

Summary

The purpose of this thesis is to study the genetic diversity of the clonal plant *Cirsium arvense* (Asteraceae). *C. arvense* is one of the most frequent and most successful perennial weeds throughout the temperate zone. The increasing intervention of humans in natural landscapes, which mostly opens the vegetation, multiplies suitable sites for *C. arvense*. The species is nowadays omnipresent in agricultural or semi-natural landscapes. Because of its economic importance, *C. arvense* has been intensively studied during the last century. Although a lot of information has been accumulated about the ecology and biology of *C. arvense*, data about its genetic diversity are missing. Thus, the aim of this thesis was to conduct a mixed approach combining ecology and molecular biology to identify, on a landscape scale, the main factors acting and designing the genetic diversity of *C. arvense* in natural populations.

As a first step, Amplified Fragment Length Polymorphisms (AFLP) were developed to investigate the neutral genotypic and genetic diversity of natural populations of *C. arvense*. The study focuses on one hand on the impact of the ecological succession, and on the other hand on the occurrence of the phytophagen insect *Urophora cardui*. Another part of this work concerns the evolution of the reproductive effort of *C. arvense* and its dispersal capacity along the ecological succession.

To summarise, a high genotypic and genetic diversity was found in natural populations of *C. arvense*. This diversity seems to be maintained through time as populations from early and late successional stages present similar patterns of diversity. The AFLP molecular markers, which are mostly based on nucleic DNA, did not show an isolation by distance. This result suggests that an important nuclear gene flow might occur at our study scale (< 4 km). However, the same markers showed an important genetic differentiation between populations. The absence of influence of the phytophageous insect *U. cardui* on the genetic diversity of *C. arvense*, as well the patterns of evolution of the reproductive effort of *C. arvense* along a successional gradient, can both be understood in a metapopulation context. Therefore, these results suggest a spatio-temporal dynamic of populations of *C. arvense*, with extinction-recolonisation events.

Zusammenfassung

Das Ziel dieser Doktorarbeit ist die Untersuchung der genetischen Diversität der klonalen Pflanze *Cirsium arvense* (Asteraceae). *C. arvense* ist eine der häufigsten und erfolgreichsten mehrjährigen Unkräuter der gemässigten Klimazone. Der zunehmende Eingriff der Menschen in natürliche Landschaften, welcher meistens eine Öffnung der Vegetation zur Folge hat, vervielfacht geeignete Habitate für *C. arvense*. Die Spezies ist heutzutage allgegenwärtig in Agrar- und semi-natürlichen Landschaften. Wegen des durch sie verursachten ökonomischen Schadens wurde *C. arvense* während des letzten Jahrhunderts intensiv untersucht. Obwohl viele Informationen über die Ökologie und Biologie der Pflanze *C. arvense* vorhanden sind, fehlen Daten über ihre genetische Diversität. Das Ziel dieser Doktorarbeit war deshalb, ökologische und molekularbiologische Ansätze zu kombinieren, um herauszufinden, welche Hauptfaktoren die genetische Diversität von *C. arvense* in natürlichen Populationen im Landschaftsmassstab beeinflussen.

Es wurden molekulare Marker (Amplified Fragment Length Polymorphisms-AFLP) angewandt, um die neutrale genotypische und genetische Diversität natürlicher Populationen von *C. arvense* zu untersuchen. Dabei stand einerseits die Bedeutung der Sukzession und andererseits das Auftreten des phytophagen Insekts *Urophora cardui* im Mittelpunkt. Ein weiterer Teil der Arbeit beschäftigt sich mit der Evolution des Reproduktionsaufwandes und der Ausbreitungsfähigkeit von *C. arvense* im Verlaufe der Sukzession.

Die Ergebnisse zeigen, dass eine hohe genotypische und genetische Diversität in natürlichen Populationen von *C. arvense* vorhanden ist. Die Diversität scheint über die Zeit aufrechterhalten zu werden, da Populationen von frühen und späten Sukzessionsstadien ähnliche Diversitätsmuster zeigen. Mit den molekularen Markern, die vor allem auf Kern-DNA beruhen, wurde keine Isolierung durch die Entfernung gefunden. Dies lässt vermuten, dass in unserem Untersuchungsmaßstab (<4km) ein bedeutender nuklearer Genfluss auftritt. Trotzdem wurde eine starke Differenzierung zwischen den Populationen festgestellt. Der nichtvorhandene Einfluss des phytophagen Insekts *U. cardui* auf die genetische Diversität von *C. arvense* sowie das Evolutionsmuster des Reproduktionsaufwandes können in einem Metapopulations-Kontext verstanden werden. Diesbezüglich lassen die Ergebnisse eine räumlich-zeitliche Dynamik von *C. arvense* Populationen mit Auslöschungs- und Rekolonisierungsereignissen vermuten.