unähnlichkeit innerhalb der Gruppe entspricht, respektive überschreitet die Unähnlichkeit zwischen den Gruppen.

Fructose und Glucose erwiesen sich bei allen angewendeten multivariaten Analysen als differenzierend auf die verschiedenen Probengruppen, (vgl. Ergebnisse der GC-MS-Analysen, Kap. 5). *A. europaeum* weist, sowohl in den Laubblättern, als auch in den Wurzeln, unter dem Einfluss von *Q. robur*, respektive *G. nivalis* unter *Tilia cordata*, die höchsten Fructose und Glucose-Gehälter auf. Die durchgehend relativ geringe Effektstärke (ANOSIM, Tab. 6.1), insbesondere der Untersuchungen von *G. nivalis*, deutet darauf hin, dass die ausgewählten Baumarten geringen Einfluss auf die Schwankungen im Stoffwechselprofil haben.

Impatiens noli-tangere

Die Gegenwart der Baumarten *A. altissima* und *Q. robur* in den beiden Untersuchungsflächen 1 und 5 erlaubten es, eine vergleichende Betrachtung des Einflusses der beiden Baumarten auf *Impatiens noli-tangere* anzustellen (Tab. 6.2). Beide Untersuchungsflächen können dem *Fraxino-Ulmetum* Tx. Ex Oberd. 1953 zugeordnet werden. Die Fläche 5 stellt eine typische Ausprägung (subass. *typicum*) des mitteleuropäischen Stieleichen-Ulmen-Eschen-Auwaldes dar, wohingegen die Fläche 1 der Subassoziation *caricetosum albae* (Oberd. 1957) („Lindenau“ sensu Jelem 1974) zuzuordnen ist (Willner & Grabherr 2007). Fläche 5 befindet sich im Bereich der freien Au (unabgedämmter Bereich) des Nationalparks Donauauen, Fläche 1 im abgedämmten Bereich des Nationalparks.

Tab. 6.2: Unähnlichkeitsverhältnisse und Effektstärke der Probengruppen. *I. noli-tangere* & *I. parviflora*.

		<i>Ailanthus altissima</i>	<i>Quercus robur</i>	<i>Ailanthus altissima</i>	<i>Juglans regia</i>	<i>Quercus robur</i>	ANOSIM		perMANOVA	
<i>Impatiens noli-tangere</i>		114	108	502	505	507	R ²	p	R ²	p
Laubblätter	GC-MS	+	+	+	+	+	0.427	0.001	0.392	0.001
	HPLC	+	~	+	+	+	0.382	0.001	0.349	0.001
Wurzeln	GC-MS	~	~	+	+	~	0.341	0.001	0.471	0.001
	HPLC	+	+	x	+	+	0.347	0.001	0.317	0.001
<i>Impatiens parviflora</i>										
Laubblätter	GC-MS			x	+	+	0.220	0.001	0.170	0.026
	HPLC			x	+	+	0.292	0.001	0.274	0.001
Wurzeln	GC-MS			x	~	+	0.119	0.031	0.156	0.059
	HPLC			~	~	+	0.342	0.001	0.250	0.001

(+), (~) und (X) beschreiben die Qualität mit der eine Gruppe von den anderen unterschieden werden kann. (+) Die Gruppe ist eindeutig von den anderen Gruppen zu unterscheiden. (~) Die Unähnlichkeit innerhalb der Gruppe unterschreitet kaum oder nur geringfügig die Unähnlichkeit zwischen den Gruppen. (X) Die Unähnlichkeit innerhalb der Gruppe entspricht, respektive überschreitet die Unähnlichkeit zwischen den Gruppen.

Die Veränderungen in der Zusammensetzung der Stoffwechselprofile von *I. noli-tangere* sind primär durch standörtliche Faktoren erklärbar. Die Individuen unter dem Einfluss von *A. altissima* und *Q. robur* der Untersuchungsfläche 1 unterschieden sich gleichermaßen gegenüber den Individuen der Untersuchungsfläche 5 durch höhere Konzentrationen von Fructose und Saccharose in den Laubblättern, respektive Fructose und Glucose in den Wurzeln. Charakteristisch für die Individuen der freien Au waren relativ gesehen höhere Anteile an *myo-Inosit*, Threonsäure und Zitronensäure in den Laubblättern bzw. Äpfelsäure in den Wurzeln. Lediglich unter *Juglans regia* war der Äpfelsäuregehalt geringer und der Flavonoid-Gehalt deutlich höher als in den Vergleichsgruppen. Die Individuen unter dem Einfluss von *Q. robur* konnten nur über die Laubblattextrakte, durch ihren erhöhten Glucose-Gehalt, von den Individuen unter dem Einfluss von *A. altissima* unterschieden werden. Zusammenfassend betrachtet differenzierten sich die Metabolitenprofile von *I. noli-tangere* stärker über standörtliche Faktoren, als dass sie durch die verschiedenen Baumarten unterschiedlich sind.

Solidago gigantea

Der Vergleich zwischen den beiden Baumarten *Populus alba* und *A. altissima* lieferte eindeutig feststellbare Veränderungen in der Metabolitenkomposition von *Solidago gigantea* (Tab. 6.3) und reflektiert damit den in den Vegetationsaufnahmen (siehe Appendix) festgehaltenen Gradienten, der Deckungsverhältnisse von *S. gigantea*, zwischen den *A. altissima* und *P. alba* dominierten Probeflächen.

Tab. 6.3: Unähnlichkeitsverhältnisse und Effektstärke der Probengruppen. *Solidago gigantea*.

		<i>Ailanthus altissima</i>	<i>Ailanthus altissima</i>	<i>Populus alba</i>	<i>Populus alba</i>	ANOSIM		perMANOVA	
<i>Solidago gigantea</i>		803	806	811	812	R ²	p	R ²	P
Laubblätter	GC-MS	+	+	~	+	0.433	0.001	0.386	0.001
	HPLC	+	+	+	+	0.595	0.001	0.551	0.001
Wurzeln	GC-MS	+	~	~	+	0.367	0.001	0.328	0.001
	HPLC	+	+	~	+	0.481	0.001	0.404	0.001

(+), (~) und (X) beschreiben die Qualität mit der eine Gruppe von den anderen unterschieden werden kann. (+) Die Gruppe ist eindeutig von den anderen Gruppen zu unterscheiden. (~) Die Unähnlichkeit innerhalb der Gruppe unterschreitet kaum oder nur geringfügig die Unähnlichkeit zwischen den Gruppen. (X) Die Unähnlichkeit innerhalb der Gruppe entspricht, respektive überschreitet die Unähnlichkeit zwischen den Gruppen.

Vergleichend betrachtet traten erhöhte Fructose- und Glucosekonzentrationen vermehrt unter *A. altissima* auf, wohingegen die Individuen unter *P. alba* durch einen überdurchschnittlich hohen Gehalt an Oligosacchariden in den Blättern sowie Diterpenen in den unterirdischen Organen charakterisiert sind. Erhöhte Konzentrationen an Diterpenen konnten auch in den Laubblättern der Individuen unter *P. alba* nachgewiesen werden (vgl. GC-MS-Analysen Kap. 5.5). Die HPLC-Analysen der Extrakte, der von *P. alba* dominierten Probeflächen, von *S. gigantea* ergaben erhöhte Flavonoidkonzentrationen in den Laubblättern, respektive einen erhöhten Phenolsäure-Gehalt in den Wurzeln der Individuen. Diese Veränderungen im Metabolitenprofil erlauben Rückschlüsse auf eine Stressreaktion (Dixon & Paiva 1995, Solecka 1997). Ein Vergleich mit den Vegetationsaufnahmen der Probeflächen (Kap. 4.3) zeigt deutliche Deckungsunterschiede von *S. gigantea* zwischen *P. alba* und *A. altissima* dominierten Flächen. Eine mögliche Ursache der eindeutig differenzierbaren Metabolitenprofile ist eventuell auf die Kompensation der Strahlungsverhältnisse unter den verschiedenen Baumarten zurückzuführen. *P. alba* zeichnet sich durch eine offene, breit ausladende Kronenform aus (vgl. Abb. 4.3.X), während *A.*

altissima Koriba's Kronenmodell entspricht (Hallé et al. 1978) und somit weniger lichtdurchlässige Verhältnisse erzeugt. Dass *S. gigantea* unter *P. alba* deutlich kompetitiver ist, dürfte in der photophilen Natur von *S. gigantea* begründet sein (vgl. Oberdorfer 2001).

Vitis vinifera ssp. *sylvestris*

Für die Analyse von *Vitis vinifera* ssp. *sylvestris* wurden, sowohl für die Probengruppen der von *A. altissima* dominierten Flächen, als auch für jene der Referenzflächen, je drei verschiedene Laubblätter derselben Probepflanze untersucht. Die Untersuchungen ergaben trotz mehrfacher Mess-Wiederholungen keine signifikante Gruppenbildung hinsichtlich der Trägerbaumart. Zwischen den Metabolitenprofilen der Laubblätter von *V. vinifera* ssp. *sylvestris* unter dem Einfluss von *Ailanthus altissima* und jener der Referenzprobeflächen konnte kein signifikanter Unterschied nachgewiesen werden ($R^2 = 0.027$, $p = 0.338$). Die Veränderungen der Metabolitenprofile sind am stärksten über die Unterschiede der einzelnen Individuen von *V. vinifera* ssp. *sylvestris* erklärbar ($R^2 = 0.794$, $p = 0.001$). Die Trägerbäume, respektive verschiedenen Probeflächen hatten auf Musteränderungen im Stoffwechselprofil von *V. vinifera* ssp. *sylvestris* einen zu vernachlässigenden Einfluss.

Zusammenfassend betrachtet, konnten messbare Einflüsse durch die verschiedenen Baumarten auf das Metabolitenprofil einiger Pflanzenarten ihrer Begleitvegetation festgestellt werden. Der direkte Vergleich mit standörtlichen Faktoren (siehe *I. noli-tangere*) relativiert jedoch die Bedeutung der erfassten Effekte durch die Bäume. Des Weiteren wurden im Zuge dieser Studie weder edaphische Bedingungen, noch andere Faktoren wie z.B. Strahlung berücksichtigt, wodurch die auslösenden Faktoren der dokumentierten Effekte ungeklärt bleiben. Gravierende Differenzen der edaphischen Verhältnisse zwischen bzw. innerhalb der untersuchten Probeflächen können aber zumindest in Anbetracht der hohen Gleichheit der Vegetationseinheiten der untersuchten Aufnahmeflächen mit hoher Wahrscheinlichkeit ausgeschlossen werden.

Ein generalisierendes Urteil über den signifikant verschiedenen Einfluss von *Ailanthus altissima* auf seine Begleitvegetation in Relation zu den verglichenen Baumarten kann auf der Basis der vorliegenden Ergebnisse nicht gefällt werden.

7. Literaturverzeichnis

- ADLER, W., OSWALD, K. & FISCHER, M., (1994). *Exkursionsflora Österreichs*. Ulmer Verlag, Stuttgart; Wien.
- ANDERSON, M. J., (2001). *A new method for non-parametric multivariate analysis of variance*. Austral Ecology, 26(1), 32-46.
- BRAUN-BLANQUET, J., (1951). *Pflanzensoziologie. Grundzüge der Vegetationskunde*. Springer-Verlag, Wien.
- DIXON, R. A., & PAIVA, N. L., (1995). *Stress-induced phenylpropanoid metabolism*. The Plant Cell, 7(7), 1085.
- DRESCHER, A., FRAISSL, C., MAGNES, M. (2005). *Nationalpark Donauauen*. In: WALLNER, R. M. (Hrsg.): *Aliens. Neobiota in Österreich*. Bd. 15: 222-254, Böhlau, Wien, Köln, Weimar.
- HADACEK, F., (2002). *Secondary metabolites as plant traits: current assessment and future perspectives*. Critical Reviews in Plant Sciences, 21(4), 273-322.
- HADACEK, F., BACHMANN, G., ENGELMEIER, D., & CHOBOT, V., (2011). *Hormesis and a Chemical Raison D'être for Secondary Plant Metabolites*. Dose-response, 9(1), 79-116.
- HALLÉ, F., OLDEMAN, R. A. A., TOMLINSON, P.B., (1978). *Tropical trees and forests. An architectural analysis*. Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg, New York.
- HEISEY, R. M., (1996). *Identification of an allelopathic compound from Ailanthus altissima (Simaroubaceae) and characterization of its herbicidal activity*. American Journal of Botany, 192-200.
- HILL, M. O., (1979). *TWINSPAN: A Fortran Program for Arranging Multivariate Data in an Ordered Two-way Table by Classification of the Individuals and Attributes*. Ithaca, NY, USA: Ecology and Systematics, Cornell University.
- IASON, G. R., LENNON, J. J., PAKEMAN, R. J., THOSS, V., BEATON, J. K., SIM, D. A., & ELSTON, D. A., (2005). *Does chemical composition of individual Scots pine trees determine the biodiversity of their associated ground vegetation?*. Ecology Letters, 8(4), 364-369.
- JÄGER, E.J. & WERNER, K., (2000). *Exkursionsflora von Deutschland*. 4 Bde., Bd. 3, Gefäßpflanzen: Atlasband. Spektrum Akademischer Verlag.
- LAWRENCE, J. G., COLWELL, A., & SEXTON, O. J., (1991). *The ecological impact of allelopathy in Ailanthus altissima (Simaroubaceae)*. American journal of Botany, 948-958.
- LEYER, I. & WESCHE, K., (2007). *Multivariate Statistik in der Ökologie. Eine Einführung*. Springer-Verlag. Berlin Heidelberg.

- MCARDLE, B. H.; ANDERSON, M. J., (2001). *Fitting multivariate models to community data: a comment on distance-based redundancy analysis*. Ecology, 2001, 82. Jg., Nr. 1, S. 290-297.
- MOLISCH, H., (1937). *Der Einfluß der einen Pflanze auf die andere: Allelopathie*. Gustav Fischer, Jena.
- MUCINA, L.; GRABHERR, G. & WALLNÖFER, S., (1993). *Die Pflanzengesellschaften Österreichs*. Teil III. Gustav Fischer Verlag Jena, Stuttgart.
- OBERDORFER, E., (2001). *Pflanzensoziologische Exkursionsflora für Deutschland und angrenzende Gebiete*. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart.
- REITER, K. (1998). *VEGI. Programm zur Erstellung von Vegetationstabellen*. Manuskript, Institut für Ökologie und Naturschutz, Universität Wien.
- SOLECKA, D., (1997). *Role of phenylpropanoid compounds in plant responses to different stress factors*. Acta Physiologiae Plantarum, 19(3), 257-268.
- WAGNER, I. (2009). *The Danube Floodplain National Park Habitats—Application of the Object-based Image Analysis approach*. In: Geospatial Crossroads@ GI_Forum'09. Proceedings of the Geoinformatics Forum Salzburg. Heidelberg, München, Landsberg, Frechen, Hamburg: Herbert Wichmann Verlag (pp. 218-227).
- WILLNER, W. & GRABHERR, G. (2007). *Die Wälder und Gebüsche Österreichs: Ein Bestimmungswerk mit Tabellen*. Bd. 1. Spektrum Akademischer Verlag. München.
- TRAXLER, A. (1998). *Handbuch des Vegetationsökologischen Monitorings. Methoden, Praxis, angewandte Projekte*. Teil A: Methoden. Umweltbundesamt, Wien.

8. Abbildungsverzeichnis

Abb. 2.1: Nationalpark Donauauen.	8
Abb. 3.1: Untersuchungsflächen im Nationalpark Donauauen. Quelle: Nationalpark Donauauen GmbH.	9
Abb. 3.2: Shepard Diagramm einer zwei-dimensionalen Lösung (links, in weiterer Folge als A bezeichnet) und einer fünf-dimensionalen Lösung (rechts, in weiterer Folge als B bezeichnet) des <i>Impatiens noli-tangere</i> HPLC-Datensatzes der Laubblätter.	17
Abb. 3.3: Vergleich der Stresswerte n-dimensionaler Lösungen. Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) des <i>Impatiens noli-tangere</i> HPLC-Datensatzes der Laubblätter.	18
Abb. 4.1: Aufnahme­fläche 108. <i>Quercus robur</i> innerhalb des Quadranten rechts im Bild. Foto: Dario Güldner	20
Abb. 4.2: Aufnahme­fläche 114. <i>Ailanthus altissima</i> im Quadranten rechts im Bild. Foto: Iris Wagner	21
Abb. 4.3: Aufnahme­fläche 124. Mehrere Individuen von <i>Tilia cordata</i> . Foto: Dario Güldner	22
Abb. 4.4: Aufnahme­fläche 502. <i>Ailanthus altissima</i> im Quadranten (in der Mitte des Bildes). Foto: Dario Güldner	24
Abb. 4.5: Aufnahme­fläche 502. <i>Juglans regia</i> im Quadranten. Foto: Dario Güldner	25
Abb. 4.6: Aufnahme­fläche 507. <i>Quercus robur</i> im Quadranten. Foto: Dario Güldner	26
Abb. 4.7: Aufnahme­fläche 803. Foto: Dario Güldner	28
Abb. 4.8: Aufnahme­fläche 812. Foto: Dario Güldner	29
Abb. 4.9: Luftbildaufnahme des Gebietes westlich von Schönau. Untersuchungsfläche 9. (AA) <i>Ailanthus altissima</i> . (REF) Referenzflächen. Quelle: Nationalpark Donauauen GmbH.	30
Abb. 4.10: <i>V. vinifera</i> ssp. <i>sylvestris</i> mit <i>Ailanthus altissima</i> als Trägerbaum. Foto: Dario Güldner	31
Abb. 4.11: Entnahme einer Probe von <i>V. vinifera</i> ssp. <i>sylvestris</i> in Referenzfläche 3 & 4. Foto: Dario Güldner	31
Abb. 5.1: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.	34
Abb. 5.2: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der GC-MS-Proben der Laubblattextrakte von <i>Asarum europaeum</i> . 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.0449671.	35
Abb. 5.3: (A) Hierarchische Clusteranalyse (<i>average-linkage</i>). (B) Boxplot der ANOSIM.	35
Abb. 5.4: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.	36
Abb. 5.5: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der HPLC-Proben der Laubblattextrakte von <i>Asarum europaeum</i> . 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.07182494.	37
Abb. 5.6: (A) Hierarchische Clusteranalyse (<i>average-linkage</i>). (B) Boxplot der ANOSIM.	37
Abb. 5.7: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.	38
Abb. 5.8: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der GC-MS-Proben der Wurzelextrakte von <i>Asarum europaeum</i> . 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.06779892.	39
Abb. 5.9: (A) Hierarchische Clusteranalyse (<i>average-linkage</i>). (B) Boxplot der ANOSIM.	39
Abb. 5.10: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.	40

Abb. 5.11: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der HPLC-Proben der Wurzelextrakte von <i>Asarum europaeum</i> . 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.06311272	41
Abb. 5.12: (A) Hierarchische Clusteranalyse (<i>average-linkage</i>). (B) Boxplot der ANOSIM.	41
Abb. 5.13: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind alle 7 Peaks des Datensatzes.	43
Abb. 5.14: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der GC-MS-Proben der Laubblattextrakte von <i>Galanthus nivalis</i> . 4-dimensionale Lösung. Stress: 0.01613284	44
Abb. 5.15: (A) Hierarchische Clusteranalyse (<i>average-linkage</i>). (B) Boxplot der ANOSIM.	44
Abb. 5.16: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.	45
Abb. 5.17: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der HPLC-Proben der Laubblattextrakte von <i>Galanthus nivalis</i> . 6-dimensionale Lösung. Stress: 0.05256974	46
Abb. 5.18: (A) Hierarchische Clusteranalyse (<i>average-linkage</i>). (B) Boxplot der ANOSIM.	46
Abb. 5.19: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind alle 8 Peaks des Datensatzes.	47
Abb. 5.20: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der GC-MS-Proben der Wurzelextrakte von <i>Galanthus nivalis</i> . 4-dimensionale Lösung. Stress: 0.03334691	48
Abb. 5.21: (A) Hierarchische Clusteranalyse (<i>average-linkage</i>). (B) Boxplot der ANOSIM.	48
Abb. 5.22: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.	49
Abb. 5.23: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der HPLC-Proben der Wurzelextrakte von <i>Galanthus nivalis</i> . 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.06311161	50
Abb. 5.24: (A) Hierarchische Clusteranalyse (<i>average-linkage</i>). (B) Boxplot der ANOSIM.	50
Abb. 5.25: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.	52
Abb. 5.26: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der GC-MS-Proben der Laubblattextrakte von <i>Impatiens noli-tangere</i> . 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.07220087	53
Abb. 5.27: (A) Hierarchische Clusteranalyse (<i>average-linkage</i>). (B) Boxplot der ANOSIM.	53
Abb. 5.28: (A) Boxplot der ANOSIM „Probengruppen“. (B) Boxplot der ANOSIM „Autyp“.	54
Abb. 5.29: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 20 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.	55
Abb. 5.30: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der HPLC-Proben der Laubblattextrakte von <i>Impatiens noli-tangere</i> . 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.04858217	56
Abb. 5.31: (A) Hierarchische Clusteranalyse (<i>average-linkage</i>). (B) Boxplot der ANOSIM.	56
Abb. 5.32: (A) Boxplot der ANOSIM „Probengruppen“. (B) Boxplot der ANOSIM „Autyp“.	57
Abb. 5.33: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.	58
Abb. 5.34: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der GC-MS-Proben der Wurzelextrakte von <i>Impatiens noli-tangere</i> . 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.06397138	59

Abb. 5.35: (A) Hierarchische Clusteranalyse (<i>average-linkage</i>). (B) Boxplot der ANOSIM.	59
Abb. 5.36: (A) Boxplot der ANOSIM „Probengruppen“. (B) Boxplot der ANOSIM „Autyp“.	60
Abb. 5.37: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 20 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.	61
Abb. 5.38: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der HPLC-Proben der Wurzelextrakte von <i>Impatiens noli-tangere</i> . 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.06298956	62
Abb. 5.39: (A) Hierarchische Clusteranalyse (<i>average-linkage</i>). (B) Boxplot der ANOSIM.	62
Abb. 5.40: (A) Boxplot der ANOSIM „Probengruppen“. (B) Boxplot der ANOSIM „Autyp“.	63
Abb. 5.41: (A) Boxplot der ANOSIM „Probengruppen“. (B) Boxplot der ANOSIM „Autyp“. Ausreißer wurden eliminiert.	64
Abb. 5.42: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.	66
Abb. 5.43: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der GC-MS-Proben der Laubblattextrakte von <i>Impatiens parviflora</i> . 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.06401866	67
Abb. 5.44: (A) Hierarchische Clusteranalyse (<i>average-linkage</i>). (B) Boxplot der ANOSIM.	67
Abb. 5.45: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.	68
Abb. 5.46: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der HPLC-Proben der Laubblattextrakte von <i>Impatiens parviflora</i> . 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.03505485	69
Abb. 5.47: (A) Hierarchische Clusteranalyse (<i>average-linkage</i>). (B) Boxplot der ANOSIM.	69
Abb. 5.48: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.	70
Abb. 5.49: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der GC-MS-Proben der Wurzelextrakte von <i>Impatiens parviflora</i> . 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.04658219	71
Abb. 5.50: (A) Hierarchische Clusteranalyse (<i>average-linkage</i>). (B) Boxplot der ANOSIM.	71
Abb. 5.51: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.	72
Abb. 5.52: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der HPLC-Proben der Wurzelextrakte von <i>Impatiens parviflora</i> . 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.04208361	73
Abb. 5.53: (A) Hierarchische Clusteranalyse (<i>average-linkage</i>). (B) Boxplot der ANOSIM.	73
Abb. 5.54: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.	75
Abb. 5.55: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der GC-MS-Proben der Laubblattextrakte von <i>Solidago gigantea</i> . 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.04385421	76
Abb. 5.56: (A) Hierarchische Clusteranalyse (<i>average-linkage</i>). (B) Boxplot der ANOSIM.	76
Abb. 5.57: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 20 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.	77
Abb. 5.58: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der HPLC-Proben der Laubblattextrakte von <i>Solidago gigantea</i> . 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.03736643	78

Abb. 5.59: (A) Hierarchische Clusteranalyse (<i>average-linkage</i>). (B) Boxplot der ANOSIM.	78
Abb. 5.60: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.	79
Abb. 5.61: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der GC-MS-Proben der Wurzelextrakte von <i>Solidago gigantea</i> . 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.06144181	80
Abb. 5.62: (A) Hierarchische Clusteranalyse (<i>average-linkage</i>). (B) Boxplot der ANOSIM.	80
Abb. 5.63: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 20 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.	81
Abb. 5.64: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der HPLC-Proben der Wurzelextrakte von <i>Solidago gigantea</i> . 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.04735702	82
Abb. 5.65: (A) Hierarchische Clusteranalyse (<i>average-linkage</i>). (B) Boxplot der ANOSIM.	82
Abb. 5.66: Hauptkomponentenanalyse (PCA). (A) Scores-Plot. (B) Korrelation-Loadings-Plot. Dargestellt sind die 10 Peaks, die am stärksten zur Ausrichtung der ersten beiden Hauptkomponenten beitragen.	84
Abb. 5.67: Nicht-metrisch Multidimensionale Skalierung (NMDS) der GC-MS-Proben der Laubblattextrakte von <i>Vitis vinifera</i> ssp. <i>sylvestris</i> . 5-dimensionale Lösung. Stress: 0.04298836	85
Abb. 5.68: Boxplot der ANOSIM.	85
Abb. 5.69: Boxplot der ANOSIM – „ <i>Ailanthus altissima</i> “ und „Referenz“.	86

9. Tabellenverzeichnis

Tab. 3.1: Veränderte siebenteilige Abundanz-Dominanz-Skala nach Braun-Blanquet (1951, 1964).	11
Tab. 5.1: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.	34
Tab. 5.2: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.	36
Tab. 5.3: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.	38
Tab. 5.4: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.	40
Tab. 5.5: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.	43
Tab. 5.6: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.	45
Tab. 5.7: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.	47
Tab. 5.8: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.	49
Tab. 5.9: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.	52
Tab. 5.10: perMANOVA. Probengruppen (BAUM), Autyp (AU).	54
Tab. 5.11: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.	55
Tab. 5.12: perMANOVA. Probengruppen (BAUM), Autyp (AU).	57
Tab. 5.13: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.	58
Tab. 5.14: perMANOVA. Probengruppen (BAUM), Autyp (AU).	60
Tab. 5.15: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.	61
Tab. 5.16: perMANOVA. Probengruppen (BAUM), Autyp (AU).	63
Tab. 5.17: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.	66
Tab. 5.18: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.	68
Tab. 5.19: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.	70
Tab. 5.20: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.	72
Tab. 5.21: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.	75
Tab. 5.22: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.	77
Tab. 5.23: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.	79
Tab. 5.24: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.	81
Tab. 5.25: Distanz der Probengruppen zum Koordinatenursprung.	84
Tab. 5.26: perMANOVA „ <i>Ailanthus altissima</i> “ und „Referenz“.	86
Tab. 5.27: perMANOVA Basierend auf den Faktor „Individuen“.	87
Tab. 6.1: Unähnlichkeitsverhältnisse und Effektstärke der Probengruppen. <i>A. europaeum</i> und <i>G. nivalis</i> .	88
Tab. 6.2: Unähnlichkeitsverhältnisse und Effektstärke der Probengruppen. <i>I. noli-tangere</i> & <i>I. parviflora</i> .	90
Tab. 6.3: Unähnlichkeitsverhältnisse und Effektstärke der Probengruppen. <i>Solidago gigantea</i> .	91

10. Appendix

10.1 Probenmaterial

10.1.1 *Asarum europaeum* – Laubblätter

Aufnahme	Probe	Organ	Frischgewicht (mg)	Trockengewicht (mg)	Ausbeute (mg)
108	1	leaves	494.3	68.8	11.4
108	2	leaves	498.2	71.0	12.4
108	3	leaves	491.5	68.2	12.9
108	4	leaves	506.9	69.5	12.4
108	5	leaves	496.0	72.1	12.9
108	6	leaves	494.1	79.2	13.8
108	7	leaves	497.8	76.7	15.3
108	8	leaves	499.7	75.6	12.9
108	9	leaves	489.6	72.6	13.1
108	10	leaves	491.4	60.5	15.1
114	1	leaves	497.4	68.1	12.9
114	2	leaves	495.3	80.8	14.1
114	3	leaves	498.7	76.1	16.9
114	4	leaves	500.2	73.5	13.1
114	5	leaves	498.3	70.0	12.4
114	6	leaves	500.8	75.2	14.2
114	7	leaves	501.3	79.2	13.0
114	8	leaves	498.0	78.6	15.0
114	9	leaves	500.3	82.6	16.6
114	10	leaves	501.7	74.3	16.6
124	1	leaves	495.0	78.7	14.2
124	2	leaves	493.3	81.0	14.0
124	3	leaves	497.3	85.5	13.6
124	4	leaves	499.9	79.0	16.2
124	5	leaves	497.7	80.2	14.3
124	6	leaves	499.7	81.3	15.6
124	7	leaves	497.4	73.0	15.6
124	8	leaves	500.9	72.4	13.3
124	9	leaves	497.2	86.7	15.4
124	10	leaves	495.3	77.8	11.4

10.1.2 *Asarum europaeum* – Wurzeln

Aufnahme	Probe	Organ	Frischgewicht (mg)	Trockengewicht (mg)	Ausbeute (mg)
108	1	roots	496.6	83.8	11.2
108	2	roots	487.8	96.9	13.4
108	3	roots	483.0	93.2	10.5
108	4	roots	502.0	105.9	10.2
108	5	roots	497.5	79.9	9.9
108	6	roots	451.0	81.0	10.6
108	7	roots	498.3	54.2	9.6
108	8	roots	494.2	63.5	9.3
108	9	roots	498.7	97.7	11.1
108	10	roots	482.4	61.5	9.9
114	1	roots	500.6	93.0	10.0
114	2	roots	498.8	78.5	11.1
114	3	roots	499.0	75.2	9.7
114	4	roots	499.2	84.8	10.4
114	5	roots	500.0	45.5	7.6
114	6	roots	499.1	86.9	11.3
114	7	roots	499.5	62.3	9.3
114	8	roots	498.1	106.8	10.0
114	9	roots	499.1	108.6	11.5
114	10	roots	498.2	77.5	10.1
124	1	roots	491.2	91.5	10.1
124	2	roots	499.0	82.9	10.9
124	3	roots	344.8	42.8	6.7
124	4	roots	500.9	95.3	11.2
124	5	roots	495.7	73.0	9.2
124	6	roots	496.6	87.3	8.8
124	7	roots	496.5	78.1	10.6
124	8	roots	496.3	76.9	10.2
124	9	roots	501.3	85.6	9.6
124	10	roots	495.0	83.9	10.5

10.2.1 *Galanthus nivalis* – Laubblätter

Aufnahme	Probe	Organ	Frischgewicht (mg)	Trockengewicht (mg)	Ausbeute (mg)
108	1	leaves	501.9	46.4	24.6
108	2	leaves	504.4	50.9	22.1
108	3	leaves	500.7	43.2	22.3
108	4	leaves	498.8	47.7	24.1
108	5	leaves	502.5	42.5	24.5
108	6	leaves	499.7	46.8	24.4
108	7	leaves	492.6	42.7	21.9
108	8	leaves	498.1	43.0	22.7
108	9	leaves	507.6	43.9	25.3
108	10	leaves	502.6	44.8	24.1
114	1	leaves	504.0	52.1	25.1
114	2	leaves	504.9	51.5	20.3
114	3	leaves	506.9	47.0	22.3
114	4	leaves	508.0	53.2	23.5
114	5	leaves	512.7	49.9	23.8
114	6	leaves	514.5	53.8	22.6
114	7	leaves	513.4	46.3	22.5
114	8	leaves	499.9	49.7	22.7
114	9	leaves	509.6	44.5	21.7
114	10	leaves	506.8	48.9	29.5
124	1	leaves	494.2	41.6	21.8
124	2	leaves	507.3	49.6	21.6
124	3	leaves	502.9	45.7	14.4
124	4	leaves	510.1	40.6	21.4
124	5	leaves	508.6	43.8	24.1
124	6	leaves	500.8	40.6	23.7
124	7	leaves	496.8	44.3	24.4
124	8	leaves	505.0	45.7	23.7
124	9	leaves	500.9	44.1	22.4
124	10	leaves	506.8	43.5	22.3

10.2.2 *Galanthus nivalis* – Wurzeln

Aufnahme	Probe	Organ	Frischgewicht (mg)	Trockengewicht (mg)	Ausbeute (mg)
108	1	roots	442.2	45.7	8.2
108	2	roots	310.1	22.9	4.4
108	3	roots	302.7	36.3	6.4
108	4	roots	402.2	67.4	8.0
108	5	roots	374.6	42.2	10.2
108	6	roots	345.7	47.0	5.7
108	7	roots	401.4	51.4	9.0
108	8	roots	379.4	46.8	5.0
108	9	roots	464.0	53.1	8.8
108	10	roots	267.2	33.9	6.5
114	1	roots	372.1	56.0	9.3
114	2	roots	224.2	26.2	4.1
114	3	roots	303.0	33.1	6.0
114	4	roots	372.8	49.3	7.5
114	5	roots	497.0	59.6	10.8
114	6	roots	259.3	32.0	8.7
114	7	roots	305.7	29.4	8.5
114	8	roots	479.3	59.9	8.1
114	9	roots	512.2	52.0	9.2
114	10	roots	504.4	44.0	8.9
124	1	roots	347.3	48.0	6.7
124	2	roots	234.0	25.5	4.4
124	3	roots	261.1	19.1	7.1
124	4	roots	211.7	24.4	4.1
124	5	roots	386.6	39.0	12.4
124	6	roots	498.8	49.2	15.5
124	7	roots	337.1	32.5	12.2
124	8	roots	370.4	34.8	9.2
124	9	roots	418.7	34.1	8.3
124	10	roots	342.8	35.6	7.3

10.3.1 *Impatiens noli-tangere* – Laubblätter

Aufnahme	Probe	Organ	Frischgewicht (mg)	Trockengewicht (mg)	Ausbeute (mg)
108	1	leaves	500.1	90.3	10.9
108	2	leaves	494.1	72.9	8.3
108	3	leaves	492.4	75.8	8.9
108	4	leaves	506.3	86.8	8.4
108	5	leaves	497.5	77.7	9.3
108	6	leaves	500.0	76.2	9.4
108	7	leaves	501.9	78.1	8.6
108	8	leaves	492.3	87.5	10.1
108	9	leaves	509.4	92.6	10.3
108	10	leaves	496.0	66.6	9.6
114	1	leaves	487.3	96.2	9.1
114	2	leaves	507.1	66.6	8.1
114	3	leaves	490.4	91.3	10.2
114	4	leaves	497.2	77.2	8.8
114	5	leaves	506.3	97.2	8.7
114	6	leaves	496.8	97.9	9.4
114	7	leaves	504.7	120.2	9.8
114	8	leaves	504.2	101.2	9.4
114	9	leaves	503.8	108.1	9.5
114	10	leaves	387.9	75.8	10.3
502	1	leaves	496.5	71.2	8.8
502	2	leaves	495.6	84.5	10.0
502	3	leaves	489.5	59.6	8.4
502	4	leaves	504.6	67.3	9.3
502	5	leaves	496.6	57.0	8.8
502	6	leaves	508.5	70.9	8.3
502	7	leaves	500.2	67.6	8.8
502	8	leaves	494.8	64.1	9.0
502	9	leaves	505.6	71.5	9.3
502	10	leaves	498.2	76.7	10.9
505	1	leaves	505.8	80.0	10.7
505	2	leaves	503.2	79.3	10.2
505	3	leaves	506.0	83.3	9.6
505	4	leaves	511.3	81.9	9.7
505	5	leaves	506.9	79.7	9.1
505	6	leaves	505.7	79.0	10.5
505	7	leaves	508.6	89.6	11.1
505	8	leaves	504.3	72.3	10.4
505	9	leaves	498.2	68.0	10.8
505	10	leaves	502.7	84.2	10.5
507	1	leaves	503.5	71.9	10.5
507	2	leaves	501.8	107.3	11.1
507	3	leaves	509.7	72.2	9.7
507	4	leaves	507.3	79.6	10.9
507	5	leaves	507.0	132.4	12.4
507	6	leaves	506.3	74.2	11.5
507	7	leaves	508.0	79.7	10.9
507	8	leaves	506.9	106.7	11.6
507	9	leaves	505.3	60.2	10.6
507	10	leaves	506.9	75.9	8.9

10.3.2 *Impatiens noli-tangere* – Wurzeln

Aufnahme	Probe	Organ	Frischgewicht (mg)	Trockengewicht (mg)	Ausbeute (mg)
108	1	roots	484.6	38.0	4.8
108	2	roots	485.6	32.8	5.1
108	3	roots	470.6	75.1	5.6
108	4	roots	479.4	51.0	5.1
108	5	roots	500.6	33.5	4.4
108	6	roots	457.3	37.1	6.0
108	7	roots	478.8	36.2	4.9
108	8	roots	501.4	34.5	8.1
108	9	roots	405.8	38.0	7.6
108	10	roots	495.5	37.5	5.5
114	1	roots	475.3	31.4	5.1
114	2	roots	266.4	26.8	3.6
114	3	roots	250.4	28.5	3.7
114	4	roots	485.5	34.1	10.3
114	5	roots	478.9	46.7	6.8
114	6	roots	509.8	54.8	7.4
114	7	roots	503.6	49.0	6.6
114	8	roots	412.2	35.2	5.9
114	9	roots	312.8	26.6	4.9
114	10	roots	364.3	35.4	4.0
502	1	roots	497.7	44.5	8.1
502	2	roots	457.7	36.6	4.9
502	3	roots	457.7	30.1	3.5
502	4	roots	500.5	31.3	4.3
502	5	roots	356.1	25.3	4.0
502	6	roots	489.9	30.0	5.2
502	7	roots	355.3	26.4	4.7
502	8	roots	357.9	23.0	3.8
502	9	roots	505.2	59.8	5.2
502	10	roots	503.7	32.3	4.7
505	1	roots	504.4	34.8	5.1
505	2	roots	507.8	31.2	5.2
505	3	roots	502.1	39.5	4.7
505	4	roots	498.0	36.3	2.4
505	5	roots	500.2	41.4	4.5
505	6	roots	424.1	32.1	4.6
505	7	roots	509.7	39.5	4.9
505	8	roots	509.3	41.7	7.8
505	9	roots	421.5	43.8	4.7
505	10	roots	438.5	31.9	4.3
507	1	roots	487.3	30.3	4.9
507	2	roots	507.0	33.3	6.0
507	3	roots	509.3	37.4	5.8
507	4	roots	458.5	30.0	6.1
507	5	roots	500.9	20.0	3.9
507	6	roots	500.6	28.8	5.5
507	7	roots	495.2	32.1	4.6
507	8	roots	389.3	46.4	3.1
507	9	roots	385.3	43.9	6.6
507	10	roots	494.4	31.6	3.6

10.4.1 *Impatiens parviflora* – Laubblätter

Aufnahme	Probe	Organ	Frischgewicht (mg)	Trockengewicht (mg)	Ausbeute (mg)
502	1	leaves	471.5	37.1	7.2
502	2	leaves	490.7	29.5	6.3
502	3	leaves	496.1	34.8	6.8
502	4	leaves	491.2	41.9	8.8
502	5	leaves	475.8	34.7	7.8
502	6	leaves	493.6	33.4	7.3
502	7	leaves	499.4	38.9	7.7
502	8	leaves	477.4	42.5	5.2
502	9	leaves	499.7	41.8	8.1
502	10	leaves	498.2	29.4	5.6
505	1	leaves	485.3	48.1	9.5
505	2	leaves	487.6	39.1	5.9
505	3	leaves	494.1	39.5	7.8
505	4	leaves	493.6	39.9	8.0
505	5	leaves	496.9	49.0	7.7
505	6	leaves	490.1	42.4	8.7
505	7	leaves	482.8	39.3	6.2
505	8	leaves	483.8	52.9	7.8
505	9	leaves	492.0	41.8	7.4
505	10	leaves	496.6	43.9	6.2
507	1	leaves	497.9	47.5	9.0
507	2	leaves	489.6	44.4	6.9
507	3	leaves	498.1	44.9	7.8
507	4	leaves	494.5	48.5	5.5
507	5	leaves	486.0	48.9	4.1
507	6	leaves	483.6	45.9	7.4
507	7	leaves	499.5	47.4	7.7
507	8	leaves	490.2	44.7	7.9
507	9	leaves	489.2	44.3	8.6
507	10	leaves	493.2	44.9	4.3

10.4.2 *Impatiens parviflora* – Wurzeln

Aufnahme	Probe	Organ	Frischgewicht (mg)	Trockengewicht (mg)	Ausbeute (mg)
502	1	roots	307.4	35.3	3.2
502	2	roots	447.7	23.4	4.0
502	3	roots	491.7	28.8	5.6
502	4	roots	479.9	35.0	6.9
502	5	roots	495.3	33.6	7.6
502	6	roots	498.7	35.3	4.8
502	7	roots	485.2	35.0	4.9
502	8	roots	488.2	42.8	4.3
502	9	roots	477.9	38.2	6.6
502	10	roots	498.7	43.2	3.8
505	1	roots	483.5	30.3	3.3
505	2	roots	492.4	50.8	5.7
505	3	roots	497.6	22.3	4.0
505	4	roots	494.0	32.0	7.1
505	5	roots	498.3	46.5	5.9
505	6	roots	498.8	34.4	5.3
505	7	roots	490.5	42.2	5.2
505	8	roots	496.3	65.6	4.0
505	9	roots	477.9	24.2	3.0
505	10	roots	484.8	25.9	3.2
507	1	roots	482.5	31.1	7.2
507	2	roots	476.0	41.6	6.3
507	3	roots	490.9	32.9	6.0
507	4	roots	453.6	34.1	6.5
507	5	roots	477.8	30.7	5.1
507	6	roots	495.5	35.6	5.3
507	7	roots	486.7	27.5	6.3
507	8	roots	490.5	30.4	4.5
507	9	roots	481.6	35.9	7.7
507	10	roots	495.8	30.6	3.5

10.5.1 *Solidago gigantea* – Laubblätter

Aufnahme	Probe	Organ	Frischgewicht (mg)	Trockengewicht (mg)	Ausbeute (mg)
803	1	leaves	495.1	110.1	12.6
803	2	leaves	492.5	94.3	11.3
803	3	leaves	493.2	91.4	11.6
803	4	leaves	490.5	90.1	12.2
803	5	leaves	497.3	85.1	11.1
803	6	leaves	497.5	88.1	12.2
803	7	leaves	480.6	97.9	12.8
803	8	leaves	496.1	90.5	12.8
803	9	leaves	499.8	96.4	11.1
803	10	leaves	494.9	91.3	12.2
806	1	leaves	496.1	81.2	13.4
806	2	leaves	490.8	88.2	13.0
806	3	leaves	496.7	87.2	11.9
806	4	leaves	497.3	84.3	12.3
806	5	leaves	490.1	79.6	11.1
806	6	leaves	499.0	90.2	12.2
806	7	leaves	498.6	93.4	12.2
806	8	leaves	492.8	82.0	14.7
806	9	leaves	496.9	90.1	12.4
806	10	leaves	492.0	63.6	11.5
811	1	leaves	493.2	119.5	20.6
811	2	leaves	496.6	98.2	19.8
811	3	leaves	498.1	117.0	19.9
811	4	leaves	491.6	107.2	21.2
811	5	leaves	499.9	98.7	21.0
811	6	leaves	494.1	115.1	18.5
811	7	leaves	497.7	110.3	18.6
811	8	leaves	498.8	109.5	15.8
811	9	leaves	494.3	104.1	19.4
811	10	leaves	496.5	107.2	16.4
812	1	leaves	494.4	110.7	20.3
812	2	leaves	492.0	98.6	19.2
812	3	leaves	494.2	100.1	22.8
812	4	leaves	499.2	99.9	19.2
812	5	leaves	482.7	115.9	26.1
812	6	leaves	495.9	106.7	21.0
812	7	leaves	497.1	115.7	24.0
812	8	leaves	497.8	120.5	24.6
812	9	leaves	490.1	108.3	22.7
812	10	leaves	498.5	117.0	20.7

10.5.2 *Solidago gigantea* – Wurzeln

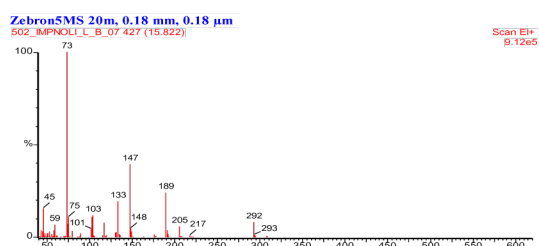
Aufnahme	Probe	Organ	Frischgewicht (mg)	Trockengewicht (mg)	Ausbeute (mg)
803	1	roots	492.0	102.5	12.2
803	2	roots	499.3	74.2	10.1
803	3	roots	499.6	74.6	10.2
803	4	roots	492.3	94.0	11.9
803	5	roots	493.5	81.2	15.2
803	6	roots	493.1	93.7	11.8
803	7	roots	494.9	84.1	11.8
803	8	roots	485.8	98.2	12.1
803	9	roots	498.1	94.5	12.0
803	10	roots	499.8	107.1	16.1
806	1	roots	496.0	76.8	9.8
806	2	roots	498.0	86.1	11.6
806	3	roots	486.2	74.4	9.5
806	4	roots	464.5	86.2	11.9
806	5	roots	480.0	68.0	13.9
806	6	roots	491.2	93.0	12.8
806	7	roots	492.2	81.3	10.4
806	8	roots	494.1	65.2	9.4
806	9	roots	485.2	100.2	12.2
806	10	roots	441.0	94.1	8.5
811	1	roots	493.6	103.5	12.6
811	2	roots	496.8	73.0	12.2
811	3	roots	499.7	113.2	14.5
811	4	roots	494.1	106.2	12.4
811	5	roots	499.1	71.5	10.5
811	6	roots	499.2	95.7	13.9
811	7	roots	482.8	109.8	15.9
811	8	roots	489.0	115.7	15.0
811	9	roots	497.2	92.4	12.2
811	10	roots	495.5	114.8	15.6
812	1	roots	494.0	68.5	13.0
812	2	roots	498.3	82.7	12.2
812	3	roots	496.0	96.2	14.6
812	4	roots	497.0	84.7	12.8
812	5	roots	499.3	11.5	13.3
812	6	roots	497.3	88.2	13.9
812	7	roots	499.9	87.0	10.5
812	8	roots	497.9	99.3	16.0
812	9	roots	496.5	82.4	13.5
812	10	roots	497.3	120.4	13.5

10.6.1 *Vitis vinifera* ssp. *sylvestris* – Laubblätter

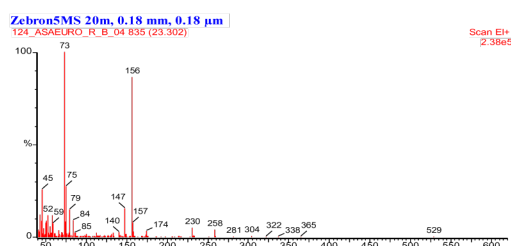
Aufnahme	Probe	Organ	Frischgewicht (mg)	Trockengewicht (mg)	Ausbeute (mg)
901	AA_A_01	leaves	501.7	n.a.	23.1
903	AA_A_02	leaves	500.1	n.a.	29.7
904	AA_A_03	leaves	503.1	n.a.	17.5
904	AA_A_04	leaves	534.4	n.a.	15.2
905	AA_A_05	leaves	547.5	n.a.	17.8
904	AA_A_06	leaves	557.5	n.a.	17.1
901	AA_A_07	leaves	526.5	n.a.	19.8
901	AA_B_01	leaves	368.0	n.a.	17.0
903	AA_B_02	leaves	349.2	n.a.	16.2
904	AA_B_03	leaves	407.9	n.a.	11.9
904	AA_B_04	leaves	381.0	n.a.	16.5
905	AA_B_05	leaves	350.3	n.a.	13.9
904	AA_B_06	leaves	344.2	n.a.	14.1
901	AA_B_07	leaves	388.9	n.a.	14.5
901	AA_C_01	leaves	205.9	n.a.	13.6
903	AA_C_02	leaves	205.0	n.a.	14.4
904	AA_C_03	leaves	206.5	n.a.	12.4
904	AA_C_04	leaves	237.4	n.a.	12.5
905	AA_C_05	leaves	236.0	n.a.	14.6
904	AA_C_06	leaves	210.0	n.a.	13.7
901	AA_C_07	leaves	227.8	n.a.	12.6
906	REF_A_01	leaves	543.7	n.a.	21.2
907	REF_A_02	leaves	531.2	n.a.	25.9
908	REF_A_03	leaves	559.3	n.a.	18.5
908	REF_A_04	leaves	521.4	n.a.	22.5
n.a.	REF_A_05	leaves	576.2	n.a.	10.4
909	REF_A_06	leaves	502.9	n.a.	21.8
n.a.	REF_A_07	leaves	509.5	n.a.	28.9
906	REF_B_01	leaves	419.6	n.a.	19.8
907	REF_B_02	leaves	355.5	n.a.	14.3
908	REF_B_03	leaves	390.7	n.a.	16.1
908	REF_B_04	leaves	423.4	n.a.	23.3
n.a.	REF_B_05	leaves	382.4	n.a.	16.1
909	REF_B_06	leaves	384.4	n.a.	7.8
n.a.	REF_B_07	leaves	356.6	n.a.	17.5
906	REF_C_01	leaves	249.3	n.a.	17.6
907	REF_C_02	leaves	251.3	n.a.	15.5
908	REF_C_03	leaves	202.4	n.a.	14.6
908	REF_C_04	leaves	227.9	n.a.	17.7
n.a.	REF_C_05	leaves	211.8	n.a.	12.5
909	REF_C_06	leaves	253.7	n.a.	15.9
n.a.	REF_C_07	leaves	234.5	n.a.	15.6

10.2 Massenspektren

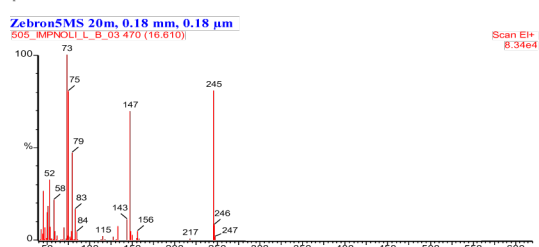
peak15.783 Glycerinsäure



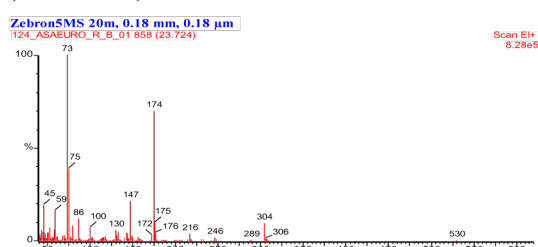
peak23.271 Pyroglutaminsäure



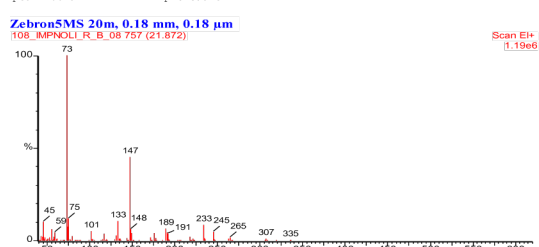
peak16.591 Fumarsäure



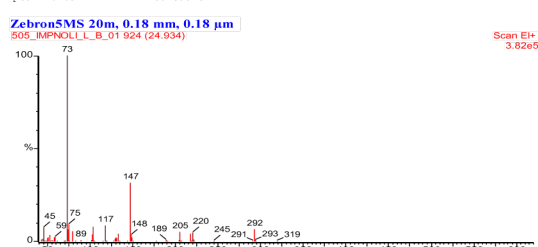
peak23.699 gamma-Aminobuttersäure



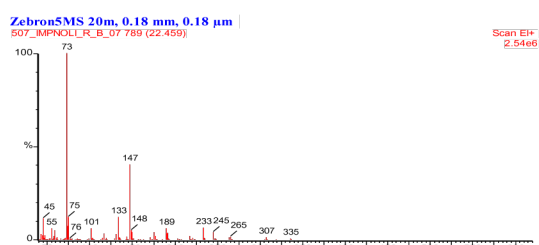
peak21.849 Äpfelsäure 1



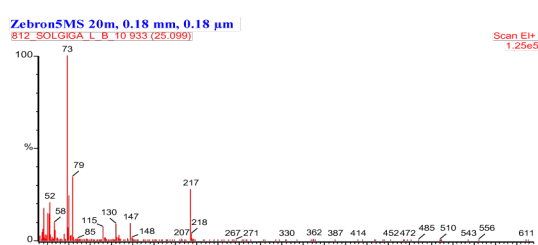
peak24.139 Threonsäure 1



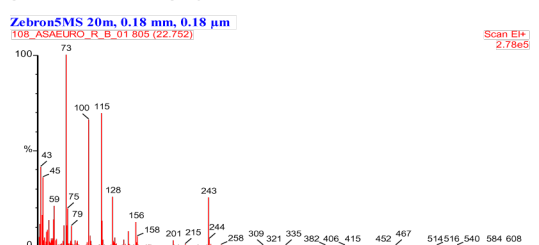
peak22.382 Äpfelsäure 2



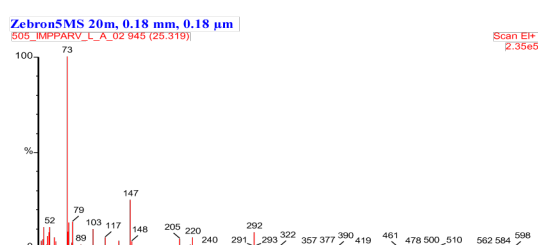
peak25.138 Pyruvat



peak22.705 Asparaginsäure 1



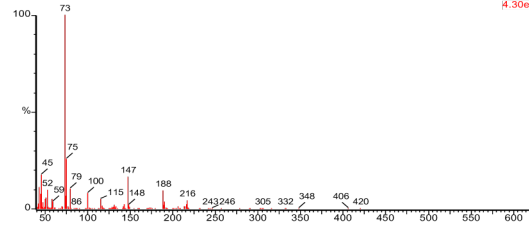
Threonsäure 2



peak26.616 Asparaginsäure 2

Zebtron5MS 20m, 0.18 mm, 0.18 µm
806_SOLGIGA_R_B_04 1017 (26.639)

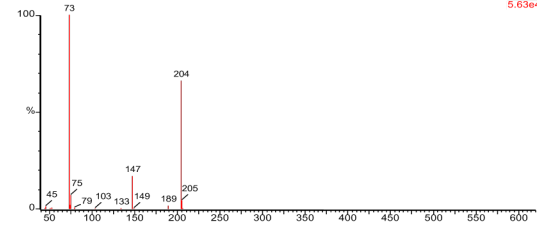
Scan EI+
4.30e5



peak33.917 Glutaminsäure

Zebtron5MS 20m, 0.18 mm, 0.18 µm
VITVSY_L_REF_06_B 1414 (33.917)

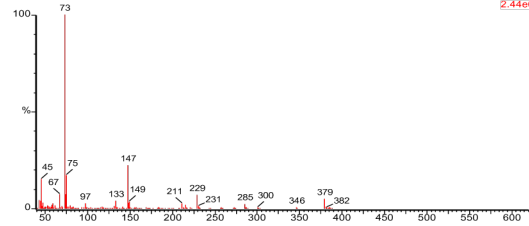
Scan EI+
5.65e4



peak32.473 Aconitinsäure 1

Zebtron5MS 20m, 0.18 mm, 0.18 µm
106_ASAEUGA_L_B_01 1334 (32.451)

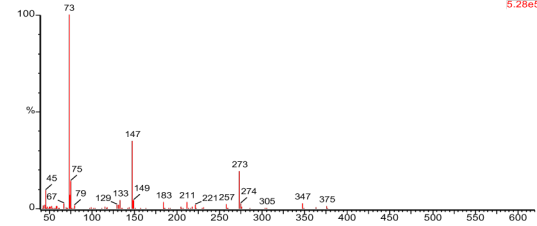
Scan EI+
2.44e6



peak33.996 Citronensäure

Zebtron5MS 20m, 0.18 mm, 0.18 µm
502_IMPNOLI_L_B_08 1420 (34.028)

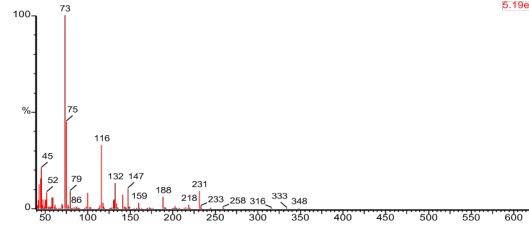
Scan EI+
5.28e5



peak29.200 Asparaginsäure 3

Zebtron5MS 20m, 0.18 mm, 0.18 µm
806_SOLGIGA_R_B_04 1161 (29.279)

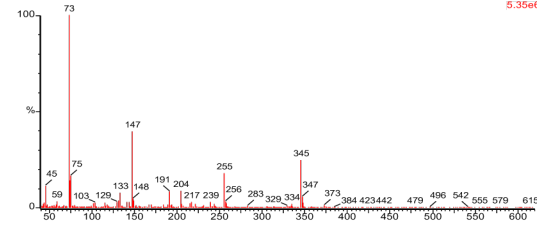
Scan EI+
5.19e5



peak35.927 Chinasaure

Zebtron5MS 20m, 0.18 mm, 0.18 µm
803_SOLGIGA_L_B_01 1526 (35.971)

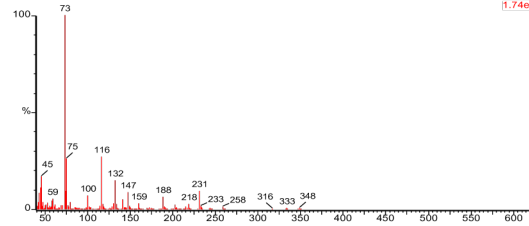
Scan EI+
5.35e6



peak29.407 Tyrosin

Zebtron5MS 20m, 0.18 mm, 0.18 µm
124_ASAEUGA_R_B_04 1168 (29.407)

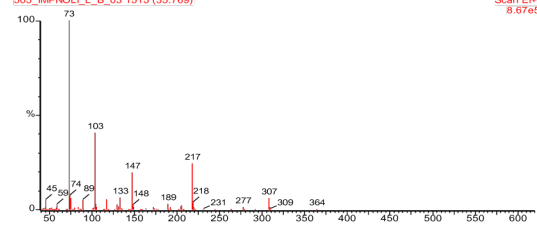
Scan EI+
1.74e6



peak35.759 Fructose 1

Zebtron5MS 20m, 0.18 mm, 0.18 µm
505_IMPNOLI_L_B_03 1515 (35.769)

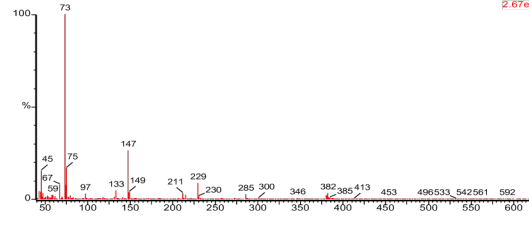
Scan EI+
8.67e5



peak32.333 Aconitinsäure 2

Zebtron5MS 20m, 0.18 mm, 0.18 µm
108_ASAEUGA_R_B_02 1333 (32.433)

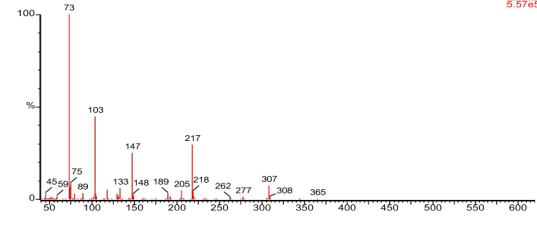
Scan EI+
2.67e6



peak35.900 Fructose 3

Zebtron5MS 20m, 0.18 mm, 0.18 µm
114_IMPNOLI_L_B_01 1523 (35.916)

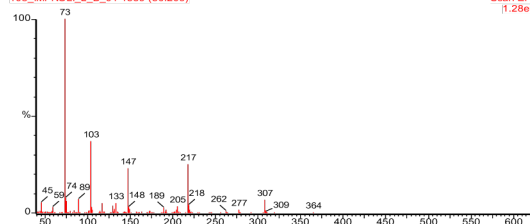
Scan EI+
5.57e5



peak36.122 Fructose 2

Zebtron5MS 20m, 0.18 mm, 0.18 μ m
108_IMPNOLI_L_B_01 1539 (36.209)

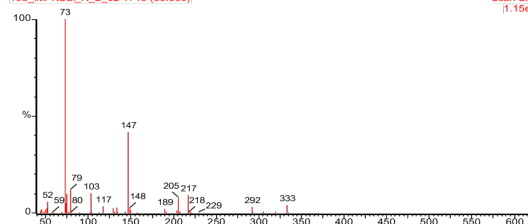
Scan E1+
1.28e6



peak39.493 Mannitol

Zebtron5MS 20m, 0.18 mm, 0.18 μ m
108_IMPNOLI_R_B_02 1719 (39.509)

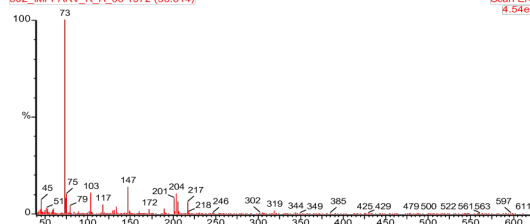
Scan E1+
1.15e6



peak36.793 Galactose 1

Zebtron5MS 20m, 0.18 mm, 0.18 μ m
502_IMPPARV_R_A_06 1572 (36.814)

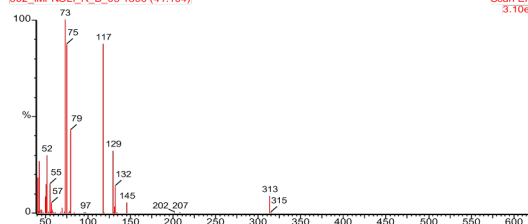
Scan E1+
4.54e5



peak41.104 Palmitinsäure

Zebtron5MS 20m, 0.18 mm, 0.18 μ m
502_IMPNOLI_R_B_03 1806 (41.104)

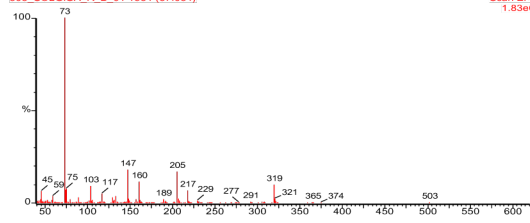
Scan E1+
3.10e4



peak37.033 Glucose 1

Zebtron5MS 20m, 0.18 mm, 0.18 μ m
803_SOLGKA_R_B_01 1584 (37.034)

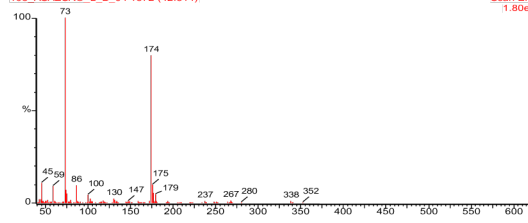
Scan E1+
1.83e6



peak42.235 Dopamin 1

Zebtron5MS 20m, 0.18 mm, 0.18 μ m
108_ASAEURO_L_B_04 1872 (42.314)

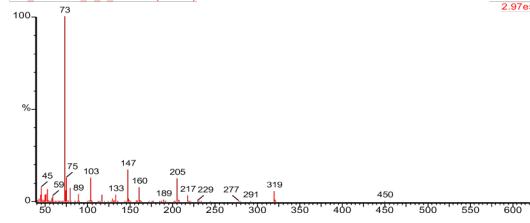
Scan E1+
1.80e6



peak37.518 Glucose 2

Zebtron5MS 20m, 0.18 mm, 0.18 μ m
803_SOLGKA_R_B_01 1609 (37.492)

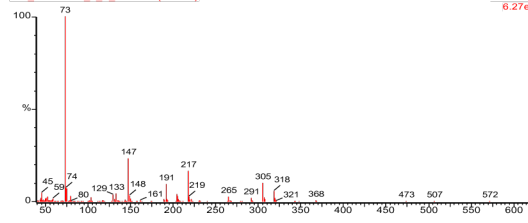
Scan E1+
2.97e5



peak42.623 myo-Inositol

Zebtron5MS 20m, 0.18 mm, 0.18 μ m
124_ASAEURO_L_B_06 1890 (42.644)

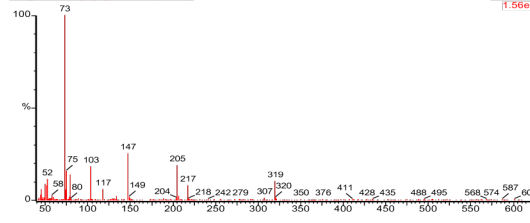
Scan E1+
6.27e5



peak37.847 Galactose 2

Zebtron5MS 20m, 0.18 mm, 0.18 μ m
505_IMPPARV_L_A_01 1629 (37.859)

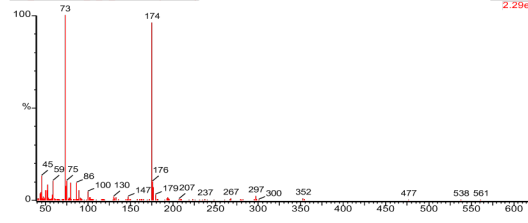
Scan E1+
1.56e5

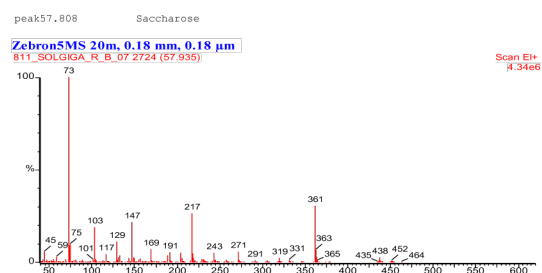
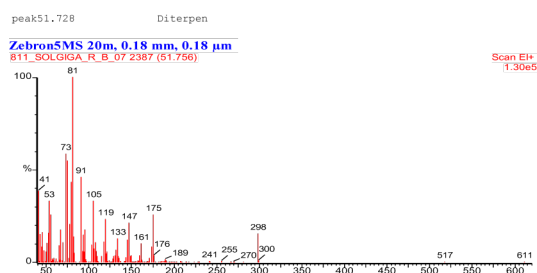
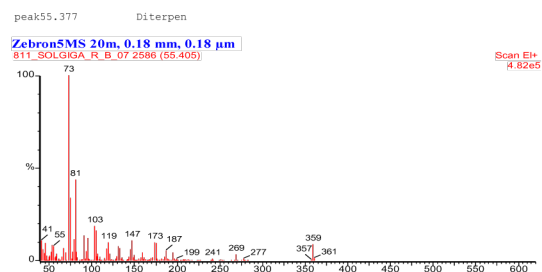
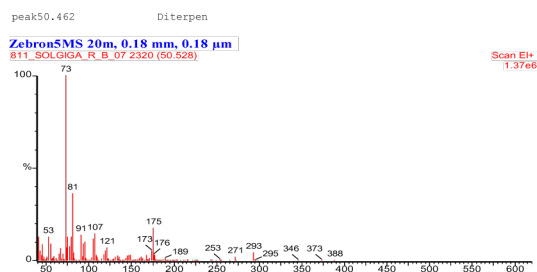
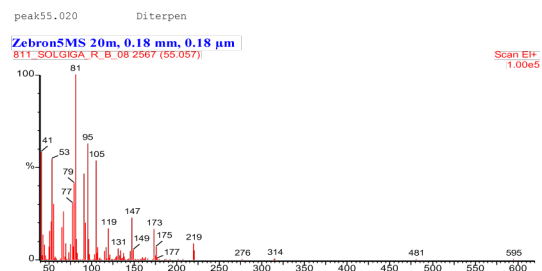
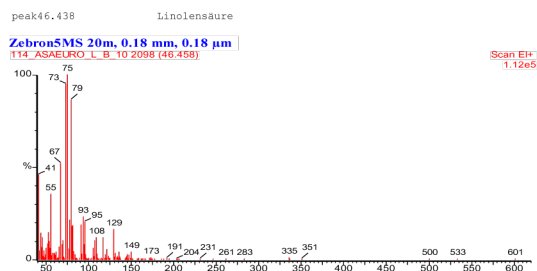
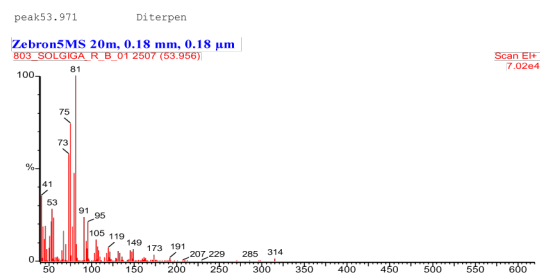
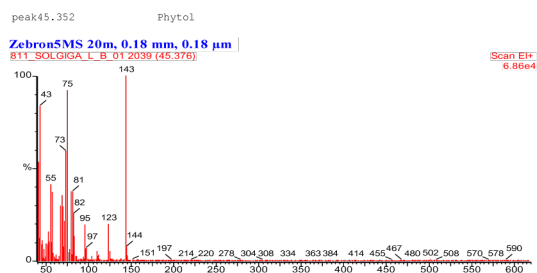
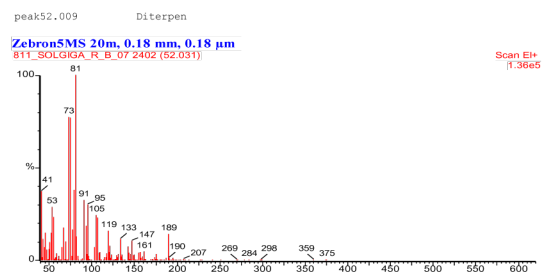
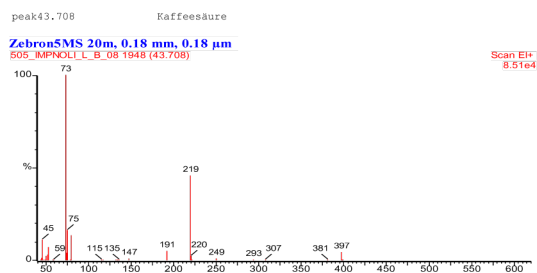


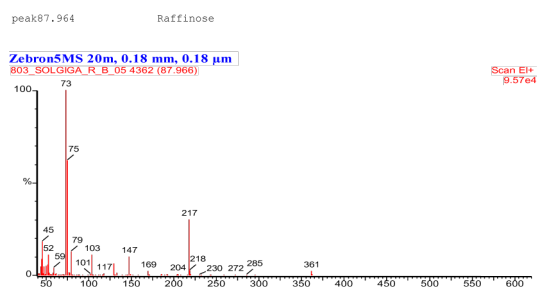
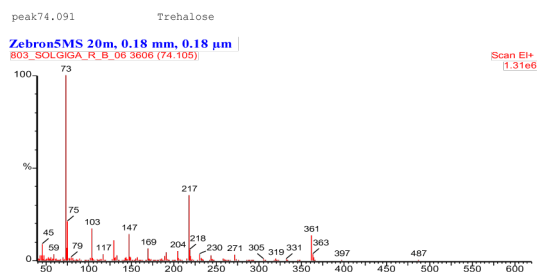
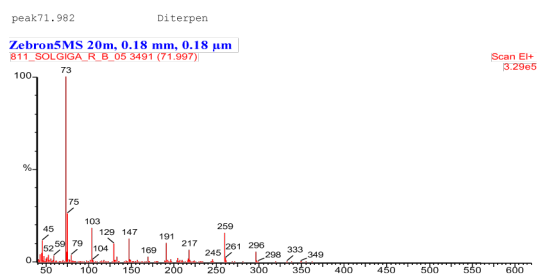
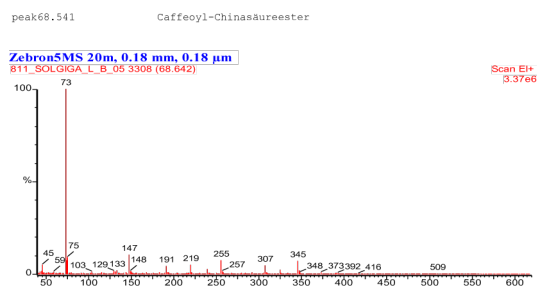
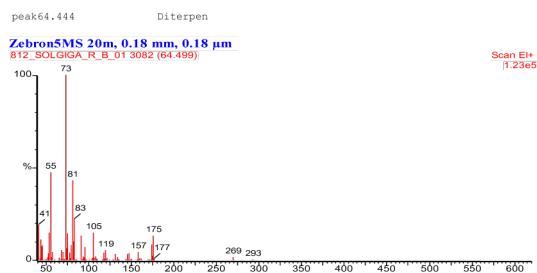
peak42.754 Dopamin 2

Zebtron5MS 20m, 0.18 mm, 0.18 μ m
114_ASAEURO_L_B_05 1896 (42.754)

Scan E1+
2.29e5







10.3 Vegetationstabelle – 1. Aufnahmereihe

[illegible]

10.4 Vegetationstabelle – 2. Aufnahmereihe

[illegible]

Zusammenfassung

Ailanthus altissima Swingle, häufig bezeichnet als „aggressiver Neophyt“, der die „heimische Biodiversität“ bedroht und „seltene heimische Arten verdrängt“, zeigt im Nationalpark Donauauen einen Verbreitungsschwerpunkt in den Stieleichen-Ulmen-Eschen Auwäldern (*Fraxino-Ulmetum*) mit starker Naturalisierungstendenz. Inwiefern die Gegenwart von *A. altissima* Biodiversität zerstört oder eine Bereicherung der Ökosysteme bedeutet, wurde in dieser Studie mittels vegetationsökologischen und phytochemischen Methoden (*metabolomic profiling*) beleuchtet. Im Vordergrund der Fragestellung standen dabei die Auswirkungen von *A. altissima* und anderer Baumarten (*Juglans regia* L., *Populus alba* L., *Quercus robur* L. und *Tilia cordata* Mill.) auf die Zusammensetzung der Stoffwechselprofile ausgewählter Arten ihrer Begleitvegetation.

Als Studienpflanzen dienten fünf Vertreter des krautigen Unterwuchses und eine Liane, die für die Auwälder des Nationalparks Donauauen charakteristisch sind. Methanolische Laubblatt- und Wurzelextrakte von *Asarum europaeum* L. ssp. *europaeum*, *Galanthus nivalis* L., *Impatiens noli-tangere* L., *Impatiens parviflora* DC., *Solidago gigantea* Aiton und *Vitis vinifera* ssp. *sylvestris* (C.C. Gmel.) Hegi wurden mittels GC-MS (Gaschromatographie mit Massenspektrometrie-Kopplung) und HPLC-DAD (*High Performance Liquid Chromatography*) bezüglich ihrer Metabolitenprofile analysiert und mittels multivariater Ordinationsverfahren (PCA, NMDS) auf Gruppenbildung überprüft.

Die größten messbaren Unterschiede in den Metabolitenprofilen durch verschiedene Baumarten konnten bei *Solidago gigantea* festgestellt werden. Im Falle von *Impatiens noli-tangere* differenzierten sich die Metabolitenprofile stärker über standörtliche Faktoren, als dass sie durch die verschiedenen Baumarten unterschiedlich waren. Die Metabolitenprofile der Laubblätter von *V. vinifera* ssp. *sylvestris* unter dem Einfluss von *Ailanthus altissima* zeigten keine signifikante Unterschiede zu den Kontrollen. Die Veränderungen der Metabolitenprofile erklären sich hingegen über die Unterschiede der einzelnen Individuen von *V. vinifera* ssp. *sylvestris*. Die Trägerbäume hatten auf die Musteränderungen einen zu vernachlässigenden Einfluss. Wohingegen der Einfluss von *Ailanthus altissima* als

Trägerbaum der bedrohten Art *V. vinifera* ssp. *sylvestris*⁶ als Biodiversitäts-fördernd zu interpretieren ist.

⁶ Übernommen aus The IUCN Red List of Threatened Species, online unter: URL: <http://www.iucnredlist.org/details/63537/0> zuletzt abgerufen am 30.09.2013.

Abstract

Ailanthus altissima Swingle is commonly referred to as an “aggressive neophyte”, which is accused to threaten the "native biodiversity" and “to displace domestic species”. In the Donauauen national-park, *A. altissima* is typically encountered in *Fraxino-Ulmetum* associations with a strong tendency towards naturalization. This paper addresses the impact of *A. altissima* on the plant communities in the Donauauen national-park and in particular explores the question, in how much the presence of *A. altissima* can actually endanger the native biodiversity or, by contrast, enrich the ecosystem diversity. Both methods of plant ecology and photochemistry were combined. This research focuses on the impact of *A. altissima* and a subset of tree species (*Juglans regia* L., *Populus alba* L., *Quercus robur* L. und *Tilia cordata* Mill.) on various selected species of the associated vegetation.

Five herbaceous species and a liana, all common in alluvial forests, have been selected as study species. Methanolic leaf- und root-extracts of *Asarum europaeum* L. ssp. *europaeum*, *Galanthus nivalis* L., *Impatiens noli-tangere* L., *Impatiens parviflora* DC., *Solidago gigantea* Aiton und *Vitis vinifera* ssp. *sylvestris* (C.C. Gmel.) Hegi were analyzed using GC-MS (Gas chromatography–mass spectrometry) and HPLC-DAD (High Performance Liquid Chromatography). Multivariate ordination techniques (PCA and NMDS) were carried out in order to identify dissimilarities and group formations in the obtained metabolite data sets.

Solidago gigantea showed most significant variance in metabolite composition due to different tree species. The case of *Impatiens noli-tangere* differences in the metabolic profiles were rather induced by site conditions than by the selected tree species. The metabolic profiles of the leaves of *V. vinifera* ssp. *sylvestris*, which had been under the influence of *Ailanthus altissima*, yet showed no significant differences in comparison to the control group. However, differences in the metabolic profiles were rather explained due to those arising from the particular individuals of *V. vinifera* ssp. *sylvestris*. The impact of the host trees on metabolite profiles in comparison to between-group variation is negligible.

However in the case of *V. vinifera* ssp. *sylvestris* it is quite clear that *Ailanthus altissima* rather supports than suppresses a threatened species and thus enriching biodiversity.⁷

⁷ Übernommen aus The IUCN Red List of Threatened Species, online unter: URL: <http://www.iucnredlist.org/details/63537/0> zuletzt abgerufen am 30.09.2013.

Danksagung

Dank gilt ...

Meinem Betreuer Franz Hadacek, der mein Interesse für das Themengebiet der chemischen Ökologie geweckt hat, mir die Möglichkeit gegeben hat, am Lehrbetrieb der Abteilung mitzuwirken und mich durch seinen kritischen Geist inspiriert hat.

Georg Grabherr für inspirierende Einführung in die Ökologie und die zahlreichen unvergesslichen Momente in den schönsten Assoziationen.

meinem Bruder Dino Güldner für die Motivation und die Unterstützung bei dieser Arbeit. Ohne dich, hätte ich es nicht mehr geschafft!

Andreas Voglgruber und Florian Hofhansl für die guten Ratschläge und die gute Freundschaft. pura vida maes!

Iris Wagner für die Hilfe bei der Arbeit in den Donauauen.

allen Kolleg_innen und Mitarbeiter_innen und des Departments für Chemische Ökologie, insbesondere Marianne Popp, die es mir erst ermöglichte diese Arbeit zu verwirklichen. Danke, dass ihr mich so lange ausgehalten habt!

all den Freund_innen die mich durch mein Studium begleitet haben.

und nicht zu letzt meinen Eltern Henriette Gregori und Eduard Güldner, die mir mein Studium ermöglicht und immer an mich geglaubt haben.

Curriculum vitae

Persönliche Daten

Vorname / Nachname	Dario Güldner
Adresse	Astgasse 4/7, 1140 Wien, Österreich Casa de dos pisos, 50 metros del teléfono público, Longo Mai, Puntarenas, Costa Rica
Geburtsdatum	22.07.1981

Ausbildungsweg

	2008	Vegetationsökologische Exkursion u. Projektstudie in Costa Rica
	2007	Vegetationsökologische Exkursion u. Projektstudie in den Ostalpen
	2006	Ethnobotanisch-phytochemische Exkursion u. Projektpraktikum in Thailand / Österreich
seit	2005	Diplomarbeit am Department für Chemische Ökologie Prüfungsfach Vegetationsökologie
	2005	Projektpraktikum: Vegetations- und Landschaftsökologie (Nationalpark Donauauen)
	2004	Naturschutzpraktikum: Schutz von Meeresschildkröten in der Türkei
Juli	2004	Fortsetzung des Studiums im Studiengang Ökologie (A 444)
	1999	Inskription an der Universität Wien Studienfach Biologie (A 437)
	1991 – 1999	BG/BRG Peraustrasse
	1987 – 1991	VS Damtschach