

RheinlandPfalz



Zwei Jahrzehnte Genressourcen-Forschung in Rheinland-Pfalz

Mitteilungen aus der
Forschungsanstalt für Waldökologie
und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz
Nr. 52/04

WERNER D. MAURER (HRSG.):

Tagungsbericht zum
Genressourcen-Fachkolloquium
am 28./29. Oktober 2003
auf dem Hambacher Schloss
bei Neustadt an der Weinstrasse



Ministerium für Umwelt und Forsten

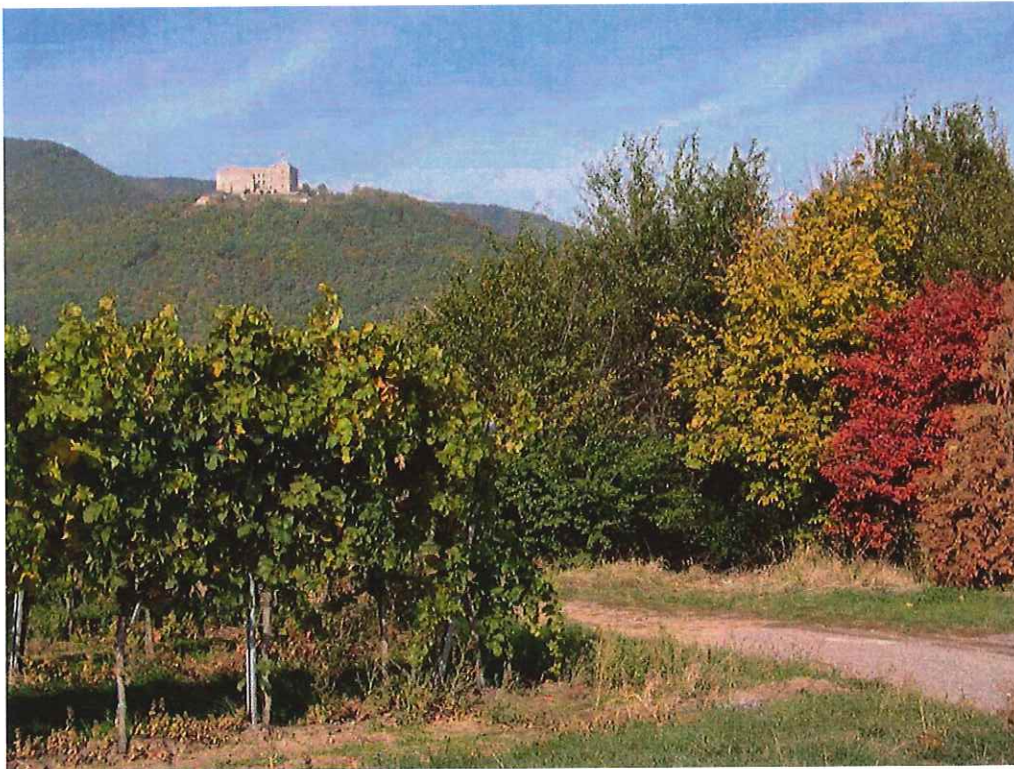


Foto: W.D. Maurer, Oktober 2003

***Das Hambacher Schloss, eingebettet in die reizvolle vorderpfälzische Wald- und Weinbaulandschaft
Hambach Castle, ingrained in the scenic Rhenish-Palatinate forest and viticulture landscape***

WERNER D. MAURER (HERAUSGEBER):

***Zwei Jahrzehnte Genressourcen-Forschung in Rheinland-Pfalz:
Umsetzung des Konzepts zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung
forstlicher Genressourcen am Beispiel des
Bundeslands Rheinland-Pfalz***

***Tagungsbericht zum internationalen Fachkolloquium mit Exkursion
am 28./29. Oktober 2003
auf dem Hambacher Schloss bei Neustadt an der Weinstrasse***

***Two Decades of Research on Gene Resources in Rhineland-Palatinate:
Realization of the Concept on the Conservation and Sustainable Utilization
of Forest Gene Resources as Exemplified by the German Federal State of
Rhineland-Palatinate***

***Proceedings of the International Expert Colloquium held on the Hambach Castle
near Neustadt on the German Wine Route on 28./29. October 2003***

**ISSN 1610 – 7705 Mitteilungen aus der Forschungsanstalt für Waldökologie
und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Nr. 52/04**

Alle Rechte, insbesondere das Recht der Vervielfältigung und Verbreitung sowie
der Übersetzung vorbehalten

- Herausgeber: Struktur- und Genehmigungsdirektion Süd,
Forschungsanstalt für Waldökologie und
Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz
- Verantwortlich: Der Leiter der Forschungsanstalt für Waldökologie
und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz
- Dokumentation: Mitteilung FAWF, Trippstadt
Nr. 52/04, 230 Seiten
+ 21 Seiten Vorspann und 13 Seiten Anhang

zu beziehen über die Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft
(FAWF) Rheinland-Pfalz, Schloss, D-67705 Trippstadt, fon: +49-6306-911-0,
fax: +49-6306-911-200, e-mail: ZDF.FAWF@wald-rlp.de

Inhaltsverzeichnis / Contents

Seite / Page

Inhaltsverzeichnis / Table of Contents	iii
---	------------

HARALD EGIDI Vorwort / Preface	vi
--	-----------

WALTER EDER Eröffnung des internationalen Fachkolloquiums <i>Opening of the international Expert Colloquium</i>	xii
--	------------

JOACHIM LEONHARDT Grußwort / Welcome address	xiv
--	------------

VORTRÄGE / LECTURES

ERIC TEISSIER DU CROS: Management and Conservation of Forest Genetic Resources. Role of IUFRO and France: Need for a Long Term Monitoring of Genetic Diversity in Conservation Networks <i>Management und Erhaltung forstlicher Genressourcen. Die Rolle der IUFRO und Frankreichs: Notwendigkeit für ein Langzeitmonitoring der genetischen Vielfalt in Erhaltungsnetzwerken</i>	1
---	----------

FERDINAND MÜLLER: Die Erhaltung forstgenetischer Ressourcen in Österreich: Aktueller Zustand – Problemfelder und Lösungsansätze <i>Conservation of forest genetic resources in Austria: current situation – complex of problems – solution approaches</i>	13
---	-----------

MARCUS ULBER: Generhaltung bei Waldbäumen – Konzepte und Umsetzungsbeispiele in der Schweiz <i>Gene conservation in forest trees – concepts and examples for implementation in Switzerland</i>	27
---	-----------

HEINZ PETER SCHMITT: Das Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland – Perspektiven für die Zukunft <i>The concept for the conservation and sustainable utilization of forest genetic resources in the Federal Republic of Germany – perspectives for the future</i>	37
---	-----------

ALBRECHT BEHM: Saatgut übersteht auch schlechte Zeiten <i>Seeds endure also adverse times</i>	47
--	-----------

VELITCHKO GAGOV, FRITZ BERGMANN & BERNHARD HOSIUS: Seed Orchards as a Tool in Tree Improvement and Conservation of Forest Gene Resources <i>Samenplantagen als Instrument der Forstpflanzenzüchtung und der Genressourcenerhaltung</i>	60
---	-----------

LUDGER LEINMANN & BERNHARD HOSIUS:	
Douglasie ist nicht gleich Douglasie: Beiträge der Genetik zum Anbau der Douglasie in Rheinland-Pfalz	
<i>Not all Douglas-firs are the same: Contributions of genetics to the cultivation of Douglas-fir in Rhineland-Palatinate</i>	71
GERHARD MÜLLER-STARCK & WERNER D. MAURER:	
Genetische Charakterisierung einheimischer Eichenarten auf der Basis rheinland-pfälzischer Herkunftsversuche und Bestandesstichproben – Antworten und offene Fragen	
<i>Genetic characterization of indigenous oak species based on provenance tests and sample stands in Rhineland-Palatinate: answers and open questions</i>	81
MARTIN ZIEHE & HANS H. HATTEMER:	
Auswirkungen räumlicher Verteilungen genetischer Varianten in Buchenbeständen auf dort geerntetes Saatgut	
<i>Effects of spatial genetic structures in beech stands on the collected seed</i>	102
UWE TABEL:	
Forstliche Generhaltungsmaßnahmen in Rheinland-Pfalz – eine aktuelle Übersicht	
<i>Measures of conserving forest genetic resources in the German Federal State of Rhineland-Palatinate – an overview of the current state.</i>	121
POSTER / POSTER	
ION BARBU:	
Conservation of Forest Genetic Resources in Romania: Focus on Coniferous Forests	
<i>Erhaltung forstlicher Genressourcen in Rumänien: Schwerpunkt Nadelwälder</i>	143
RAPHAEL TH. KLUMPP:	
PETER CARL SCHOTT: Pionier der forstlichen Genressourcen-Forschung	
<i>PETER CARL SCHOTT: Pioneer in research of forest gene resources</i>	153
JAROSLAV KOBLIHA, VLADIMIR JANECEK & MARTIN HAJNALA:	
Conservation and Utilization of Wild Cherry (<i>Prunus avium</i> L.) Gene Resources in the Czech Republic	
<i>Erhaltung und Nutzung der Genressourcen der Vogelkirsche (Prunus avium L.) in der Tschechischen Republik</i>	155
ROMAN LONGAUER:	
Conservation of Forest Genetic Resources in Slovakia – Current Status and Prospects	
<i>Erhaltung forstlicher Genressourcen in der Slowakei – gegenwärtiger Stand und Ausblick</i>	159
LEON MEJNARTOWICZ:	
North-Carpathians and Sudeten Silver Fir Genetic Variation and Diversity	
<i>Genetische Variation und Diversität der Weißtanne in den Nord-Karpaten und Sudeten</i>	169
PATRICIA BALCAR & WERNER D. MAURER:	
Möglichkeiten der Generhaltung und genetisches Monitoring in Naturwaldreservaten	
<i>Possibilities of conserving gene resources and genetic monitoring in nature forest reserves</i>	177

EVA CREMER, HENDRIK RUMPF, WILFRIED STEINER & WERNER D. MAURER:	
Berücksichtigung genetischer Aspekte im Waldbau am Beispiel der Buche (<i>Fagus sylvatica</i>) <i>Considering genetic aspects in silvicultural management exemplarily for European beech (Fagus sylvatica)</i>	183
KARL GEBHARDT:	
Genetische Diversität der Buche (<i>Fagus sylvatica</i> L.) im hessischen Staatswald <i>Genetic diversity in the state owned beech (Fagus sylvatica L.) forest in Hesse</i>	189
HEIKE HERTEL, UTE TRÖBER & RALF KÄTZEL:	
<i>cpDNA</i> haplotypes of oak populations in Brandenburg and Saxony (Germany) <i>cpDNA-Haplotypen in Eichenpopulationen von Brandenburg und Sachsen (D)</i>	197
RALF KÄTZEL & KARL-GUNTER GLOWALLA:	
Genetische, biochemische und phänotypische Charakterisierung von zwei Wildapfel- vorkommen in Brandenburg <i>Genetic, biochemical and phenotypic characterization of two wild apple (Malus sylvestris (L.) MILL.) populations in Brandenburg</i>	200
MONIKA KONNERT & MARTIN FROMM:	
Genetische Variation in kommerziellen Saatgutpartien aus Erntebeständen und Samenplantagen von Winterlinde (<i>Tilia cordata</i>) und Bergahorn (<i>Acer pseudoplatanus</i>) <i>Genetic variation in commercial seed lots from crop stands and seed orchards of small-leaved lindens (Tilia cordata) and sycamore maple (Acer pseudoplatanus)</i>	204
MATTHIAS PAUL:	
Erhaltung forstlicher Genressourcen in Sachsen <i>Conservation of forest genetic resources in Saxony</i>	213
HENDRIK RUMPF:	
Phänotypische, physiologische und genetische Variabilität bei verschiedenen Herkünften von Hasel (<i>Corylus avellana</i> L.) und Schneeball (<i>Viburnum opulus</i> L.) <i>Phenotypic, physiological, and genetic variability of different proveniences of Hazel (Corylus avellana L.) and European cranberrybush (Viburnum opulus L.)</i>	219
IRIS WAGNER, UWE TABEL, HEINZ PETER SCHMITT & WERNER D. MAURER:	
Genetische Struktur von Wildäpfeln (<i>Malus sylvestris</i> (L.) MILL.) aus Rheinland-Pfalz und Nordrhein-Westfalen im Vergleich zu Kulturäpfeln (<i>Malus x domestica</i> BORKH.) <i>Genetic structure of wild apples (Malus sylvestris (L.) MILL.) growing in Rhineland Palatinate and North Rhine-Westphalia in comparison to domesticated apples (Malus x domestica BORKH.)</i>	224
Anhang / Appendix:	
Liste der Teilnehmerinnen und Teilnehmer / List of participants	231
<i>Bisherige Veröffentlichungen „Mitteilungen aus der Forstlichen Versuchsanstalt Rheinland-Pfalz“ (bis 2001: Nr. 1/1987-47/01); seit 2002 „Mitteilungen aus der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz“ (ab Nr. 48/02)</i>	239

Vorwort

Unter dem Druck der sich rapide ändernden Umweltbedingungen mit ihren nicht klar absehbaren Konsequenzen für die Biodiversität hat die Thematik der vordringlichen Erhaltung forstlicher Genressourcen in den zurückliegenden zwei Jahrzehnten ein immer größer werdendes Betätigungsfeld für Wissenschaft und Praxis eingenommen. Dies ist auch gut so und letztlich ein zwingendes Gebot der Stunde, da das Ausmaß der Folgen dieser Veränderungen in der Biosphäre und hier namentlich im Bereich der Gehölzarten in unseren Wäldern mit den diesen zugrunde liegenden artspezifischen genetischen Strukturen als sehr beunruhigend, wenn nicht gar als unheilvoll für die Zukunft eingeschätzt werden muss.

Wissenschaftliche Untersuchungen im Bereich der komplexen Wechselwirkungen der Biodiversität mit ihren drei aufeinander aufbauenden Grundpfeilern der genetischen Vielfalt, der Artenvielfalt und der Ökosystemvielfalt sind nicht ganz einfach, und diesbezügliche Forschung braucht demzufolge einen langen Atem. So sind zwei Jahrzehnte nach der Veröffentlichung des Konzepts zur Erhaltung der forstlichen Genressourcen durch die in den 1980er Jahren ins Leben gerufene Bund-Länder-Arbeitsgruppe „*Erhaltung forstlicher Genressourcen*“ eine vergleichsweise kurze Zeitspanne, in der seitdem Genressourcen-Forschung betrieben wird. Dessen ungeachtet sind in dieser Zeit jedoch eine fast nicht mehr zu überschauende Anzahl von genetischen Studien an Waldbaumpopulationen und neuerdings auch an heimischen Strauchgehölzarten vorgenommen worden mit großartigen Ergebnissen, die für die forstliche Praxis als effiziente Entscheidungshilfen von allergrößter Bedeutung sind.

Mit der Durchführung des Fachkolloquiums „*Zwei Jahrzehnte Genressourcen-Forschung in Rheinland-Pfalz: Umsetzung des Konzepts zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlichen Genressourcen am Beispiel des Bundeslands Rheinland-Pfalz*“ am 28./29. Oktober 2003 auf dem Hambacher Schloss bei Neustadt an der Weinstrasse sollte für diese beiden Tage inne gehalten werden, um mit Vorträgen, einer Posterausstellung sowie einer Exkursion zu Erhaltungsobjekten *revue* passieren zu lassen, was seither im Lande diesbezüglich geschehen ist. Die Vielzahl von erfolgreich durchgeführten *in situ*- und *ex situ*-Generhaltungsmaßnahmen wie die Ausweisung von Generhaltungsbeständen oder die Anlage von Generhaltungssamengärten* stehen jedoch keineswegs isoliert da. Sie sind zwar aufgrund ihres Vorkommens mit ihrer Spezifität regional verankert, doch über die politischen Bundesländergrenzen hinweg als großes Ganzes auf der nationalen Ebene miteinander in einem Netzwerk verwoben.

Auch der Blick über die nationale Grenze hinweg auf unsere unmittelbaren Anrainerländer wie auch auf weitere europäische Nachbarn macht deutlich, dass enorme

* **Anmerkung des Herausgebers:** in unserem Kompetenzbereich soll zukünftig anstelle des bislang verwendeten Begriffs „**Samenplantage**“ das Wort „**Samengarten**“ Verwendung finden, berücksichtigt letzteres doch eher die langfristige Erzeugung von qualitativ hochwertigem Forstsaatgut auf solchen Flächen und differenziert zwischen den landwirtschaftlich genutzten Anbauflächen mit entsprechenden Monokulturen.

Anstrengungen zur nachhaltigen Sicherung der in ihren Wäldern vorhandenen genetischen Ressourcen unternommen werden.

Die im vorliegenden *Mitteilungsband aus der FAWF Rheinland-Pfalz Nr. 52/04* im Weiteren abgedruckten Beiträge geben eingangs die Inhalte der während des Fachkolloquiums gehaltenen Vorträge wider, in denen entsprechende Maßnahmen für Frankreich sowie auf der IUFRO-Ebene von ERIC TEISSIER DU CROS (S.1ff.), für Österreich von FERDINAND MÜLLER (S.13ff.) und für die Schweiz von MARCUS ULBER (S.27ff.) dargestellt werden. Es folgen – mit Blick in die Zukunft – eine kritische Würdigung des deutschen Generhaltungskonzepts durch HEINZ PETER SCHMITT (S.37ff.): Durch ALBRECHT BEHM wird die dem Forstsaatgut bei der Generhaltung zukommende Rolle aufgezeigt, aber auch die großen Probleme, die sich bei der Saatguteinlagerung ergeben und so eine Langzeitlagerung derzeit nicht voll gewährleistet ist (S.47ff.). Mit dem von VELITCHKO GAGOV *et al.* vorgestellten Beispiel der Weißtanne werden Vor- und Nachteile der *ex situ*-Generhaltung mittels Samengärten diskutiert (S.60ff.). Im Rahmen des rheinland-pfälzischen Genressourcenprogramms durchgeführte baumartenspezifische Untersuchungsergebnisse auf der Grundlage von Isoenzym-Genmarkern präsentieren LUDGER LEINEMANN & BERNHARD HOSIUS für die Douglasie; sie zeigen in aller Deutlichkeit auf, dass die Rasse, nämlich Küstenrasse und Inlandsrasse, für den Douglasienanbau eine ausschlaggebende Rolle spielt und dass sich im Lande hierfür ausschließlich Douglasien der Küstenrasse eignen (S.71ff.). Die genetische Charakterisierung von Stiel- und Traubeneichen in Herkunftsversuchen wie auch in Beständen, die für die Ausweisung *in situ* als Generhaltungsbestände vorausgewählt wurden, präsentieren GERHARD MÜLLER-STARCK & WERNER D. MAURER (81ff.). Unter dem Blickwinkel von unterschiedlichen Ernteverfahren beleuchten MARTIN ZIEHE & HANS H. HATTEMER die Auswirkungen der räumlichen Verteilung von genetischen Varianten auf die genetische Qualität von in Buchenbeständen geerntetem Saatgut (pp.102ff.). Den Abschluss des Vortragsreigens nimmt UWE TABEL mit seiner aktuellen Übersicht über die während seiner Dienstzeit bis April 2004 in Rheinland-Pfalz durchgeführten Generhaltungsmaßnahmen ein (S.121ff.).

Die im Rahmen der Posterausstellung beim Fachkolloquium gezeigten Bildpräsentationen, deren jeweilige Inhalte ebenfalls hier beschrieben werden, umfassen ein breites Spektrum von Informationen zu Generhaltungsmaßnahmen im jeweiligen Lande [ION BARBU für Rumänien (S.143ff.); JAROSLAV KOBLIHA *et al.* für Tschechien (S.155ff.); ROMAN LONGAUER für die Slowakische Republik (S.159ff.), LEON MEJNARTOWICZ für Polen (169ff.) sowie mit detailliertem geschichtlichen Hintergrund MATTHIAS PAUL für den Freistaat Sachsen (S.213ff.)]. Mit Carl Peter Schott stellt RAPHAEL KLUMPP den Pionier der forstlichen Genressourcen-Forschung und dessen Wirken vor (S.153ff.). PATRICIA BALCAR & WERNER D. MAURER informieren über die Möglichkeiten der Generhaltung und der Durchführung eines genetischen Monitorings in Naturwaldreservaten (S.177), während EVA CREMER *et al.* am Beispiel der Buche auf die Berücksichtigung genetischer Aspekte bei deren waldbaulicher Behandlung

hinweisen (183ff.). Die genetische Diversität wird von KARL GEBHARDT anhand von Isoenzym- und DNA-Genmarkern für Vorkommen im hessischen Staatwald beleuchtet (S.189ff.) sowie von HEIKE HERTEL *et al.* für die Eiche in Brandenburg und Sachsen auf der Basis von *cpDNA*-Haplotypen (S.197ff.). Sowohl RALF KÄTZEL & KARL-GUNTER GLOWALLA (S.200ff.) als auch IRIS WAGNER *et al.* (S.224) beschäftigen sich mit dem Wildapfel hinsichtlich seiner Artreinheit und seiner genetischen Strukturierung. Mit Saatgutpartien aus Samenplantagen von Winterlinde und Bergahorn und begleitenden Problemen wie der genetischen Einengung des Ernteguts beschäftigen sich MONIKA KONNERT & MARTIN FROMM (S.204ff.). Aus dem Bereich der Strauchgehölze zeigt HENDRIK RUMPF am Beispiel von Hasel und Schneeball mit phänotypischen, physiologischen und genetischen Studien auf, wie bedeutsam die Herkunft von Straucharten bei Pflanzungen zu beurteilen ist (S.219).

Für einen jeden der hier aufgeführten Beiträge sei den jeweiligen Autorinnen und Autoren ein großes Kompliment für ihre Mühe bei der Durchführung der Untersuchungen und Sorgfalt bei der Verfassung der Beiträge ausgesprochen. Ein jeder Beitrag ist ein zwar kleines, doch wichtiges Puzzlestück, das dazu beiträgt, immer mehr in die Tiefe gehende Einblicke in die geheimnisvolle Welt der genetischen Strukturen der Bäume und Sträucher in unseren Wäldern zu erhalten. Damit können Entscheidungsträgern – fachlich fundiert – entscheidende Impulse bei deren Bemühungen um die Umweltvor- und -fürsorge gegeben werden.
Nur – dies ist ohne Forschung nur bedingt wenn nicht gar unmöglich!

Ein ganz besonderer Dank gilt den Kollegen DR. WALTER EDER und UWE TABEL, die frühzeitig und mit Weitblick das Genressourcenprogramm in Rheinland-Pfalz initiiert und ständig fortentwickelt haben. Der erreichte hohe Wissensstand, die breiten methodischen Kenntnisse und insbesondere auch der große Umfang an identifizierten und gesicherten Genressourcen in Rheinland-Pfalz sind mit ihrer Arbeit und ihrem Namen verbunden. Die in diesem Tagungsband vorgestellten Berichte reflektieren dieses Tätigkeitsspektrum in einer Reihe von Beiträgen in sehr eindrucksvoller Form und machen gleichzeitig auch deutlich, wie selbstverständlich und „leicht“ grenzüberschreitendes und internationales Denken in der Familie der Genressourcenforscherinnen und –forscher Einzug gefunden hat.

DR. HARALD EGIDI

Ministerium für Forsten und Umwelt Rheinland-Pfalz

Preface

Under the pressure of the rapidly changing environmental conditions connected with consequences that can no longer be foreseen for biodiversity, the subject of urgently conserving forest genetic resources has gained an ever-increasing working field for science and practice in the past two decades. This is a very good thing though, because in the end a cogent imperative since the extent of the effects in the biosphere, in particular in the sphere of the woody plant species in our forests with their species-specific genetic structures has to be assessed to be very alarming or even disastrous in view of the future.

Performing scientifically based studies in the field of the complex interactions of biodiversity including its three hierarchical columns bearing genetic diversity, species diversity and ecosystem diversity is not at all simple, and consequently related research needs a long breath. Two decades after the concept of the conservation of forest genetic resources by the German Federal-State Working Group "*Conservation of Forest Genetic Resources*" implemented in the 1980's, are of course a comparatively short period of time in which research on gene resources has been done since then. In spite of that however, a vast number of genetic studies on forest tree populations – indigenous woody shrub species have been included since recently – were carried out during this time bringing about superb results which are very important as efficient decisive tools for the practice.

The idea of holding the Expert Colloquium "*Two Decades of Research on Gene Resources in Rhineland-Palatinate: Realizing the Concept of the Conservation and Sustainable Utilization of Forest Genetic resources as Exemplified by the German Federal State of Rhineland-Palatinate*" on 28./29. October on the Hambach Castle near Neustadt on the German Wine Route was realized in order to make a stop for these two days for reviewing together by oral lectures, a poster exhibition and an excursion what has been done in this field of research so far. The large number of successfully performed *in situ*- and *ex situ* gene conservation measures or establishing gene conservation seed orchards are by no means isolated though. Due to the distinct specificity of the occurrences, they are regionally firmly established, but included in a national network across the political borders of the German Federal States as an integral whole.

When directing our view across the German national border to our immediate neighbours as well as to other European countries, it becomes apparent that great efforts are made overall for securing the genetic resources present in their woodlands in a sustainable way.

The first part of contributions in this *Mitteilungsband aus der FAWF Rheinland-Pfalz Nr. 52/04* provide the contents of the oral lectures presented during the Expert Colloquium. Initially the related activities on IUFRO level and realized and planned measures for France are given by ERIC TEISSIER DU CROS (pp.1ff), followed by the contributions of FERDINAND MÜLLER for Austria (pp.13ff.) and MARCUS ULBER for

Switzerland (pp.27ff.). Regarding the future, a critical valuation of the German concept for conserving forest gene resources is made by HEINZ PETER SCHMITT (pp.37ff.). ALBRECHT BEHM (pp.47ff.) demonstrates the role attributed to forest seeds in the framework of gene conservation, but he also points out the great problems related to seed storing with the consequence that long-term storing of seeds cannot be warranted efficiently. Advantages and disadvantages of *ex situ* gene conservation by establishing seed orchards are discussed by VELITCHKO GAGOV *et al.* (pp.60ff.). Results of tree species specific studies based on isozyme gene markers carried out in the framework of the gene resources programme in Rhineland-Palatinate are presented for Douglas-fir by LUDGER LEINEMANN & BERNHARD HOSIUS; it is clearly demonstrated by the authors that the race, *i.e.* coastal *resp.* interior race are essential for Douglas-fir cultivation, and exclusively Douglas-firs of the coastal race are suited for our region (pp.71ff.). The genetic characterization of pedunculate and sessile oaks both in provenance tests and in stands pre-selected for designating *in situ* gene conservation stands, is illustrated by GERHARD MÜLLER-STARCK & WERNER D. MAURER (pp.81ff.). By considering different harvesting procedures in beech stands, MARTIN ZIEHE & HANS H. HATTEMER examine closely the effects exerted by the spatial distribution of genetic variants on the quality of seed crop harvested in these stands (pp.102ff.). UWE TABEL concludes the series of oral presentations by giving an actual survey on all the gene conservation measures that had been carried out in Rhineland-Palatinate during his period of service up to April 2004 (pp.121ff.).

This section is followed by presenting the contents of the posters exhibited during the Expert Colloquium. A wide scope of information on gene conservation activities is given for different countries [for Romania by ION BARBU (pp.143ff.); for the Czech Republic by JAROSLAV KOBLIHA *et al.* (pp.155ff.); for Slovakia by ROMAN LONGAUER (pp.159ff.), for Poland by LEON MEJNARTOWICZ (pp.169ff.); and for the German Free State of Saxony by MATTHIAS PAUL, who includes the detailed historical background of gene conservation development in this state (pp.213ff.)]. RAPHAEL TH. KLUMPP characterizes Carl Peter Schott as the early pioneer of research on forest gene resources (pp.153ff.). PATRICIA BALCAR & WERNER D. MAURER inform about the possibilities of conserving gene resources and realizing a genetic monitoring in nature forest reserves (pp.177ff), while EVA CREMER *et al.* point out, as exemplified by European beech, the importance of considering genetic aspects when carrying out silvicultural treatments (183ff.). The genetic diversity of beech stands in the German Federal State of Hesse is elucidated by KARL GEBHARDT by applying isozyme and DNA gene markers (pp.189ff) as well as by HEIKE HERTEL *et al.* for oak populations in Brandenburg and Saxony on the base of *cpDNA* haplotypes (pp.197ff.). Both RALF KÄTZEL & KARL-GUNTER GLOWALLA (pp.200ff.) and IRIS WAGNER *et al.* (pp.224) deal with the wild apple with respect to trueness to type and its genetic structures. Seed lots from seed orchards of small-leaved linden and Sycamore maple as well as concomitant problems like the genetic narrowing of the seed crop is pointed out by MONIKA KONNERT & MARTIN FROMM (pp.204ff.). Out of the sphere of woody shrub species HENDRIK RUMPF demonstrates, based on phenotypic, physiological and genetic studies on hazelnut and

European cranberrybush, how important the origin and provenance of shrubs must be judged when such woody plants will be used for plantings (pp.219ff.).

For each contribution presented in this volume, the author is given a great compliment for his *resp.* her labour in performing the studies and the carefulness when writing the article printed here. Each contribution is a tiny but essential piece of puzzle, which contributes to obtaining profound insights in the secret world of the genetic structures of the trees and woody shrubs in our forests. Thus it is possible to give person with decision competence – on a scientifically sound base – important impulses for their efforts to provide and care for the environment. However, without doing research, this is only possible in a limited way or even impossible.

A very special thank is given to the colleagues DR. WALTER EDER and UWE TABEL who initiated early and far-sighted the gene resources programme in Rhineland-Palatinate and promoted its development steadily. The present high state of knowledge, the wide range of methodical skills, and in particular the large extent of identified and secured gene resources in Rhineland-Palatinate are connected with their work and their names. Quite some reports presented in this volume reflect this spectrum of work. In addition they make also clear at the same time, how efficiently and “easily” transboundary and international thinking joins together the family of gene resources research scientists.

DR. HARALD EGIDI

Ministry for Environment and Forestry of Rhineland-Palatinate

Eröffnung des internationalen Fachkolloquiums „Zwei Jahrzehnte Genressourcen-Forschung in Rheinland-Pfalz“ durch Ministerialrat Dr. Walter Eder

MINISTERIUM FÜR UMWELT UND FORSTEN RHEINLAND-PFALZ, ABT. FORSTEN

Meine sehr geehrten Damen und Herren, liebe Kolleginnen und Kollegen,

ich eröffne unser Kolloquium „Zwei Jahrzehnte Genressourcen-Forschung in Rheinland-Pfalz“ und darf, ohne den eigentlichen Begrüßungsworten vorzugreifen, meiner großen Freude Ausdruck verleihen, dass Sie so zahlreich unserer Einladung gefolgt sind.

Wir haben, bevor Ihre Anmeldungen bei uns eingegangen waren, immer etwas verschämt von einem „Internationalen Kolloquium“ gesprochen, ohne ahnen zu können, dass Sie das Wort „international“ tatsächlich mit einer Präsenz wahr machen würden, auf die wir Organisatoren ganz einfach stolz sind!

Herzlichen Dank, dass Sie, ja lassen Sie es mich so sagen, die „Creme de la Creme“ der europäischen Forstgenetiker und Forstpflanzenzüchter uns die Ehre geben!

Der illustren Teilnehmerschar entsprechend haben wir diese besondere Tagungsstätte gewählt, in der bereits am 18.-20. Oktober 1994 die *22. Internationale Tagung der Arbeitsgemeinschaft für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung* unter dem Leitmotiv „*Genetik und Waldbau unter besonderer Berücksichtigung der heimischen Eichenarten*“ stattfand und an der auch eine Reihe der heute hier anwesenden Gäste teilgenommen hat, denen die damalige Tagung hoffentlich auch noch in angenehmer Erinnerung ist. Sie wissen es natürlich alle, aber ich darf es dennoch noch einmal sagen: Wir tagen an der Geburtsstätte der deutschen Demokratie, im sogenannten Siebenpfeiffer-Saal, der nach einem der führenden Köpfe des von liberalen Pfälzer Bürgern und Journalisten begründeten „Deutschen Preß- und Vaterlandsvereins“ und einem der Hauptinitiatoren des 1832 hier veranstalteten sogenannten „Hambacher Festes“, DR. PHILIPP JAKOB SIEBENPFEIFFER, benannt ist.

Ohne diese als Volksfest getarnte, von seinen pfälzischen Organisatoren sehr wohl als politische Veranstaltung gedachte Zusammenkunft von mehreren zehntausend liberal gesinnter Menschen aus ganz Europa – ein großes Kontingent stellten übrigens die Polen – hätte dieses Gedankengut wohl noch lange keine Chance gehabt, sich von hier aus über die Lande zu verbreiten.

An diesem für unser Kolloquium würdigen Tagungsort wollen wir jetzt sogleich mit den Vorträgen und Diskussionen, auf die wir alle sehr gespannt sein dürfen, beginnen.

Dankenswerterweise hat der Leiter der Landesforsten Rheinland-Pfalz, Herr MINISTERIALDIRIGENT JOACHIM LEONHARDT, den ich herzlich willkommen heiße, sich bereit erklärt, Sie hier offiziell zu begrüßen.

Herr Leonhardt, ich darf Sie um Ihre Begrüßungsrede bitten!

Opening of the International Expert Colloquium „Two Decades of Research on Genetic Resources in Rhineland-Palatinate“ by Ministerialrat Dr. Walter Eder

MINISTRY FOR ENVIRONMENT AND FORESTRY OF RHINELAND-PALATINATE,
DEPT. FORESTRY

Ladies and gentlemen, dear colleagues,

I have the pleasure to open our colloquium "*Two Decades of Research on Genetic Resources in Rhineland-Palatinate*", and I am especially pleased that so many colleagues have come to this meeting in response to our invitation.

Even before receiving your registration forms, we spoke modestly of an "international colloquium" without being able to foresee that the word "international" would in fact be realized by your presence, and we organizers are very proud of this!

We would like to express our thanks to all of you – the "crème de la crème" of the European forest geneticists and forest plant breeders – for honoring us with your presence!

Considering the illustrious participants we chose this special venue where already the 22nd International Meeting of the Working Party of Forest Genetics and Forest Plant Breeding was held from the 18th to 20th October 1994 under the leitmotif "*Genetics and silviculture with special emphasis on the indigenous oak tree species*". Quite a number of guests who are present here today were also at this meeting then, and we hope they still have pleasant memories of it.

Of course, you all know about that, nevertheless let me tell you again even if you are already aware of it: our meeting is taking place at the birthplace of German democracy, in the so-called Siebenpfeiffer-Saal which was named after DR. PHILIPP JACOB SIEBENPFEIFFER, who was one of the leaders of the "Deutscher Preß- und Vaterlandsverein" founded by liberal citizens and journalists from the Palatinate, and one of the main initiators of the so-called "Hambacher Fest" held here in 1832. This event was staged as a public festival but was actually planned by its Palatinian organizers as a political meeting of several tens of thousands of liberal persons from all over of Europe. It is interesting to note that the largest contingent consisted of Polish people. If it had not been for this event, these liberal ideas would not have had chance to spread so quickly from here to other countries.

At this specific venue worthy of our colloquium, we now will start with the lectures and discussions that we are eager to experience.

First I would like to welcome the head of Landesforsten Rheinland-Pfalz, MINISTERIAL-DIRIGENT JOACHIM LEONHARDT and express my thanks to him for agreeing to give the official welcome address to you.

Mr. Leonhardt, may I ask you for your welcome address!

Begrüßungsrede von Ministerialdirigent Joachim Leonhardt

MINISTERIUM FÜR UMWELT UND FORSTEN RHEINLAND-PFALZ, ABT. FORSTEN

Sehr geehrte Damen und Herren,

Zwei Jahrzehnte sind aus forstwirtschaftlicher Sicht ein vergleichsweise kurzer Zeitraum.

Hinsichtlich unserer Aktivitäten zur Erhaltung und Mehrung von Waldgenressourcen – das heißt Zukunftsvorsorge durch nachhaltige Sicherung des genetischen Potenzials – sind zwei Jahrzehnte aber ein angemessener Zeitraum, Rückschau auf die eigenen und Ausschau auf nachbarliche Aktivitäten zu halten.

Auch die Forstpflanzenzüchtung hat in nennenswerten Bereichen und vor allem hinsichtlich der selteneren Baumarten erhaltungsrelevante Maßnahmen durchgeführt. Seit einigen Jahren sind zudem eine Reihe von gebiethemischen Straucharten in dieses Maßnahmenpaket mit einbezogen.

Insofern begrüße ich ganz besonders **HERRN DR. ERIC TEISSIER DU CROS** von der INRA (Institut National de la Recherche Agronomique) vom Centre d'Avignon in Frankreich, der auch Vizepräsident im *IUFRO*-Vorstand und dort zuständig ist für Wissenschaftsangelegenheiten. Weiter ist Dr. Teissier du Cros Vertreter Frankreichs im *EUFORGEN*-Lenkungsausschuss und derzeitiger Vorsitzender der französischen Commission für die Erhaltung forstgenetischer Ressourcen .

Ich begrüße in gleicher Weise **HERRN DR. FERDINAND MÜLLER** aus Österreich vom Bundesamt und Forschungszentrum für Wald in Wien sowie **HERRN FORSTINGENIEUR MARCUS ULBER** von der Eidgenössischen Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft in Birmensdorf in der Schweiz, und ich freue mich sehr, dass auch sie über die Generhaltung in Ihrem eigenen Lande berichten wollen - herzlich willkommen!

Mein Gruß gilt **HERRN FORSTDIREKTOR HEINZ PETER SCHMITT**, Leiter der Forstgenbank Nordrhein-Westfalen in Arnsberg und derzeitiger Vorsitzender der *Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Erhaltung forstlicher Genressourcen und Forstsaatgutrecht“*, der in seinem Referat die im Generhaltungskonzept der Bundesrepublik sich abzeichnenden Zukunftsperspektiven für Deutschland zur Diskussion stellen wird.

HERR LEITENDER FORSTDIREKTOR ALBRECHT BEHM, Leiter des bayerischen Amtes für forstliche Saat- und Pflanzenzüchtung in Teisendorf, wird uns das Saatgut als eines der wesentlichsten Potenziale für die Generhaltung sowie die damit verbundene Problematik nahe bringen. Auch ihm gilt mein herzlicher Gruß.

Zudem freue ich mich, einige Wissenschaftler begrüßen zu dürfen, mit denen uns eine enge und freundschaftliche Kooperation bei speziellen Fragestellungen verbindet. Das sind in der Reihenfolge ihrer Referate

HERR PROFESSOR DR. VELITCHKO GAGOV von der Forstlichen Universität Sofia, der uns als ausgewiesener Tannenspezialist langjährig unterstützt hat;

HERR DR. LUDGER LEINEMANN von der Universität Göttingen, der mit seinen genetische Untersuchungen zur Ursachenforschung des Douglasiensterbens Mitte der 1990er Jahre aus genetischer Sicht sehr wichtige Beiträge geliefert hat;

HERR PROFESSOR DR. GERHARD MÜLLER-STARCK vom Wissenschaftszentrum Weißenstephan, TU München, der eine ganze Reihe wertvoller Forschungsergebnisse zur genetischen Bewertung der rheinland-pfälzischen Eichenbestände geliefert hat.

Ebenso **HERR PROFESSOR DR. EM. HANS HEINRICH HATTEMER** von der Universität Göttingen, der zusammen mit **HERRN PRIVATDOZENT DR. MARTIN ZIEHE** die wesentlichen Entscheidungsgrundlagen für die Ausweisung unserer Buchen-Generhaltungsbestände erarbeitet hat – einen solchen Bestand werden Sie morgen begehen.

Und last but not least möchte ich **HERRN FORSTDIREKTOR I.R. UWE TABEL** begrüßen, der sich nunmehr seit Ende April des Jahres mit seiner „Entlassung“ in den Ruhestand die Forstgenetik und die Forstpflanzenzüchtung und -züchtung „von außen“ ansieht, sich aber dankenswerterweise bereit erklärt hat, mit seinem Vortrag am Ende der heutigen Vortragsreihe eine zusammenfassende Schau über den derzeitigen Stand der forstlichen Generhaltungsmaßnahmen in Land Rheinland-Pfalz zu geben.

So freue ich mich natürlich, meine sehr geehrten Herren, dass Sie diese Tagung mit Ihren Beiträgen bereichern werden und begrüße Sie ganz herzlich.

Ebenso herzlich begrüße ich die hier anwesenden **AUTOREN DER INHALTSREICHEN POSTER**, die unsere Fachtagung in besonderer Weise aufwerten. Für Ihre Mühe und Bereitstellung danke ich Ihnen sehr.

Und damit all dieses Wissen mit der nicht immer ganz einfachen zugrunde liegenden Arbeit nicht den Charakter einer Eintagsfliege annimmt, werden Ihre Beiträge wie natürlich auch die der Referenten in einem Tagungsbericht zusammengestellt und in der Hausschriftreihe der FAWF in Trippstadt veröffentlicht.

Meine sehr geehrten Damen und Herren, wir sind hier immerhin mehr als 50 Teilnehmerinnen und Teilnehmer.

Deshalb erlauben sie mir bitte, dass ich stellvertretend für alle Gäste nur noch einige Teilnehmer persönlich begrüße:

An vorderster Stelle würde ich gerne **PROFESSORIN DR. SONJA HORVAT-MAROLT**, begrüßen, deren wissenschaftliche und persönliche Verbindung zu uns schon eine lange Tradition hat – bedauerlicherweise musste sie aus persönlichen Gründen ganz kurzfristig ihre Teilnahme an unserem Fachkolloquium absagen!

Somit begrüße ich also die Herren **PROFESSOR DR. LEON MEJNARTOWICZ** aus Polen und **PROFESSOR DR. JAROSLAV KOBLIHA** aus Tschechien – meine Herren, seien Sie herzlich willkommen. Auch die Herren **DR. ION BARBU** aus Rumänien, **DR. ROMAN LONGAUER** aus der Slowakei und Herrn **DR. RAPHAEL KLUMPP** aus Österreich bereichern unsere Fachtagung – mein herzlicher Willkommensgruss an Sie!

Schließlich möchte ich noch einen ganz besonderen Gruß an Sie, verehrter Herr **PROFESSOR DR. EM. HEINRICH MELCHIOR** richten, der Sie es sich als Emeritus nicht haben nehmen lassen, an dieser Tagung teilzunehmen.

Ich habe zwar gehört, dass sie aus gutem Grunde auch „weingenüsslich“ gern dem Geilweilerhof einen Besuch abstatten, aber ich bin davon überzeugt, dass Sie aus fachlichem Interesse wie aus persönlicher Verbundenheit gern hierher gekommen sind – wie ich erfahren konnte, waren Sie eine der ersten Personen, die sich zu diesem Kolloquium verbindlich angemeldet hatten.

Sie waren immerhin der erste Vorsitzende der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Erhaltung forstlicher Genressourcen“ und haben mit sehr viel menschlichem Geschick widerstreitende Auffassungen zum Konsens gebracht, dessen Ergebnis immerhin das umfassende Konzept zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland 1987 gewesen ist. Herzlich willkommen!

Meine sehr geehrten Damen und Herren, Maßnahmen zur Erhaltung forstgenetischer Ressourcen hat es in vielfältiger Form natürlich schon seit längerer Zeit gegeben, so auch hier in Rheinland-Pfalz.

Aber erst mit dem eben angesprochenen Konzept von 1987 wurden die Aufgaben klar abgegrenzt und umfassend gegliedert. Die mit der Umsetzung des Konzepts beauftragte Bund-Länder-Arbeitsgruppe – im Übrigen war Rheinland-Pfalz von Anbeginn durch **FD UWE TABEL** vertreten – traf sich regelmäßig zu Arbeitssitzungen, behandelte Sachfragen, koordinierte die Aufgabenverteilung bei gemeinsamen Projekten, informierte gegenseitig, erstellte Tätigkeitsberichte und legte schließlich im Jahre 2000 das überarbeitete „*Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland*“ vor – hier sei namentlich Herr **FORSTOBERRAT MATTHIAS PAUL** vom Landesforstpräsidium in Pirna-Graupa (Sachsen) als Schriftleiter erwähnt und ihm stellvertretend für die exzellente Arbeit des gesamten Arbeitsteams gedankt.

Es liegt in der Natur der Sache, dass die Erhaltungsschwerpunkte regional unterschiedlich liegen. Das ergibt sich allein schon aus klimatischen und standörtlichen Verschiedenheiten, aber auch aus der Intensität anthropogener Einflüsse.

Letzteres wird besonders dort deutlich, wo einerseits Wald von Menschenhand über lange Zeit verdrängt worden war und andererseits nie eine andere Bodennutzungsform stattfand, wenngleich auch hier der menschliche Einfluss viel veränderte.

Ein Beispiel aus Rheinland-Pfalz findet sich im Vergleich der Eifel, wo der größere Anteil der heutigen Waldfläche erst wieder gut vor eineinhalb Jahrhunderten entstand, mit dem Pfälzerwald, der seit Menschengedenken Waldstandort geblieben ist.

Der ökologisch orientierte, naturnahe Waldbau ist als Programm die Grundlage unserer Waldbehandlung. Bekanntermaßen hat die Naturverjüngung darin einen hohen Stellenwert. Aber wir überlegen uns sehr wohl, auf welchen Standorten, für welche Baumarten und insbesondere für welche baumartenspezifischen Genotypen wir der Naturverjüngung den Vorrang geben.

Unser rheinland-pfälzisches Landeswaldgesetz vom 30. November 2000 bestimmt als Gesetzeszweck (§1) u.a. die Erhaltung der Genressourcen und zugleich die dazugehörige Waldforschung. Bezüglich der Nachhaltigkeit und Umweltvorsorge (§ 6) hat der Wald u.a. auch seine Bedeutung für die biologische Vielfalt zu erbringen, welche neben der Vielfalt der Arten und Lebensräume insbesondere auch die genetische Vielfalt als elementare Grundvoraussetzung für die Arten- und Lebensraumvielfalt beinhaltet. Aus der gesetzlichen Grundlage leitet sich also ab, dass die Erhaltung der Genressourcen eine Daueraufgabe ist, deren Umsetzung sowohl von der Forschung, insbesondere aber auch von der Praxis zu leisten ist.

Aus dem Generhaltungskonzept von Rheinland-Pfalz und seiner bisherigen Umsetzung werden Sie morgen gelegentlich der Exkursion ein paar Ausschnitte sehen und die Gelegenheit haben, Ihren kritischen Gedanken und Äußerungen freien Lauf zu lassen. Allein die sachlich-kritische Auseinandersetzung ist befruchtend, und schließlich möchten wir ja auch für uns einiges Konstruktives aus diesem Kolloquium mitnehmen können.

Ich wünsche Ihnen für die Vortrags- und Posterveranstaltung heute und gleichermaßen für die Exkursion morgen fachlich interessante und menschlich verbindende Stunden.

Welcome address
by Ministerialdirigent Joachim Leonhardt

MINISTRY FOR ENVIRONMENT AND FORESTRY OF RHINELAND-PALATINATE,
DEPT. FORESTRY

Ladies and gentlemen:

From the view of forestry two decades are a comparatively short period of time. Regarding our activities for conserving and promoting forest gene resources – this means provision for the future by safe-guarding the genetic potential in a sustainable way – two decades appear to be an appropriate period of time for looking at retrospect at our own activities as well as observing the activities of our neighbors.

Forest tree breeding has also carried out conservation measures in noteworthy areas and most importantly with regard to rare tree species. In addition, a number of indigenous woody shrub species have been included in this package of activities in the past few years.

So I would like to welcome particularly **DR. ERIC TEISSIER DU CROS** from INRA (Institut National de la Recherche Agronomique) of the Centre d'Avignon in France, who is also vice-president of the *IUFRO* board and is in charge of scientific matters. Moreover, **DR. TEISSIER DU CROS** also represents France in the *EUFORGEN* steering committee and at present he is the chairman of the French commission for the conservation of forest genetic resources.

Likewise I welcome **DR. FERDINAND MÜLLER** from Austria of the Austrian Federal Office and Research Centre for Forests (BFW) in Vienna as well as **FORSTINGENIEUR MARCUS ULBER** from the Swiss Federal Research Institute WSL in Birmensdorf in Switzerland, and I am glad that also you will report on gene conservation in your home countries – welcome here!

I would also like to extend a warm welcome to **FORSTDIREKTOR HEINZ PETER SCHMITT**, director of the Forest Gene Bank of North Rhine-Westphalia in Arnsberg and current chairman of the German Federal-State-Working Group "*Conservation of Forest Gene Resources and Forest Seed Law*". In his lecture he will discuss the future perspectives for Germany, which have become apparent now in the concept for conserving forest genetic resources in the Federal Republic of Germany.

LEITENDER FORSTDIREKTOR ALBRECHT BEHM, director of the Bavarian Office for Forest Seed and Plant Breeding (ASP) in Teisendorf will inform us about seed stock, one of the potentials most important for gene conservation, and he will discuss problems related with it. Welcome to you, too.

Moreover, I am pleased to welcome some scientists to whom we are bound by a close and friendly co-operation concerning specific questions. In the order of their lectures these persons are:

PROFESSOR DR. VELITCHKO GAGOV from the Forestry University in Sofia (Bulgaria) who as well recommended expert for fir trees has supported us for years.

DR. LUDGER LEINEMANN from the University of Göttingen who made important contributions with his genetic studies on the causes of Douglas-fir dieback in the mid 1990's.

PROFESSOR DR. GERHARD MÜLLER-STARCK from the Center of Life Sciences (WZW) at the Technical University Munich in Freising who has provided a lot of valuable research results on the genetic valuation of the oak populations in Rhineland-Palatinate.

As well as **PROFESSOR DR. EM. HANS HEINRICH HATTEMER** from the University of Göttingen who, together with **PRIVATDOZENT DR. MARTIN ZIEHE**, has worked out the essential basics for making decisions on the designation of our beech gene conservation stands – we will make an excursion to such a stand tomorrow.

And last but not least I would like to welcome **FORSTDIREKTOR I.R. UWE TABEL** who since his retirement at the end of April has been looking “from the outside” at forest genetics and forest plant production and breeding. He has generously agreed to give a summarizing overview of the present state of forest gene conservation activities in the Federal State of Rhineland Palatinate in his lecture at the end of the series of lectures today.

Dear colleagues, I am very happy about the fact that you will enrich this meeting with your contributions, and I welcome you heartily.

In the same way I also want to welcome the **AUTHORS OF THE INFORMATIVE POSTERS** present here which are a valuable contribution to our expert meeting. I would like to express my thanks to you for your work and willingness. And to ensure that all of this knowledge based on many hours of hard work is not simply presented and forgotten, your contributions as well as those of the lecturers will be compiled in a volume of proceedings which will be published in the *Mitteilungen aus der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz*.

Ladies and gentlemen, together there are more than 50 participants present here, so please allow me to welcome just a representative few guests by name:

In the first place I would have liked to welcome **PROFESSORIN DR. SONJA HORVAT-MAROLT** from Slovenia whose personal and scientific contact with us has a long tradition – unfortunately, she had to cancel her participation just before the beginning of our meeting for personal reasons.

Thus I greet **PROFESSOR DR. LEON MEJNARTOWICZ** from Poland and **PROFESSOR DR. JAROSLAV KOBLIHA** from the Czech Republic –welcome gentlemen! Also **DR. ION BARBU** from Romania, **DR. ROMAN LONGAUER** from Slovakia, and **DR. RAPHAEL KLUMPP** from Austria enrich our expert meeting with their presence – my welcome greetings to you!

And finally, it is a very special pleasure to me to welcome you, honorable **PROFESSOR DR. EM. HEINRICH MELCHIOR!** Even though you are retired you couldn't resist participating in this meeting. I have heard that you have good reasons to visit the Geilweilerhof because of the excellent wines produced there, but I am also convinced that you came here to us because of your specific interest as well as your personal closeness with us – as I was told you were one of the first persons to get registered for this colloquium.

You were the very first chairman of the Federal-State-Working Group "*Conservation of Forest Genetic Resources*", and through your personal competence, you were able to bring conflicting opinions to a consensus. This resulted in the implementation of the comprehensive "*Concept of the Conservation of Forest Genetic Resources in the Federal Republic of Germany*" in 1987. Welcome here!

Ladies and gentlemen, there have been of course diverse activities for conserving forest genetic resources for a longer period of time, and this is true for Rhineland Palatinate.

But it was not until the concept of 1987, which I mentioned before that the tasks were clearly stated and extensively structured. The Federal-State-Working Group responsible for its realization – with **FORSTDIREKTOR UWE TABEL** representing Rhineland Palatinate from the very beginning – met regularly for working sessions, discussed factual questions, coordinated the organization of tasks in joint projects, informed mutually, produced working reports, and presented finally in 2000 the worked-over "*Concept of the Conservation and Sustainable Utilization of Forest Genetic Resources of the Federal Republic of Germany*" – **FORSTOBERRAT MATTHIAS PAUL** from the Landesforstpräsidium in Pirna-Graupa (Saxony) should be mentioned by name as editor, and he should be thanked as a representative of the whole working team for the excellent work.

It is natural that the main focuses of conservation differ regionally. This results from climatic and site diversities, but also from the intensity of anthropogenic influences.

The latter becomes apparent in particular where on the one hand forest was ousted over a long period of time, and on the other hand, no other kind of soil utilization ever occurred even if human influence changed many things here also.

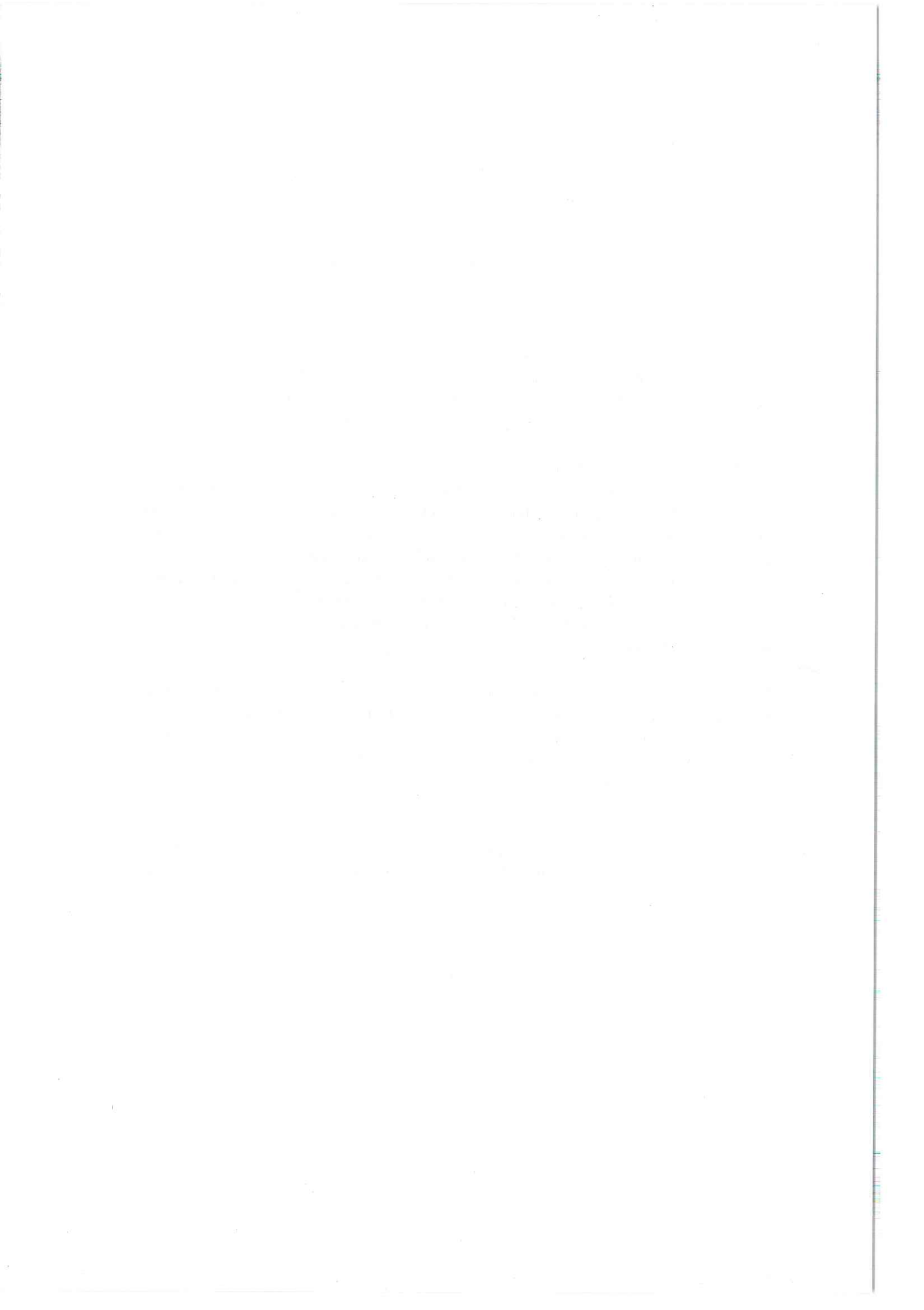
An example from Rhineland Palatinate may be found by comparing the Eifel Mountains, where the larger portion of the present forested surface came into existence again only one and half centuries ago, with the Palatinate Forest which has always been a forest site as long as people can remember.

The ecologically oriented, close-to-nature silviculture is, as a program, the base of our forest management. It is well known that natural rejuvenation plays an important role, however, we carefully consider on which sites, for which tree species, and particularly for which tree species genotypes we give natural regeneration precedence.

Our Rhineland-Palatinate State Forest Act of 30th November 2000 regulates, as corpus of laws in §1, among other things the conservation of gene resources and simultaneously the appendant forest research. Concerning the sustainability and provision for the environment (§6), the forest is meaningful for biological diversity that, besides the diversity of species and habitats, includes in particular the genetic diversity as an elementary base for the species and the habitat diversity. Consequently it is derived from this legal base that the conservation of gene resources is a permanent task, and its realization has to be achieved both through research, but also particularly through by the practice.

During the excursion tomorrow you will see how a few details from the gene conservation concept have been realized so far in Rhineland Palatinate, and you will have the opportunity to express critical ideas and opinions freely. Only the critical examination is stimulating, and of course we would like to take along some constructive ideas from this colloquium.

For the oral and poster presentations today as well as for the excursion tomorrow, I wish you hours filled with interesting subject matters and enjoyable contacts with other participants.



Management and Conservation of Forest Genetic Resources. Role of IUFRO and France: Need for Long Term Monitoring of Genetic Diversity in Conservation Networks

ERIC TEISSIER DU CROS

Schlagwörter: Genressourcen-Management, Erhaltungsaktivitäten, internationale Zusammenarbeit, Netzwerke, Monitoring

Zusammenfassung

Titel des Beitrags: Management und Erhaltung forstlicher Genressourcen. Die Rolle der IUFRO und Frankreichs: Notwendigkeit für ein Langzeitmonitoring der genetischen Vielfalt in Erhaltungsnetzwerken.

Dank des langjährigen energischen Engagements der FAO gibt es eine weltweite Übereinkunft hinsichtlich der Erhaltung forstlicher Genressourcen. Gleichfalls spielte die IUFRO eine ganz wesentliche Rolle mit ihren Netzwerken bezüglich Züchtung und Genressourcen von Arten und Artengruppen. Im Jahr 1997 schuf die IUFRO nach einem Treffen des FAO-Sachverständigenrats für Forstgenressourcen eine Arbeitsgruppe für das Management und die Erhaltung forstlicher Genressourcen; diese erarbeitet derzeit einen Wissensstandbericht zur Forschung bezüglich der Erhaltung der forstgenetischen Ressourcen, der bis zum IUFRO-Weltkongress 2005 in Brisbane abgeschlossen sein muss.

In Frankreich wurden spezielle Maßnahmen zur Erhaltung forstgenetischer Ressourcen in den späten 1980er Jahren eingeleitet. Ursprünglich waren diese Teil der genetischen Züchtung, irgendwie wurden sie dann Mitte der 1990er unabhängig, als ein nationales Abkommen von mehreren Forschungs- und Entwicklungsinstitutionen sowie der Forstverwaltung unterzeichnet wurde. 2003 hat das von der Kommission für Forstgenressourcen koordinierte nationale Programm zur Einrichtung – bzw. zu Untersuchungen hinsichtlich der Einrichtung – von in situ- sowie von dynamischen und statischen ex situ-Erhaltungsnetzwerken bei 7 Laubbaumarten [Buche (*Fagus sylvatica*), Schwarzpappel (*Populus nigra*), Ulmen (*Ulmus spec.*), Speierling (*Sorbus domestica*), Traubeneiche (*Quercus petraea*), Vogelkirsche (*Prunus avium*) und Elsbeere (*Sorbus torminalis*)] und 3 Nadelbaumarten [Strandkiefer (*Pinus maritima*), Fichte (*Picea abies*) und Weißtanne (*Abies alba*)] geführt. Forschungsvorhaben werden ebenfalls im tropischen Regenwald in Franz. Guayana durchgeführt.

Sämtliche in situ-Erhaltungsnetzwerke werden in bewirtschafteten Wäldern betrieben. Ein Monitoring hinsichtlich der langfristigen Auswirkungen der Bewirtschaftungsintensität wurde bei der Baumart Buche eingeleitet: 1990 wurde mit der Erfassung der genetischen Vielfalt und der Diversitätsverteilung, des Reproduktionssystems und des Genflusses in waldbaulich unterschiedlich behandelten Buchenbeständen begonnen. In einem von diesen Beständen, welcher in Nordfrankreich liegt, kam ein unerwarteter Faktor hinzu: der Einfluss des Orkans „Lothar“ im Winter 1999 mit unterschiedlicher Auswirkung im Kernbereich einer Erhaltungseinheit.

Einleitend wurde die Erhaltung der genetischen Ressourcen von Waldbäumen auf der Artebene vorgenommen. Diese wird mit anderen ökosystemar ausgerichteten Erhaltungsprogrammen in Verbindung gebracht werden müssen, bei denen die entsprechenden Maßnahmen für mehrere, im gleichen Lebensraumtyp vorkommende Baumarten gelten können: dem Uferwald, dem tropischen Urwald und einigen anderen Ökosystemen mit natürlichen oder künstlichen Mischungen. Grundvoraussetzung ist die internationale und interkontinentale Zusammenarbeit, um diese Maßnahmen

miteinander zu verzahnen, Doppelarbeit zu unterbinden wie auch eine Wiederherstellung von verloren gegangenen und gefährdetem Keimplasma zu erwirken.

Keywords: Gene resources management, conservation, international cooperation, networking, monitoring

Abstract

Thanks to FAO's long time involvement, there is a global commitment on conservation of forest genetic resources. IUFRO has also played a considerable role with its networks on breeding and genetic resources of species and groups of species. In 1997, after a meeting of the FAO Panel of Experts on Forest Gene Resources, IUFRO created a Task Force on Management and Conservation of Forest Genetic Resources which is currently working on a State of Knowledge Report on research connected to conservation of forest genetic resources, to be delivered by the IUFRO World Congress in Brisbane, 2005.

In France specific activities on conservation of forest genetic resources started in the late 1980s. They were originally part of genetic improvement but became somewhat independent in the mid-1990s when a national agreement was signed by several R&D institutions as well as by the forest administration. In 2003 the national programme coordinated by the Commission for Forest Genetic Resources has resulted in the establishment, or studies leading to establishment, of in situ and ex situ dynamic, or ex situ static conservation networks on 7 broadleaves [beech (*Fagus sylvatica*), black poplar (*Populus nigra*), elms (*Ulmus spec.*), service tree (*Sorbus domestica*), sessile oak (*Quercus petraea*), wild cherry (*Prunus avium*) and wild service tree (*Sorbus torminalis*)] and 3 conifers [maritime pine (*Pinus maritima*), Norway spruce (*Picea abies*) and silver fir (*Abies alba*)]. Research is also underway in tropical rain forest in French Guyana.

All in situ conservation networks are in managed forests. The long term effect of management intensity has started to be monitored for beech: assessment of genetic diversity and diversity distribution, reproductive regime and gene flow of beech stands with different silviculture started in 2000. In one of them, in north-east France, an unexpected factor was added: the effect of the 1999 winter storm "Lothar" with variable impact in the core of a conservation unit.

The conservation of forest tree genetic resources has started on a species basis. It will have to be associated with other conservation programmes dealing with ecosystems in which common efforts can be devoted to several species living in the same type of habitat: riparian forest, tropical forest and several other ecosystems with natural or man made species mixtures. International and intercontinental cooperation is essential to join efforts, avoid duplication and contribute to the reconstitution of lost and endangered germplasm.

1 IUFRO's involvement in the conservation of forest gene resources

The global commitment on conservation of forest gene resources has been triggered by FAO and particularly by the activity of its world *Panel of Experts on Forest Gene Resources*. At its 1997 meeting, the Panel suggested that a State of the Art of scientific achievements be made to help countries with their respective conservation plans. IUFRO accepted the task and created a *Task Force on Management and Conservation of Forest Gene Resources*. Apart from FAO and IUFRO, other Task Force partners are IPGRI and CIFOR. The Task Force has been asked to publish a State of Knowledge Report by the IUFRO World Congress in 2005 (<http://IUFRO.boku.ac.at/Scientific>)

Structure/Task Forces/Gene Resources). For this purpose, the Task Force is in permanent contact with FAO and meets in Rome at the same period as the FAO Panel. The *Task Force* has also been asked to organise sessions during IUFRO World Congresses in 2000 and 2005.

In fact conserving forest genetic resources is an old story. Forest tree geneticists and breeders, because of their need for large and representative population samples of species they work on, have gathered a considerable amount of germplasm in common gardens and other collections. This is reflected in the structure of IUFRO Division 2 – Physiology and Genetics – with its specific or multi-specific Working Parties – nine on conifers and six on broadleaves – covering virtually all species submitted to some kind of genetic selection and improvement (<http://IUFRO.boku.ac.at/>). “Some kind” means at least provenance testing. These collections have an inestimable value because they sometimes include populations that are no more present in their natural range. Therefore they really contribute to the conservation of forest gene resources.

IUFRO also hosts a working party on theory needed for assessing tree genetic diversity and planning conservation networks (2.04.01: Population, ecological and conservation genetics). This working party has recently held a conference called “Dynamics and conservation of genetic diversity in forest ecosystems” in Strasbourg (F) on 2-5 December 2002. This conference was co-sponsored by the European Union. Topics were gene flow, hybridisation, colonisation, climate change, spatial dynamics and natural regeneration, artificial seed transfer, silviculture regimes, and finally conservation of (1) rare and disseminated species, (2) wide spread species, (3) domesticated species.

Abstracts are available from the organiser, ANTOINE KREMER, INRA, F-33610 Cestas, France (antoine@zouk.pierroton.inra.fr).

2 Conservation of forest genetic resources in Europe

EUFORGEN, the European Forest Genetic Resources Programme, became operational in 1994, as resolution S2 (Conservation of Forest Genetic Resources) of the Strasbourg Ministerial Conference on the Protection of Forests in Europe. It is a collaborative mechanism among European countries to promote conservation and sustainable use of forest genetic resources. Its main activity is under five networks: (1) conifers, (2) Mediterranean oaks, (3) noble hardwoods, (4) *Populus nigra*, (5) temperate oaks and beech. It develops technical guidelines and species distribution ranges.

3 French achievements in conservation of forest genetic resources

As in many other countries, conservation started as part of selection and breeding. Important samples of major and minor reforestation species have been gathered in provenance and progeny tests covering most ecological conditions of France and of its overseas territories. These tests cover around 2,000 hectares. They involve 40 conifers (ARBEZ 1987) and 45 broadleaves (ARBEZ & LACAZE 1998).

Stricto sensu conservation started in mid 1980s with a work-plan and the establishment of the *French Commission of Forest Genetic Resources*. Achievements after 10 years were published in a book in French (TEISSIER DU CROS 1999) and English (TEISSIER DU CROS 2001). Both books are available free of charge from the author of the current paper.

In situ conservation networks are in place for beech (*Fagus sylvatica* L.), silver fir (*Abies alba* MILLER) and sessile oak (*Quercus petraea* (MATT.) LIEBL.) and planned for black poplar (*Populus nigra* L.), maritime pine (*Pinus pinaster* AIT.) and Norway spruce (*Picea abies* (L.) KARST.). Each conservation unit consists of a core of at least 500 trees at stand maturity, surrounded by a buffer. Units can be submitted to any classical management except coppice and coppice-with-standards. Management constraints are very limited. The most important one is that no exotic provenance of the protected species and no species that may hybridise with it should be used for reforestation in the core and the buffer. In fact natural regeneration is highly suggested. This type of conservation is called *in situ* dynamic conservation.

A variant of that conservation method is used for wild cherry (*Prunus avium* L.), a scattered species. A conservation unit consists of the mixture of open pollinated families collected on more than 30 trees in a region. It is literally an *ex situ* conservation technique but natural regeneration will be applied (therefore it is called *ex situ* dynamic conservation).

Ex situ conservation is applied to black poplar (*Populus nigra* L.) in stool beds and populeta, European field elm (*Ulmus minor* MILL.), Wych elm (*U. glabra* UDS.), European white elm (*U. laevis* PALL.) in arboreta and under cryopreservation, wild cherry (grafted stool beds) and service tree (*Sorbus domestica* L.) in grafted stool beds and open pollinated families.

Due to the high surface of a wild service tree population (*Sorbus torminalis* (L.) CRANTZ) – more than 400 ha –, no firm decision has yet been made for the conservation of this scattered species.

So far all conservation networks are focused on a single species. This will probably be true too for a bunch of well-represented species such as Scots pine (*Pinus sylvestris* L.).

But in the future, conservation measures will be applied to entire ecosystems with many species. This is already the case for riparian forests that include black poplar, Wych elm and European white elm. It will certainly be the case too in tropical rain forest, which covers a large part of French Guyana.

Partnership is highly needed for conservation of forest genetic resources. In France, it involves research, development, management and also the administration. A charter (1997) has been signed by a series of organisations, essentially in the public sector, but also those representing private owners. The latter type of actors is very important because certain resources only exist on private land.

4 Stand management and conservation

In the previous section we saw that constraints on management due to the presence of *in situ* conservation units are limited. However coppice and coppice-with-standard management systems are excluded. Why? In dynamic conservation, natural regeneration is a key period of stand life. It is the period when recombination takes place, allowing mutations and new gene distribution, resulting in the creation of new genotypes. This process is important because *in situ* conservation is a long time involvement, with the predictable or unpredictable role of anthropogenic and natural factors, particularly silviculture and global change. Coppice and coppice-with-standards are essentially regenerated vegetatively. No chance for recombination! Very limited adaptation possibility!

5 Conservation and stand management

The main issue for silviculturists is how to favour high genetic diversity. The first reaction one may have is that Nature does it well. In many cases this assumption is right. After all, forests were present before man came and started to manage them. And they are still here, generally looking in good conditions. However, here are two case studies showing that management is not neutral on distribution of genetic diversity. They are both parts of an EU project called Dynabeech "Effect of silvicultural regimes on dynamics of genetic and ecological diversity of European beech forests. Impact assessment and recommendations for sustainable forestry" (EU project QLK5 CT 01210). Basically the project compares the effect of stand intensive management *vs.* limited management in five pairs of beech stands, each in a different country: Germany, The Netherlands, Austria, Italy, and France.

The French unmanaged beech stand is located in Sainte Baume state forest, 30 km east of Marseille in southeast France, *i.e.* in Mediterranean conditions (latitude: 43° 20'N, longitude: 5° 45' E, elevation: 700 m). Its north slope hosts a magnificent broadleaf and

yew stand, probably of man-made origin several centuries ago, with trees reaching a quite unexpected size in Mediterranean conditions: beech individuals with as much as 37 meters total height and 80 cm d.b.h. In certain parts of the forest, beech dominates (84%). To protect the public from accidents, management consists in felling dying trees before they fall naturally. Gaps left by felled trees favour natural regeneration. All potentially mature beech individuals of a 2.60 ha plot have been mapped and then genotyped by our Italian colleagues of Dynabeech, using 4 polymorphic nuclear DNA microsatellites. Autocorrelations between quantitative variables (genotype expressed by allele frequencies) have been estimated using MORAN's index I_m . This index (computed according to DEWEY & HEYWOOD 1988) ranges from +1 to -1. Significant positive values indicate spatial clustering of similar genotypes. Null values indicate random distribution of genotypes. Significant negative values indicate a repellent effect of similar genotypes. I_m is computed using AutocorG (HARDY & VEKEMAN 2000). I_m estimated on 286 beech trees reveals a highly significant genetic structure below an average tree distance of 20 meters (Fig. 1).

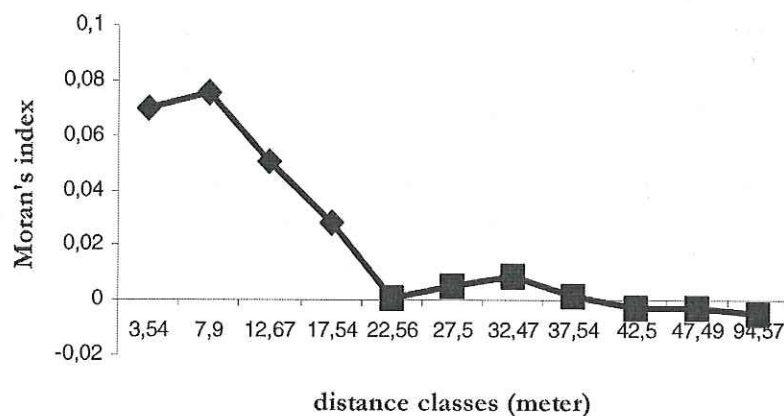


Fig. 1: Sainte Baume: spatial genetic structure (microsatellites) on a 286-individual population. The four first values () are significant with an error risk of 5%. P-values are obtained after 1.000 random permutations.

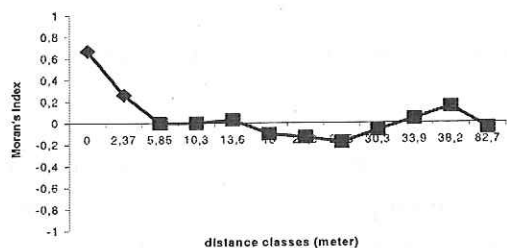
Abb. 1: Sainte Baume: räumliche genetische Struktur (Mikrosatelliten) über einer Population mit 286 Einzelbäumen. Die vier ersten Werte () sind signifikant bei einer Irrtums wahrscheinlichkeit von 5%. P-Werte resultieren aus 1.000 Zufallspermutationen.

This result shows that this beech stand seems to be a combination of 300-600 m² aggregates composed of related trees. With simulated thinning, starting from an average initial distance of 9 meters between trees, the genetic structure disappears completely as soon as the average tree distance exceeds 12 meters (180 beech trees left). From a genetic point of view, this result shows that unmanaged stands may not be in the best position to face long-term climate change or any other unexpected biotic or abiotic event where a high genetic diversity seems to be needed, because trees with common

ancestry are left side by side resulting in an inbreeding risk. Management of even-aged stands through regeneration by shelterwood and thinning by F-tree seems to be a better approach because of the distance factor between trees. This assumption will have to be checked. If gap regeneration is preferred, individual gaps should be large enough to allow long distance pollen flow (POVILLON 2002).

The second French beech plot of Dynabeech is on the north slope of Ventoux Mountain, 60 km northeast of Avignon (latitude: 44° 11'N, longitude: 5° 17'E, elevation: 1.450 m). All potentially mature beech individuals of a 1 ha plot have been mapped and then genotyped as in Sainte Baume. The tree sample includes one old-growth individual with d.b.h. over 96 cm, a potential parent of the generation we analysed, the average d.b.h. of which is less than 35 cm. MORAN'S index reveals significant values for distance classes less than 4 meters (Fig. 2).

Ventoux – microsattellites – current stand density



Ventoux - microsattellites – after thinning *in silico*

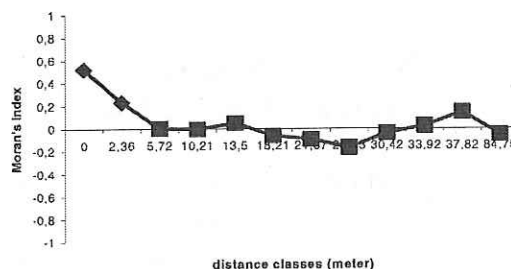


Fig. 2, left: Ventoux: spatial genetic structure (microsatellites) on a 40-individual population. The two first values () are significant with an error risk of 5%. P-values are obtained after 1.000 random permutations.

Abb. 2, links: Ventoux: räumliche genetische Struktur (Mikrosatelliten) über einer Population mit 40 Einzelbäumen. Die beiden ersten Werte () sind signifikant bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von 5%. P-Werte resultieren aus 1.000 Zufallspermutationen.

Fig. 2, right: Ventoux: AutocorG autocorrelogramme (microsatellites) after having thinned out true clonal copies except one in each cluster. The two first values () are significant with an error risk of 5%.

Abb. 2, rechts: Ventoux: AutocorG Autokorrelogramm (Mikrosatelliten) nach Durchforstung auf echte Klonkopien außer einer in jeder Gruppe: Die beiden ersten Werte () sind signifikant bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von 5%.

This shows that adjacent trees are genetically related. Among the 41 genotyped individuals only 13 are spatially isolated. The others form 12 coppice-like clusters. In each cluster microsatellites have allowed us to distinguish genetically identical individuals (ramets) from the others. To determine if natural ramets were the only reason for genetic structure, in each cluster all copies of each clone except one have been thinned out *in silico*. When calculated on the remaining 34 individuals, I_m is still significant at very short distance (< 5 m) showing a persisting short distance genetic structure (Fig. 2).

This result shows that clusters include highly related trees probably originating from caches constituted by birds or small mammals. Most of the trees of a cluster probably originate from one highly productive seed tree (one of the old growths mentioned earlier). They are perhaps half-sibs. True ramets in clusters are probably the result of natural accidents on the terminal bud. Since there is no deficit in heterozygotes in that generation, beech seems to mate randomly in this plot. The average number of alleles for macrosatellites was 9.75, compared with 10.1 on 40 tree sub-samples of the 286 tree Sainte Baume sample. This reveals no genetic bottleneck. In other words, the beech genetic background in Ventoux is as rich as in any other beech stand but in the first generation originating from old growth, genotypes are not distributed randomly. Trees such as the old growth of our sample are probably more numerous than what we expected, resulting in a sufficient genetic diversity. However, due to uneven distribution of genetic diversity (clusters of related trees), lack of management may lead to inbreeding.

6 Need for long term monitoring of genetic diversity in conservation networks

The Sainte Baume case study suggests that any stand management consisting in giving more space to individual trees during the regeneration period, thus allowing increased pollen flow, is probably good for maintaining a favourable distribution of genetic diversity. This assumption needs to be tested.

Three solutions are available:

- The first one is to rely on existing spacing experiments such as long term production tests based on variable stand density. Such tests have been laid out in Europe more than a century ago, some of them under *IUFRO* auspices. If still existing, they could be revitalised and used for genetic diversity and pollen flow purposes. But such tests have to coincide with a conservation unit. This may not be the case very often.
- The second solution consists in establishing such tests. But several generations of scientists will be needed to achieve results. This would be part of forest scientists' investment for future colleagues.
- The third solution is to look for opportunities. This is the case in France. The storm "Lothar", which caused major damage in forests of North France and South Germany just after Christmas 1999, has partly destroyed one beech conservation unit near Nancy, in Haye State Forest, East France. The conservation core covering 16 ha, with an age varying between 120 and 140 years, can now be divided in three levels of tree distributions: strong damage (< 20 trees per hectare are left), intermediate damage (20 to 60 trees per ha are left), limited damage (> 60 trees per ha are left). Mature trees – almost a thousand are left in the conservation core – will be mapped. 350 of them will be genotyped. Demographic studies will be done on regeneration.

Some of the mature trees will be used as pollen traps to determine, through the genotype of their open pollinated progeny, where the fathers are. Periodic assessment of diversity in the regeneration will be needed to determine the evolution of genetic diversity under several thinning regimes and other possible natural and anthropogenic factors. This long-term test will be related to Sainte Baume's as a permanent comparison of the effect of intensive and reduced management.

7 Conclusion

Conservation of forest genetic resources is a multi-dimension process. It needs global and regional coordination through guidelines and networking. Because most species ignore administrative boundaries, each nation has to take care of its own resources probably in coordination with neighbour countries. Conservation is a multi-step process. *In situ* and *ex situ*, dynamic and static conservation are complementary parts of this puzzle. Conservation is finally a considerable involvement, which needs a scientific background, commitment and partnership of all actors of the forestry sector, public and private funding and space, and time for periodic evaluation.

On a scientific point of view, research activities related to conservation are an extraordinary, sometimes unexpected, source of knowledge with application outside its strict limits. Conservation is not an independent and self-sufficient activity.

In forest trees, conservation is in close relationship with management. It should not be perceived by the laypersons and professionals as a "locking-up" of resources like in a museum. It should be considered part of the daily activity of professionals and specialists. It deserves political, public and financial support.

8 References

- ARBEZ, M. (ED.) (1987): Les ressources génétiques forestières en France. Tome 1: les conifères. INRA. Bureau des Ressources Génétiques. Paris. 236 pages.
- ARBEZ, M. & LACAZE, J.F. (ED.) (1998): Les ressources génétiques forestières en France. Tome 2: les feuillus. INRA. Bureau des Ressources Génétiques, Paris, 408 pages.
- COMMISSION DES RESSOURCES GENETIQUES FORESTIERES (1997): A charter for the conservation of forest tree genetic resources in France, Bureau des Ressources Génétiques, Paris, 10 pages.
- DEWEY, S.E. & HEYWOOD, J.S. (1988): Spatial genetic structure in a population of *Psychotria nervosa*. I. Distribution of genotypes. *Evolution*, 42: pp.834-838.
- HARDY, O. & VEKEMAN, X. (2000): Program AutocorG ver. 2.1.

- POVILLON, F. (2002):** Etude de deux hêtraies dans le sud de la France: aux mont Ventoux et à la Sainte Baume. Qualité génétique de la population résultante et de la régénération, après simulations d'éclaircies. Rapport de DEA de Biosciences de l'Environnement, Chimie et Santé. Université Aix-Marseille III. INRA. Unité de Recherches Forestières Méditerranéennes. Avignon. 30 pages.
- TEISSIER DU CROS, E. (ED.) (1999):** Conserver les ressources génétiques forestières en France. Ministère de l'Agriculture et de la Pêche, Bureau des Ressources Génétiques, Commission des Ressources Génétiques Forestières, INRA-DIC, Paris, 60 pages.
- TEISSIER DU CROS, E. (ED.) (2001):** Forest Genetic Resources Management and Conservation. France as a Case Study. Ministry of Agriculture and Fisheries, Bureau of Genetic Resources, Commission of Forest Genetic Resources. INRA-DIC, Paris. 60 pages.

Address of the author

DR. ERIC TEISSIER DU CROS
IUFRO Vice-President "Science"
Chair of the French Commission for Conservation of Forest Genetic Resources
Institut National de la Recherche Agronomique (INRA)
12, Avenue Antoine Vivaldi
F-84000 Avignon, France
e-mail: **eric.teissierducros@avignon.inra.fr**

Erhaltung forstgenetischer Ressourcen in Österreich: Aktueller Zustand – Problemfelder – Lösungsansätze

FERDINAND MÜLLER

Keywords: Forest genetic resources, gene conservation forests, *in situ*-conservation strategy, *ex situ*-conservation strategy, Austria

Abstract

Title of the paper: Conservation of forest genetic resources in Austria: current situation – complex of problems – solution approaches.

In 1986, the Departments of Silviculture and of Forest Genetics of the Federal Office and Research Centre for Forests were charged by the Federal Ministry of Agriculture and Forestry with the establishment of the programme "Contributions to the Maintenance of Forest Genetic Diversity".

Up to now, in Austria about 8.900 hectares of gene reserves have been registered within a framework of *in situ*-measures, comprising 312 units of natural forest associations. As measure "*ex situ*" a seed bank and several clone archives and conservation orchards have been established. The latter comprise 21 tree species, 53 provenances, distributed on 67 seed orchards with a total area of 115 hectares.

This programme needs some revision. International commitments, the enlargement of scientific knowledge, changes in the dynamics of forest diseases and in the assessment of future risks - including global climate change – require an update of the goals, criteria and tasks, based on the current assessment of hazard potentials. This assessment shows no upcoming threats through immediate harmful influences, but there exist potential long term threats which are not visible enough to create public awareness.

Consequently, the initial high priority goal, namely the maintenance of adaptability as the main prerequisite to ensure evolutionary processes and therefore the maintenance of ecosystems, is still valid in an unrestricted manner and becomes more and more important, as problems related to anthropogenic and immediate changes of global environmental conditions and unsuitable behaviour increase.

Schlagwörter: Forstliche Genressourcen, Genreservate, *in situ*-Erhaltungsstrategie, *ex situ*-Erhaltungsstrategie, Österreich

Zusammenfassung

Im Jahre 1986 wurden die Institute für Waldbau und für Forstgenetik des heutigen Bundesamts und Forschungszentrums für Wald vom Bundesministerium für Land- und Forstwirtschaft mit der Durchführung des Projektes: „Beiträge zur Erhaltung der genetischen Vielfalt“ beauftragt.

Seitdem wurden in Österreich im Rahmen der *in situ*-Maßnahmen insgesamt rund 8.900 Hektar Genreservate registriert, die 312 Einheiten von Gruppen natürlicher Waldgesellschaften enthalten. Zu den *ex situ*-Maßnahmen zählt die Einrichtung einer Samenbank sowie die Errichtung von Klonarchiven und Samenplantagen. Letztere umfassen 21 Baumarten, 53 Herkünfte, verteilt auf 67 Plantagen mit einer Gesamtfläche von 115 Hektar.

Das Projekt bedarf der Überarbeitung. Die Annahme internationaler Verpflichtungen, die Erweiterung des wissenschaftlichen Kenntnisstandes, Veränderungen in der Waldschadensdynamik und in der Beurteilung künftiger Belastungen – einschließlich Klimaänderung – erfordern eine Aktualisierung der Ziele, Kriterien und Aufgaben auf der Grundlage der heutigen Einschätzung der Gefährdungspotenziale. Diese ergibt zwar keine akute Bedrohung durch unmittelbare und kurzfristig wirksame Schadeinflüsse, doch

sind wesentliche langfristig wirkende Gefährdungspotenziale weiterhin unvermindert wirksam, jedoch beobachtet mit verminderter öffentlicher Aufmerksamkeit.

Somit ist das Ziel, das auch in der ursprünglichen Fassung des Konzepts als vorrangig angesehen wurde, nämlich die Erhaltung des Anpassungspotenzials als wesentlichste Grundlage für die Sicherung evolutionärer Prozesse und damit zur Erhaltung der Ökosysteme, weiterhin uneingeschränkt gültig, und es erfährt durch die verstärkt sich abzeichnende Problematik anthropogener, rascher Änderung globaler Umweltbedingungen und durch unzweckmäßiges Verhalten zunehmende Bedeutung.

1 Bisher durchgeführte Maßnahmen

In den 1980er Jahren wurde an der damaligen Forstlichen Bundesversuchsanstalt - heute Bundesamt und Forschungszentrum für Wald - eine Arbeitsgruppe (ECKHART, HOLZER, MÜLLER, NATHER, SCHULTZE) gebildet, die unter dem Druck der als „Waldsterben“ bezeichneten Gefährdungen der Waldökosysteme ein Konzept zur Erhaltung forstlicher Genressourcen erstellte. 1986 wurden die Institute für Waldbau und Forstgenetik vom Bundesministerium für Land- und Forstwirtschaft mit der Durchführung des Gemeinschaftsprojektes „Beiträge zur Erhaltung der genetischen Vielfalt“ beauftragt (NATHER 1990a, b).

Als Ziele wurden definiert:

- die Erhaltung der Anpassungsformen heimischer Waldbaum- und Strauchpopulationen, die durch Einwanderungsgeschichte und natürliche Auslese an lokal differenzierte Umweltbedingungen entstanden sind („Erhaltung der Angepasstheit“) und
- die Erhaltung des Vermögens dieser Populationen, sich an Umweltänderungen dauernd anzupassen („Erhaltung der Anpassungsfähigkeit“).

Diese Ziele sollen durch eine zweckmäßige Kombination von Maßnahmen *in situ* als auch *ex situ* erreicht werden.

1.1 *in situ*-Maßnahmen

Erhaltungsmaßnahmen am natürlichen Standort von Populationen durch Nutzung der natürlichen Verjüngung wurden bei Erfüllung bestimmter Voraussetzungen als wirkungsvollster Beitrag zur Sicherung der Weitergabe und Weitergabe der genetischen Information angesehen, weil sie in Wechselwirkung mit den lokalen Umweltbedingungen erfolgt (MÜLLER 1993, 1996; MÜLLER & SCHULTZE 1998). Insgesamt wurden in Österreich rund 8.900 Hektar Genreservate registriert, die insgesamt 312 Einheiten von Gruppen natürlicher Waldgesellschaften enthalten.

1.1.1 Gewählte Auswahlkriterien

Die Erhaltungseinheiten (Generhaltungswälder) wurden ausschließlich im Wirtschaftswald eingerichtet.

1.1.1.1 Repräsentativität

Die Auswahl erfolgte auf Grundlage der natürlichen Waldgesellschaften innerhalb des Verbreitungsgebietes der zu erhaltenden Art unter der Annahme, dass die genetischen Strukturen als Ergebnis von Einwanderungsgeschichte sowie Auslese- und Anpassungsprozessen durch die Verteilung auf ökologisch und pflanzensoziologisch definierte Einheiten ausreichend erfasst werden.

1.1.1.2 Naturnähe der Bestockung

Baumartenzusammensetzung, Bestandesaufbau und -struktur mit der auf dem Standort möglichen natürlichen Waldgesellschaft übereinstimmend oder mit waldbaulichen Mitteln erreichbar. Bevorzugt wurden Bestände ausgewählt, die entsprechend den Kriterien der Hemerobiestudie (KOCH *et. al.* 1999) als "natürlich" oder "naturnah" eingestuft wurden. Doch wurden auch jene durch forstwirtschaftliche Nutzung "mäßig veränderten" Wälder in das Programm einbezogen, wenn für die Zwecke der Generhaltung eine Umstellung zur naturnahen Bewirtschaftung möglich war oder eine solche bereits praktiziert wurde.

1.1.1.3 Mindestgröße:

Als "Genreservate" wurden Erhaltungseinheiten ab einer Flächengröße von ca. 30 Hektar bezeichnet, wo die Voraussetzungen für ausschließliche *in situ*-Erhaltung (Arealgröße, eigenständige Dynamik, nachhaltige Bestandesstruktur und -texturmerkmale, kontinuierliche Verjüngung in einander überlappenden Generationen) gegeben waren. Für Genreservate eignen sich nur jene Waldgesellschaften, die aufgrund ihrer standörtlichen Gegebenheiten ausgedehnte zusammenhängende Flächen besiedeln können.

Für kleinflächig auftretende Waldgesellschaften wurden "Generhaltungsbestände" ab 3 Hektar eingerichtet, wo die Weitergabe der genetischen Information jedoch bereits mit erhöhter Unsicherheit belastet ist. Sofern nicht durch gezielte kleinflächige waldbauliche Behandlung die Voraussetzungen für dauerhafte, selbstregulierende Gleichgewichtszustände getroffen werden können, sind auch ergänzende *ex situ*-Maßnahmen notwendig. Die Grenze für die Möglichkeiten der *in situ*-Erhaltung wird auch sehr bald bei den selteneren – häufig auch konkurrenzschwachen – Baumarten erreicht, wenn keine ausreichenden Populationsgrößen vorliegen, die sich aus sich selbst heraus verjüngen können.

1.1.1.4 Angepasstheit

Autochthone Bestände, offensichtlich gut angepasste nicht autochthone Bestände.

1.1.1.5 Voraussetzung für Naturverjüngung

Entweder keine oder mit waldbaulichen Mitteln behebbare Verjüngungshindernisse. Gegebenenfalls ist durch geeignete Maßnahmen wie Zäunungen, Bodenverwundung, Entfernung der Konkurrenzvegetation, die Beseitigung der Verjüngungshindernisse zu sichern.

1.1.1.6 Lage

Arrundierte Lagen mit ausreichender Isolation. Erhaltungseinheiten, die innerhalb oder in unmittelbarer Nachbarschaft (bis etwa 500 Meter) Bestände oder Baumgruppen der gleichen Baumart(en) enthalten und einen unerwünschten Polleneintrag zulassen, scheiden für *in situ*-Erhaltungsmaßnahmen aus.

1.1.2 Gesetzte waldbauliche Maßnahmen

Die notwendigen waldbaulichen Maßnahmen betrafen überwiegend folgende Bereiche:

Förderung der Naturverjüngung einschließlich der Bodenvorbereitung;

- Verbesserung der Verteilung der Bestandesentwicklungsphasen zur Erhöhung der Nachhaltigkeit des Auftretens von Verjüngungsflächen;
- Wildbestandsregulierung bzw. Schutzmaßnahmen (Flächenzäunung, Kontrollzäune, Einzelschutz);
- Ausgleich von Ungleichgewichten in der Naturverjüngung entsprechend der Baumartenzusammensetzung der natürlichen Waldgesellschaft.

Die waldbauliche Behandlung strebt Dauerbestockung, gestufte Bestandesstrukturen, heterogene Entwicklungsbedingungen, lange Verjüngungszeiträume mit kontinuierlicher Verjüngung in überlappenden Generationen und die Förderung natürlicher Selbstdifferenzierungsprozesse an.

Ist bei der Nachbesserung der Naturverjüngung Pflanzung notwendig, so sollen die Pflanzen möglichst aus Saatgut desselben Bestandes gewonnen werden.

Bei der Anzucht im Forstgarten sollen diese nicht nach Größenklassen sortiert werden, um eine mögliche Auftrennung in genetisch unterschiedliche Teilpopulationen zu vermeiden (HOLZER & MÜLLER 1985; KONNERT & SCHMIDT 1996).

1.1.3 Förderungsmaßnahmen

Im Rahmen des "Österreichischen Programms für die Entwicklung des Ländlichen Raumes" konnten Maßnahmen zur Erhaltung der genetischen Vielfalt, die vom Bundesamt und Forschungszentrum für Wald als Beitrag zu ihrem Generhaltungsprogramm approbiert wurden, aus öffentlichen Mitteln unterstützt werden. In insgesamt 26 Fällen wurden unter diesem Titel Fördersummen ausbezahlt.

1.2 *ex situ*-Maßnahmen

Ex situ-Maßnahmen wurden in allen jenen Fällen als notwendig angesehen, wo aufgrund der geringen Arealgröße, der Seltenheit oder der aus anderen Gründen bestehenden Gefährdung der Population eine Erhaltung *in situ* nicht möglich oder nicht ausreichend war. Ein weiteres Hauptziel war die Sicherung der regionalen Versorgung mit forstlichem Vermehrungsgut.

1.2.1 Langzeitlagerung von Saatgut (Samenbank)

Die Langzeitlagerung von Samenproben dient im Rahmen des Gesamtkonzepts zur Überbrückung von Zeiträumen fehlender oder ungenügender Fruktifikation. Die Menge des einzulagernden Saatguts kann die Größenordnung wirtschaftlicher Bedeutung nicht erreichen, doch sollte die aufzubewahrende Stichprobe so groß sein, dass die genetische Information der zu erhaltenden Baumartenpopulation ausreichend erfasst wird.

In den Jahren 1986 bis 1988 wurde auf dem Gelände des Versuchsgartens des Bundesamtes und Forschungszentrums für Wald in Tulln ein Kühlhaus für die Samenbank errichtet. In einer 380 m² großen Halle wurde Platz für 260 m³ Kühlraum geschaffen, wo in mehreren getrennt klimatisierbaren Kühlzellen, bei einem Temperaturbereich von +5 °C bis -20 °C, bis zu sieben Tonnen Saatgut aufbewahrt werden kann.

1.2.2 Klonarchive und Samenplantagen

Klonarchive (Erhaltungspflanzungen) dienen zur Erhaltung weiträumig gestreuter Mischbaumarten, von Populationen, die an ihrem natürlichen Standort gefährdet sind und ergänzen die *in situ*-Erhaltung in besonderen Fällen. Sie sollen auch als Grundlage zur Wiedereinbringung seltener oder regional bereits fehlender Populationen dienen.

Gründe für die Anlage von Klonarchiven und Erhaltungssamenplantagen liegen auch dann vor, wenn die betreffenden Populationen oder Bäume auf Standorten stocken, auf denen sie aufgrund extremer klimatischer Bedingungen nicht ausreichend fruktifizieren (z.B. Hochlagen, Standorte am Rande des Verbreitungsgebietes), wo sie einer unerwünschten Fremdbestäubung ausgesetzt sind oder in Schadensgebieten gefährdet sind. Befunde für die Beeinflussung der genetischen Eigenschaften der Nachkommen durch die Umgebungstemperatur beim Befruchtungsvorgang (JOHNSEN 1989; SKROPFA 1994; JOHNSEN *et al.* 1996) lassen vermuten, dass Vermehrungsgut von Hochlageneltern, welches in Samenplantagen in tieferen Lagen erzeugt wurde, für Hochlagenaufforstungen weniger geeignet ist.

Bei der Anlage von Samenplantagen wird besonders auf eine mögliche Vermeidung von Fremdpolleneinfluss geachtet. Neben den Zielsetzungen der Erhaltung wurde gleichzeitig die Versorgung des österreichischen Marktes mit einheimischem und genetisch hochwertigem Saatgut angestrebt. Zu diesem Zweck wurde ein Vertrag zwischen der Republik Österreich, als Eigentümerin der Plantagen, und einer Arbeitsgemeinschaft von heimischen Forstsaatgutproduzenten ("Arge Forst-Saat")

geschlossen, der die Vermarktung des Plantagensaatgutes regelt. Für Plantagen, die in Zusammenarbeit mit Dienststellen der Bundesländer errichtet wurden, bestehen Einzelverträge zur Aufteilung der Saatguterträge.

Bis zum Ende des Jahres 2003 wurden insgesamt 67 Plantagen mit einer Gesamtfläche von 115 Hektar für 21 Baumarten, verteilt auf 53 Herkünfte, angelegt.

2 Diskussion und Überlegungen zur Neukonzeption

Das seit 1986 angewandte Konzept bedarf der Überarbeitung, da durch Annahme internationaler Verpflichtungen, Erweiterung des wissenschaftlichen Kenntnisstandes, Veränderungen in der Waldschadensdynamik und in der Einschätzung künftiger Belastungen – einschließlich Klimaänderung – Abstimmungen der notwendigen Maßnahmen zweckmäßig sind. Weiterhin ist der verstärkte Aufbau eines Netzes von Naturwaldreservaten bei der Generhaltungskonzeption zu berücksichtigen. So ist zu prüfen, in welchem Ausmaß die vorhandenen und neu erstellten Naturwaldreservate die Funktion der Erhaltung der forstgenetischen Ressourcen erfüllen.

Es sind daher die Ziele, Kriterien und Aufgaben des Programms aufgrund der heutigen Einschätzung der Gefährdungspotenziale zu aktualisieren. Die zu erfüllenden Aufgaben sind angesichts des erhöhten Drucks zur Sparsamkeit bei der Verwendung öffentlicher Mittel und der zu erwartenden Personaleinsparungen bezüglich ihrer Dringlichkeit einer strengen Prioritätskontrolle zu unterziehen.

2.1 Wesentliche Gefährdungspotenziale

Die ursprünglich im Vordergrund stehende Forderung der Vermeidung von Verlusten genetischer Vielfalt durch akute Schäden infolge Umweltbelastung in Form von Überbrückungsaktionen, bis technische Vorkehrungen eine wirksame Verringerung der Umweltbelastung bringen, hat sich glücklicherweise als weniger dramatisch als befürchtet erwiesen. Das die Konzeption begründende prognostizierte großflächige Waldsterben ist nicht eingetreten.

Folgende wesentliche Gefährdungspotentiale sind weiterhin unvermindert wirksam, die infolge ihrer langfristigen Einwirkung kontinuierliches Beobachten der räumlichen und zeitlichen Veränderungen genetischer Strukturen von Baum- und Strauchpopulationen erfordern (Langzeitmonitoring).

2.1.1 Klimaveränderung

Verluste an genetischer Vielfalt sind u.a. möglich durch

- Veränderung der interspezifischen Konkurrenzverhältnisse;
- Veränderungen im Wirt-Parasit-Verhältnis durch höhere Virulenz biotischer Schaderreger, gleichzeitiger Schwächung der Bäume und möglicher Arealverschiebungen von Pilzen und Insekten;
- häufigere und zerstörerische abiotische Schadereignisse wie Stürme, Schnee- und Eisbruch, Waldbrand und evtl. auch Überschwemmungen.

Diese prognostizierten Umweltveränderungen werden umso stärker auf die genetische Zusammensetzung der Wälder einwirken, je rascher diese ablaufen, d.h. je weniger Zeit den Wäldern zur Anpassung verbleibt.

2.1.2 Habitatsverlust

Besonders durch Zerstörung natürlicher Flussdynamik im Auwaldbereich und zerstörende Uferverbauungen wird der Lebensraum von Arten mit spezifischen Umweltansprüchen reduziert. Mit den verdrängten Populationen und Arten ging auch ihre genetische Information verloren. In diesem Kontext ist die Schwarzpappel (*Populus nigra*) zu nennen, welche durch Verlust der Aulandschaften (und der bevorzugten forstwirtschaftlichen Verwendung anderen Pappelarten) in Österreich in ihrem Genbestand gefährdet ist (HEINZE 1998). Inwiefern dies auch für andere Baumarten der Auen und Bruchlandschaften gilt, ist schwer abschätzbar.

2.1.3 Regionale Versorgungsprobleme mit Vermehrungsgut

Die Vermarktung aller forstlich relevanten Baumarten ist gesetzlich geregelt. Somit unterliegen Gewinnung, Anzucht und Vertrieb des in Verkehr gebrachten Saat- und Pflanzgutes der gesetzlichen Kontrolle und der Kennzeichnungspflicht; gesetzlich nicht vorgeschrieben ist die Gewinnung von Saat- und Pflanzgut, welches im eigenen Forstbetrieb verwendet wird.

Aus genetischer Sicht wäre es wünschenswert, wenn vorwiegend heimisches, angepasstes Vermehrungsgut verwendet würde. Die Verwendung ist jedoch nicht normiert. Nur bei Inanspruchnahme öffentlicher Förderungsmittel kann die Verwendung bestimmter Herkünfte verlangt werden. Jeder Forstpflanzenhändler und Waldbesitzer darf aus dem gesamten EU-Raum ungehindert Vermehrungsgut „verbringen“ und in Österreich verkaufen bzw. auspflanzen. So können bodenständige angepasste Populationen durch Fremdherkünfte verdrängt oder durch Genfluss in ihren genetischen Eigenschaften verdrängt werden.

2.1.4 Verwendung nicht heimischer Herkünfte im Landschaftsbau, Hybridisierung mit Kultursorten

Nicht zu unterschätzen sind auch die Gefahren, die von nicht standortangepassten Arten oder Herkünften im Landschaftsbau ausgehen. Der Pflanzenmarkt der Baum- und

Straucharten unterliegt keiner gesetzlichen Regelung. Der Pollen kann aus der freien Landschaft in den Wald hinein wirken und dort zu Veränderungen in der genetischen Zusammensetzung von angepassten Wildpopulationen führen.

Ein hoher Anteil des angebotenen Vermehrungsgutes von Straucharten und einigen Baumarten des Landschaftsbaus stammen aus Ost- und Südeuropa sowie aus Vorderasien, wo es sehr kostengünstig gewonnen werden kann. Vermehrungsgut aus heimischen Herkünften ist teurer und bisher nur unzureichend verfügbar.

Als wesentlichster Grund für die unzureichende Versorgung mit autochthonem Vermehrungsgut werden die hohen Kosten der Eigenbeerntung, verbunden mit schwierigen klimatischen Anzuchtbedingungen angegeben, so dass die Eigenprodukte preislich über der Importware aus Billiglohnländern angeboten werden müssen.

2.1.5 Gefährdungspotenziale bei Bestandesbegründung

bei künstlicher Begründung durch

- mögliche Beeinträchtigungen der genetischen Vielfalt bei der Gewinnung von Saatgut und bei der Anzucht im Forstgarten;
- Verwendung ungeeigneter Herkünfte;
- fehlende/unzureichende Dokumentation der verwendeten Herkünfte;
- zu geringe Pflanzenanzahl je Flächeneinheit (besonders ungünstig bei „Gründerpopulationen“, die als Ausgangspopulation für weitere Verbreitung vorgesehen sind);

bei Naturverjüngung durch überhöhte Schalenwildbestände.

Insgesamt ergibt die Einschätzung der Gefährdungspotenziale zwar keine akute Bedrohung durch unmittelbare und kurzfristig wirksame Schadeinflüsse, doch sind wesentliche langfristig wirkende Gefährdungspotenziale weiterhin unvermindert wirksam, aber beobachtet mit verminderter öffentlicher Aufmerksamkeit.

2.2 Anpassung der Zielsetzungen notwendig?

Vorrangiges Ziel ist die Erhaltung des Anpassungspotenzials der heimischen Baum- und Strauchpopulationen als wesentlichste Grundlage für die Sicherung evolutionärer Prozesse und damit zur Erhaltung der Ökosysteme. Dieses Ziel, das auch in der ursprünglichen Fassung als vorrangig angesehen wurde, ist weiterhin uneingeschränkt gültig und erfährt durch die verstärkte sich abzeichnende Problematik anthropogener, rascher Änderung globaler Umweltbedingungen zunehmende Bedeutung.

Die Notwendigkeit zur Erhaltung der vielfältigen Anpassungsformen an die kleinräumig stark differenzierten Umweltbedingungen Österreichs (Angepasstheit) hat angesichts der zunehmenden Liberalisierung des Handels mit forstlichem Vermehrungsgut

innerhalb der Europäischen Union und des damit verbundenen Verdrängungseffekts zugenommen.

Die ökonomische Nutzung forstgenetischer Ressourcen durch Bereitstellung von forstlichem Vermehrungsgut und dessen Integration in den Forstbetrieb ist eine notwendige Konsequenz des Programms.

Somit ist folgende Aufspaltung der Zielsetzung möglich:

- Sicherung der genetischen Vielfalt (Generhaltung im engeren Sinne),
- Nutzung für Auslese, Vermehrung und Integration des Vermehrungsgutes in den Forstbetrieb, Berücksichtigung in Züchtungsprogrammen.

3 Evaluierung bisheriger Erhaltungsmaßnahmen auf Grundlage neu gewichteter Befunde und geänderter Rahmenbedingungen.

3.1 *in situ*-Maßnahmen

3.1.1 Rahmenbedingungen zur Beurteilung der Notwendigkeit zusätzlicher Maßnahmen

Der Grundgedanke der *in situ*-Maßnahmen ist die Nutzung der natürlichen Verjüngung von heimischen Waldbaum- und Strauchpopulationen in naturnahen Waldgesellschaften. Sind diese Populationen in ihrem Bestand auch im Rahmen der üblichen forstlichen Bewirtschaftung oder in Naturwaldreservaten ohne forstliche Eingriffe gesichert, sind keine zusätzlichen Maßnahmen erforderlich.

3.1.1.1 Hemerobie des österreichischen Waldes (KOCH et al. 1999)

Die Gesamtbilanz der Hemerobieverteilung für die Waldfläche Österreichs weist einen Flächenanteil von 25% natürlicher und naturnaher Wälder auf, 41% sind mäßig verändert und 34% sind stark verändert oder künstliche Bestände. Somit sind ¼ der Waldfläche in einem Zustand, der eine weitgehend uneingeschränkte Weiterentwicklung der genetischen Information der betroffenen Populationen erwarten lässt. Zu beachten sind jedoch erhebliche Unterschiede innerhalb der Wuchsgebiete und Höhenstufen.

3.1.1.2 Naturverjüngungsanteil

Von insgesamt 501.000 Hektar Flächen mit Verjüngung bestehen 434.000 Hektar (= 86,6%) nach der Österreichischen Waldinventur 1992/96 überwiegend aus natürlicher Verjüngung. Die Tanne ist jedoch regional durch Verbiss in ihrem Bestand gefährdet.

3.1.1.3 *Naturwaldreservate*

Die Generhaltung ist nicht vorrangiges Ziel der Naturwaldreservate, die vielmehr auf die Erhaltung der gesamten biologischen Vielfalt von Waldökosystemen ausgerichtet sind. Zur Erreichung der Ziele von Gen-Reservaten sind aktive Maßnahmen (Förderung der Naturverjüngung, Schutz von Einzelbäumen, Konkurrenzregelung, Förderung seltener und konkurrenzschwacher Baumarten) zulässig und häufig sogar notwendig. In Naturwaldreservaten hingegen sind ab dem Zeitpunkt ihrer Einrichtung alle Eingriffe und Maßnahmen (mit Ausnahme der Jagd und Wildstandsregulierung) unzulässig. Daraus folgt, dass nicht alle Naturwaldreservate den Anspruch erfüllen, auch genetische Diversität hinreichend zu erfüllen. Naturwaldreservate, die eine ausreichende Größe aufweisen und in denen aufgrund ihrer stadialen Entwicklung die kontinuierliche Verjüngung gesichert ist, entsprechen in den meisten Fällen auch den Kriterien eines Generhaltungswaldes (FRANK & MÜLLER 2003).

Mit Stand April 2003 sind 180 Reservate mit einer Gesamtfläche von 8.272 Hektar registriert.

3.1.1.4 *Nationalparks*

Die Wälder der Nationalparks könnten als „Gen-Schutzgebiete“ definiert werden, in denen die Verwendung nicht autochthoner Populationen für den Fall künstlicher Bestandesbegründungen ausgeschlossen ist und damit der Verdrängungstendenz entgegengewirkt werden kann.

3.1.2 **Notwendigkeit zusätzlicher Erhaltungsmaßnahmen**

Unter Berücksichtigung der geänderten Rahmenbedingungen ist eine Neubewertung der gesetzten Maßnahmen mit folgenden Scherpunkten erforderlich:

3.1.2.1 *Neubeurteilung der Erhaltungswürdigkeit der vorhandenen Generhaltungseinheiten*

Restvorkommen insbesondere bei Seltenheit der betroffenen Art erkennen lassen.

Die verschiedenen Formen der Seltenheit werden mit den beiden Kriterien „Häufigkeit“ und „Verteilung im Raum“ (= Populationsstruktur) (ROTACH 2000) definiert und manifestieren sich beispielsweise durch ein geringes Verbreitungsgebiet, geringe Dichte oder durch zerstreutes Vorkommen in kleinen Populationen oder speziellen Lebensräumen

infolge *populationsbiologischer Fakten*:

geringe Konkurrenz- und Ausbreitungskraft

- (z. B. einige Edellaubbaumarten: Speierling, Elsbeere);

infolge *biologischer Risikofaktoren*:

- geringe Krankheitsresistenz (z. B. Ulmensterben);

infolge *anthropogener Ursachen*:

- Hybridisierung mit Kultursorten (z.B. Wildobst, Vogelkirsche, Schwarzpappel);
- Habitatsverlust: Zerstörung der natürlichen Flusssdynamik im Auwaldbereich, Verluste durch Drainagierungen und Meliorierung von Feuchtwiesen, Flachmooren sowie zerstörende Uferverbauungen (besonders für Strauchweiden);
- Wildverbiss;
- Flächenverluste durch forstliche Bewirtschaftung (Bestandesbehandlung und -begründung, Verwendung von Fremdherkünften, etc..)

Da die Erhaltung *in situ* aus fachlichen und wirtschaftlichen Gründen vor allen anderen Maßnahmen vorrangig zu betreiben ist, sollten alle Möglichkeiten dieser Strategie auch bei konkurrenzschwachen oder selteneren Baumarten ausgeschöpft werden, bevor ergänzende oder ersetzende Maßnahmen *ex situ* überlegt werden.

Insbesondere ist durch gezielte waldbauliche Behandlung auf die besondere Situation kleinerer oder durch unzuweckmäßige waldbauliche Eingriffe gefährdete Populationen Bedacht zu nehmen (vgl. ROTACH 1999).

3.1.2.2 Berücksichtigung des Naturwaldreservate-Netzes

Das vorhandene Netz und alle künftigen Erweiterungen sind bezüglich ihrer Generhaltungsfunktion zu prüfen. Eine diesbezügliche Prüfroutine ist einzurichten.

3.1.2.3 Auffinden von Fehlbereichen

Aufgrund der vermuteten natürlichen Areale der Baumarten ist zu prüfen, ob und welche Bereiche weder durch Generhaltungseinheiten noch durch Naturwaldreservate mit gesicherter Erhaltungsfunktion abgedeckt sind.

Sollten für jene Bereiche Naturwaldreservate nicht vorgesehen sein oder ist die Generhaltungsfunktion nicht gegeben, so hat die Auffindung von möglichen *in situ*-Erhaltungseinheiten und deren Bearbeitung höchste Priorität.

3.1.3 Analyse der vorhandenen Genreservate nach den Kriterien der Notwendigkeit zusätzlicher Erhaltungsmaßnahmen

Bei folgenden Genreservaten besteht aufgrund der in Abschnitt 1.1.1 angeführten Kriterien höchste Priorität für zusätzliche Erhaltungsmaßnahmen:

- Eibenreservate;
- seltene *Sorbus*-Arten;
- Bergulme;
- isolierte Eichen- und Edellaubbaum-Vorkommen;
- innen- und zwischenalpine Tannenverjüngung;
- Randpopulationen.

Insgesamt wurden bei der Errichtung der Genreservate 144 Einheiten (6.200 ha) mit besonders hoher Bewertung bezüglich ihrer Bedeutung für die Erhaltung der Genressourcen klassifiziert.

3.1.4 Langzeitmonitoring in Waldökosystemen

Die vorgeschlagene Vorgangsweise basiert auf den derzeitigen Einschätzungen der Waldschadensentwicklung sowie des aktuellen Reproduktions- und Naturverjüngungspotenzials und ermöglicht eine „stand by“-Verhaltensweise, die jedoch auf jede Änderungen der Rahmenbedingungen reagieren muss.

Dafür ist ein Langzeitmonitoring notwendig, das sowohl auf der Ebene der Artenzusammensetzung in Ökosystemen, des Reproduktionspotenzials als auch im Bereich der genetischen Strukturen Veränderungen dokumentiert.

In Österreich stehen folgende Einrichtungen für langfristige Beobachtung von Zustandsänderungen in Waldökosystemen zur Verfügung:

- Österreichisches Waldschaden-Beobachtungssystem,
- Österreichische Waldinventur
- Naturwaldreservate – Programm (FRANK & MÜLLER 2003).

Naturwaldreservate sind geeignet, die Änderungen der Konkurrenzverhältnisse als Reaktion der Waldökosysteme auf Veränderung der Klimabedingungen unabhängig von waldbaulichen Bewirtschaftungsmaßnahmen langfristig zu beobachten. Insbesondere sind Gebiete von Interesse, die mehrere auch höhenzonal differenzierte natürliche Waldgesellschaften umfassen, da an den Grenzen dieser durch Lokalklima oder Höhenstufe entstandenen Abfolge von Waldgesellschaften eine Verschiebung der Konkurrenzverhältnisse erkannt werden kann.

- Langfristige Beobachtung der Reproduktionsfähigkeit

Der Reproduktionsfähigkeit des Waldes kommt in Hinblick auf die Anpassungsfähigkeit eine Schlüsselrolle zu.

Jede Änderung des Reproduktionsverhaltens, ausgelöst durch Klimaänderung, ist daher unter standardisierten Bedingungen langfristig zu beobachten und zu interpretieren.

Von besonderem Interesse ist der vermutete Trend zu einer jahreszeitlich früher einsetzenden Blüh- und Fruktifikationsperiode, eventuell verbunden mit einer erhöhten oder auch häufiger auftretenden Samenproduktion.

3.2 *ex situ*-Maßnahmen

Trotz erhöhter Priorität für Maßnahmen *in situ*- sind zusätzliche *ex situ*-Maßnahmen erforderlich, wo aufgrund der geringen Arealgröße, der Seltenheit oder der aus anderen Gründen bestehenden Gefährdung der Population eine *in situ*-Erhaltung nicht möglich oder nicht ausreichend ist.

Die ursprüngliche Planung der *ex situ*-Maßnahmen war von der Notwendigkeit zur Überbrückung immissionsbelasteter Zeiträume geprägt. Die Berücksichtigung

gegenwärtiger Einschätzungen erlaubt nachträglich folgende Bewertung der durchgeführten *ex situ*-Maßnahmen:

3.2.1 Langzeitlagerung von Saatgut (Forstliche Samenbank)

Die Bevorratung von Saatgut mit einer möglichen Dauer der Lagerfähigkeit von weniger als acht bis zehn Jahren hat sich zumeist als unwirtschaftlich erwiesen, da die notwendige Erneuerung der Lagerbestände bei uneingeschränkter Fruktifikation der Waldbäume zwar möglich, aber nicht notwendig ist. Der laufende Saatgutbedarf des Handels ist grundsätzlich von heimischen Quellen abzudecken, wenn bei den Forstbetrieben und Saatgutproduzenten die Möglichkeiten der Beerntung und kurzfristigen Bevorratung genutzt werden. Die langfristige Einlagerung von Saatgut, das über zehn Jahre ohne Keimkraftverluste überdauern kann, hat dagegen in einigen Fällen bereits zur Abdeckung von akuten Mängeln beigetragen.

Es wird daher für die künftige Vorgangsweise vorgeschlagen:

- Einlagerung von *kurzfristig* lagerfähigem Saatgut (< 8/10 Jahre) nur in besonders begründeten Ausnahmefällen (Gefährdung durch Verlust, Seltenheit, für wissenschaftliche Zwecke etc.);
- Einlagerung von *langfristig* lagerfähigem Saatgut (> 8/10 Jahre), wo aufgrund mehrjähriger Fruktifikationsintervalle die Bevorratung von gut keimfähigem Saatgut in Vollmastjahren zweckmäßig ist und die Saatgutquelle für die Zwecke der Generhaltung als wertvoll beurteilt wird (autochthone Restbestände, Sonderstandorte, Bevorratung für mehrjährige Pflanzenproduktion zur Nachbesserung in Generhaltungswäldern etc.).

3.2.2 Klonarchive und Samenplantagen

Die bestehenden Klonarchive und Samenplantagen können bezüglich ihrer künftigen Verwendung wie folgt klassifiziert werden:

3.2.2.1 Für die Zwecke der Generhaltung und Saatgutproduktion nur bedingt geeignet:

Die Plantagen wurden als Vorsichtsmaßnahme unter dem Gesichtspunkt der erhöhten Gefährdung zur Überbrückung von Zeiträumen erhöhter Immissionsbelastung angelegt, sind aber aus derzeitiger Beurteilung weder für die Generhaltung, noch für die Saatgutproduktion von erhöhter Bedeutung:

Beispiel: *Abies alba*.

Die Beibehaltung dieser Plantagenanlagen wird aus folgenden Gründen vorgeschlagen:

- Die laufenden Erhaltungskosten sind gegenüber den Kosten der Errichtung gering.
- Für den Fall einer Änderung der Umweltbedingungen könnten diese langfristig angelegten Archive wieder Bedeutung gewinnen (*Stand by*-Funktion).

3.2.2.2 *Für die Zwecke der Generhaltung bedingt, für die Saatgutproduktion von erhöhter Bedeutung:*

Beispiele: Hainbuche, Schwarzerle

Diese Plantagen können als Produktions-Samenplantagen weitergeführt werden. Sie dienen für gesetzlich geregelte Baumarten (Erweiterung durch die EU-Baumartenliste!) als Ausgangsmaterial für „qualifiziertes oder geprüftes Vermehrungsgut“ zur Unterstützung der Versorgung des Marktes.

Durch die Ergänzung des Marktes mit Plantagensaatgut, das gegenüber Bestandesbeerntungen leichter gewonnen werden kann, wird dem Verdrängungseffekt entgegengewirkt und somit ein Beitrag zur Erhaltung der genetischen Vielfalt geleistet.

3.2.2.3 *Für die Zwecke der Generhaltung von erhöhter Bedeutung, Bedeutung für Saatgutproduktion gering:*

Beispiel: Ulmen-Sämlingsarchive

Die Beibehaltung dieser Fläche ist von erhöhter Priorität; es fallen nur geringe Pflegekosten an.

3.2.2.4 *Für die Zwecke der Generhaltung und Saatgutproduktion von erhöhter Bedeutung:*

Beispiel: Seltene *Sorbus*-Arten (Speierling, Elsbeere, etc.)

Die Beibehaltung dieser Flächen ist von erhöhter Priorität.

3.2.2.5 *Erweiterungen:*

Unter dem Gesichtspunkt der Prioritätensetzung bei äußerster Sparsamkeit werden für eine künftige Erweiterung nur jene Kategorien in Betracht kommen, bei denen die Generhaltung (mit und ohne Saatgutproduktion) von erhöhter Bedeutung ist.

Die Einbeziehung von Sträuchern in das Erhaltungskonzept ist aufgrund der erhöhten Gefährdung des Verlustes autochthoner Populationen künftig mit erhöhter Priorität zu beurteilen.

Sonstige mögliche *ex situ*-Maßnahmen wie Pollenlagerung, Einlagerung von Pflanzen und Pflanzenteilen, Erhaltung durch makro- und mikrovegetative Vermehrung, haben aufgrund der zumeist unverhältnismäßig hohen Aufwendungen nur für Sonderfälle bei extremer Gefährdung und für Forschungs- und Züchtungszwecke Bedeutung.

4 Literaturverzeichnis

- FRANK, G. & MÜLLER, F. (2003): Voluntary approaches in protection of forests in Austria, *Environmental Science & Policy*, 6, pp.261-269.
- HEINZE, B. (1998): Erhaltung der Schwarzpappel in Österreich – forstwirtschaftliche, genetische und ökologische Aspekte, *FBVA-Berichte, Schriftenreihe der Forstlichen Bundesversuchsanstalt Wien*, 106, 33 Seiten.
- HOLZER, K. & MÜLLER, F. (1985): Gefahr der Einengung der genetischen Variabilität durch die (moderne) Forstgartentechnik, Bericht über die 4. Arbeitstagung Forum Genetik – Wald – Forstwirtschaft, Oktober 1985, S.76-79.
- JOHNSEN, O. (1989): Phenotypic changes in progenies of northern clones of *Picea abies* (L.) Karst. grown in a southern seed orchard. I. Frost hardiness in a phytotron experiment. *Scandinavian Journal of Forest Research*, 4, pp.317-330.
- JOHNSEN, O.; SKROPPA, T.; JUNTILA, O & DAEHLEN, O. (1996): Influence of the female flowering environment on autumn frost-hardiness of *Picea abies* progenies. *Theoretical and Applied Genetics*, 92, pp.797-802.
- KOCH, G.; KIRCHMEIER, H & GRABHERR, G. (1999): Naturnähe im Wald, Methodik und praktische Bedeutung des Hemerobiekonzeptes für die Bewertung von Waldökosystemen, *Österreichischer Forstverein*, 96 Seiten.
- KONNERT, M. & SCHMIDT, S.(1996): Genetische Konsequenzen der Größensortierung in der Baumschule: Erste Ergebnisse. In: G.MÜLLER-STARCK (Hrsg.): Biodiversität und nachhaltige Forstwirtschaft. Ecomed-Verlagsgesellschaft, Landsberg, S.222-238.
- MÜLLER, F. (1993): Auswahl und waldbauliche Behandlung von Gen-Erhaltungswäldern. *FBVA-Berichte, Schriftenreihe der Forstlichen Bundesversuchsanstalt Wien*, 73, 22 Seiten.
- MÜLLER, F. (1996): Ausscheidung und waldbauliche Behandlung von Genreservaten in Österreich, In: G.MÜLLER-STARCK (Hrsg.): Biodiversität und nachhaltige Forstwirtschaft, Ecomed-Verlagsgesellschaft, Landsberg, S.330-340.
- MÜLLER, F.& SCHULTZE, U. (1998): Das österreichische Programm zur Erhaltung forstgenetischer Ressourcen. In: TH. GEBUREK, & B. HEINZE (Hrsg.): Erhaltung genetischer Ressourcen im Wald, Normen, Programme, Maßnahmen, Ecomed-Verlagsgesellschaft, Landsberg, pp.120-135.
- NATHER, J. (1990a): Erhaltungsbestände und Genreservate: Auswahl und Bewirtschaftung. *Österreichische Forstzeitung*, 101, S.13-16.
- NATHER, J. (1990b): Die Erhaltung forstlicher Genressourcen. *Österreichische Forstzeitung*, 101, S.17-18.
- ROTACH, P. (1999): *In situ* conservation and promotion of noble hardwoods: silvicultural management strategies. In: J. TUROK, J. JENSEN, CH. PALMBERG-LERCHE, M. RUSANEN, K. RUSSELL, S. DE VRIES, & E. LIPMAN, (compilers): Noble Hardwoods Network. Report of the third meeting, 13-16 June 1998, Sagadi, Estonia. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, pp.39-50.

- ROTACH, P. (2000):** Zur Gefährdung seltener Baumarten in der Schweiz: Grundsätzliche Überlegungen, Situationsanalyse und zwei Fallbeispiele. *In: R. FINKELDEY, P. BONFILS, & R. LANDOLT, (eds.): Forest Gene Reserves - Forstliche Genreservate. Forest Snow and Landscape Research 75(1/2), pp.267-284.*
- SKROPPA, T. (1994):** Growth rhythm and hardiness of *Picea abies* progenies of high altitude parents from seed produced at low elevations. *Silvae Genetica*, 43, pp.95-100.

Anschrift des Autors

DIPL. ING. DR. FERDINAND MÜLLER

Bundesamt und Forschungszentrum für Wald (BFW), Institut für Waldbau
Hauptstraße 7

A-1140 Wien (Austria)

e-mail: ferdinand.mueller@bfw.gv.at

Generhaltung bei Waldbäumen – Konzepte und Umsetzungsbeispiele in der Schweiz

MARCUS ULBER

Keywords: Gene conservation, Switzerland, forests of special genetic interest (SGI forests), European silver fir, *Abies alba*, National Forest Programme, forest policy

Abstract

Title of the paper: Gene conservation in forest trees – concepts and examples for implementation in Switzerland.

"Forests of special genetic interest" (SGI forests) are one of four pillars of the Swiss strategy for conservation and promotion of forest biodiversity. Here, the concept of the SGI forests is presented (requirements, conditions, establishment, selection) and the SGI forest "Ochsenboden" for silver fir is given as an example.

The Swiss Federation owns only little forest, therefore it needs to persuade other forest owners to implement its forest policy. Financial incentives are the main instrument for this purpose. In the new national forest programme (WAP-CH) the Federation defines its future goals in forest policy and presents how it intends to achieve them. Performance agreements between the Federation and the cantons will play an important role.

Schlagwörter: Generhaltung, Schweiz, Wälder von besonderem genetischem Interesse (BGI-Wälder), Weißtanne, *Abies alba*, nationales Waldprogramm, Waldpolitik

Zusammenfassung

In der Schweiz sind "Wälder von besonderem genetischem Interesse" (BGI-Wälder) eine von vier Säulen der Strategie zur Erhaltung und Förderung der Biodiversität im Wald. Das Konzept der BGI-Wälder wird vorgestellt (Anforderungen, Auflagen, Einrichtung, Auswahl). Als Beispiel wird der Tannen-BGI-Wald "Ochsenboden" vorgestellt.

Weil der Bund in der Schweiz selbst nur sehr wenig Wald besitzt, muss er andere Waldbesitzer überzeugen, um seine Waldpolitik durchzusetzen. Er tut dies primär durch finanzielle Anreize. Im neuen Waldprogramm Schweiz (WAP-CH) legt der Bund seine künftigen Ziele der Waldpolitik fest und zeigt auf, wie er sie erreichen will. Leistungsvereinbarungen zwischen Bund und Kantonen werden eine wichtige Rolle spielen.

1 Einleitung

Genetische Vielfalt wird dann offensichtlich, wenn Bäume Unterschiede in Gestalt oder Wachstum zeigen, oder wenn die Individuen einer Population unterschiedlich auf Umwelteinflüsse wie Trockenheit, Parasiten oder Schadstoffe reagieren. Ersteres ist den Förstern seit langem bekannt, denn sie haben beobachtet, dass sich Bäume derselben Art je nach Herkunft zum Teil höchst unterschiedlich verhalten.

Letzteres rückte Mitte der 1980er Jahre ins Zentrum des Interesses, als man sich mit resistenten Genotypen einen Ausweg aus dem befürchteten Waldsterben erhoffte. Schweizer Forstbehörden, Forschungsstellen und Vertreter aus der Forstpraxis beschlossen dann, Maßnahmen zur Erhaltung genetischer Ressourcen im Wald zu prüfen. Diese Bemühungen entsprangen der Sorge, die man sich angesichts der zunehmenden Waldschäden um das Erbgut der Waldbäume machte. Die Genforschung wurde intensiviert, und der Bund verpflichtete sich in internationalen Vereinbarungen zur Erhaltung der genetischen Ressourcen im Wald.

Seither haben sich die Akzente verschoben, und die Wichtigkeit der genetischen Vielfalt der Waldbäume wird heute in einem breiteren Rahmen gesehen. Einerseits als fundamentaler Teil der Biodiversität im Wald und andererseits als Element der Betriebssicherheit im Waldbau.

2 Erhaltung und Förderung der Biodiversität im Schweizer Wald¹

Die schweizerische Strategie zur Erhaltung und Förderung der Biodiversität im Wald basiert heute auf vier Säulen:

- Naturnaher Waldbau auf der gesamten bewirtschafteten Waldfläche. (Bisher wurde allerdings nirgends genau und verbindlich bestimmt, welche konkreten Anforderungen der naturnahe Waldbau erfüllen muss.)
- Verwendung von standortsgerechtem forstlichem Vermehrungsgut für die künstliche Begründung von Beständen. Die wichtigsten Instrumente sind der nationale Kataster der Samenerntebestände (NKS) und die Berücksichtigung der OECD-Normen über den Handel mit forstlichem Vermehrungsgut.
- Gezielte Förderung seltener Baumarten, Schutz seltener Waldgesellschaften und Erhaltung wertvoller Bewirtschaftungsformen in speziell bezeichneten Gebieten (Maßnahmenregionen, Waldreservate).
- Erhaltung von lokal angepassten Waldbaumpopulationen und ihres Anpassungspotenzials in "Wäldern von besonderem genetischem Interesse" (BGI-Wäldern).

¹ Dieses Kapitel fasst das BGI-Konzept des Bundes zusammen. Einige Passagen stammen daher aus BONFILS & BOLLIGER (2003) und aus BONFILS & ULBER (2003).

2.1 Das BGI-Konzept des Bundes

Das Konzept der Wälder von besonderem genetischem Interesse konnte 2003 nach längeren Vorarbeiten publiziert werden (BONFILS & BOLLIGER 2003). Es ist eine Weiterentwicklung des Genreservatskonzeptes von Bund und Kantonen aus dem Jahre 1987 und löst dieses ab. Es nimmt Rücksicht auf die neuen Planungsinstrumente von Bund und Kantonen im Wald (z.B. Waldentwicklungsplanung, Waldreservatskonzepte) und gliedert sich in das Gesamtkonzept des Bundes zur Förderung der Biodiversität im Wald ein (s.o.).

2.2 Wälder von besonderem genetischem Interesse (BGI-Wälder)

BGI-Wälder sind Gebiete, in denen der Erhaltung genetischer Ressourcen von bestimmten Bäumen und Sträuchern (Zielarten) besondere Bedeutung beigemessen wird. Die besonderen Eigenschaften lokaler Populationen und ihre evolutionäre Anpassungsfähigkeit sollen langfristig erhalten und gefördert werden. Die Ausscheidung von BGI-Wäldern ist sowohl für bestandbildende Arten, wie z.B. die Tanne (*Abies alba*) möglich, als auch für zerstreut vorkommende, wie z.B. die Elsbeere (*Sorbus torminalis*). BGI-Wälder sind ein wichtiges Instrument für die nachhaltige Bewirtschaftung der genetischen Ressourcen im Wald. Nur wenn Erbmaterial von besonderer Bedeutung als solches erkannt wird, kann es auch wirkungsvoll geschützt und sinnvoll genutzt werden.

Folgende Voraussetzungen müssen für die Einrichtung eines BGI-Gebietes erfüllt sein:

- In erster Linie werden autochthone Bestände gesucht. Neben autochthonen Beständen können aber auch wertvolle nicht-autochthone Populationen als BGI-Wälder ausgeschieden werden.
- BGI-Wälder sollten eine bestimmte, artabhängige Mindestgröße (Fläche, Deckungsgrad, Individuen) nicht unterschreiten. Die Größe von BGI-Wäldern richtet sich nach den lokalen Gegebenheiten und nach den ökologischen Ansprüchen und Eigenschaften der betreffenden Baum- und Straucharten. Für großflächig vorkommende Arten können z.B. ganze Täler als BGI-Gebiete ausgeschieden werden. Bei weniger häufigen Arten können zerstreut vorkommende Teilpopulationen zu einem größeren BGI-Gebiet zusammengefasst werden. Bei isolierten Kleinpopulationen wird das gesamte potenzielle Wuchsgebiet der Zielart am Ort des lokalen Vorkommens berücksichtigt.
- Wo eine Beeinflussung durch angrenzende nicht-autochthone Bestände erwartet werden muss, sollte diese durch eine Pufferzone minimiert werden.
- Waldeigentümer und Forstdienst müssen am BGI-Wald interessiert sein und sich auf freiwilliger Basis mit den Auflagen einverstanden erklären.

Die forstliche Nutzung wird durch die Ausscheidung eines BGI-Waldes nicht eingeschränkt. Eine normale Nutzung nach den Grundsätzen des naturnahen Waldbaus

soll weiterhin möglich sein. Zwei besondere Auflagen müssen hingegen respektiert werden:

- Der Flächenanteil der Zielart(en) innerhalb des BGI-Waldes soll erhalten oder erhöht werden.
- In BGI-Wäldern wird ausschließlich mit der lokalen Provenienz der Zielart(en) gearbeitet. Deshalb wird in der Regel natürlich verjüngt. Bei künstlicher Verjüngung (Pflanzung, Saat) darf nur Vermehrungsgut aus dem BGI-Wald selbst verwendet werden. Bei der Beschaffung, Aufbereitung und der Anzucht von Vermehrungsgut der Zielart(en) müssen Auflagen berücksichtigt werden, um die genetische Vielfalt möglichst wenig einzuschränken.

Falls die Berücksichtigung dieser Auflagen zusätzliche Kosten verursacht, werden diese den Eigentümern durch Bund und Kanton abgegolten. Für die bloße Deklaration eines Waldes als BGI-Wald werden keine Entschädigungen ausgerichtet.

Der kantonale Forstdienst veranlasst die behördenverbindliche Ausscheidung der BGI-Wälder in der forstlichen Planung (z.B. im Waldentwicklungsplan WEP). Mit der Zustimmung des Waldeigentümers wird der BGI-Wald auch eigentümergebunden festgeschrieben (z.B. im Betriebsplan, durch Schaffung eines Sonderwaldreservates oder durch Vertrag). Die Art der Absicherung richtet sich nach den Planungsinstrumenten der Kantone. Wichtig ist einzig, dass die Bezeichnung des BGI-Waldes langfristig gesichert wird.

Durch eine geeignete Anzahl und Verteilung von BGI-Gebieten soll die geografische und ökologische Bandbreite der einzelnen Baum- und Straucharten in der Schweiz abgedeckt werden. Die Auswahl von BGI-Gebieten geschieht in biogeografischen Großregionen. Für jede Zielart wird ermittelt, welche Großregionen relevant sind und wie viele BGI-Wälder pro Region eingerichtet werden sollen (Abb. 1). Dabei wird auf folgende Kriterien geachtet:

- Verbreitung und Vorkommen der Art (geografische und ökologische Bandbreite);
- walddeschichtliche Aspekte der Art (z.B. (nach)eiszeitliche Refugien und Rückwanderung);
- genetische Kenntnisse über die Art.

Da es nicht möglich ist, für die einzelnen Arten genetische Analysen im großen Rahmen durchzuführen (und deren Aussagekraft auch begrenzt wäre), muss bei der Abschätzung der notwendigen Anzahl BGI-Gebiete auf indirekte Kriterien zurückgegriffen werden. In der Annahme, dass verschiedene Standortstypen zu verschiedenartiger genetischer Anpassung beitragen, kann versucht werden, die hauptsächlichsten Waldgesellschaften zu berücksichtigen, in welcher eine Art auftritt.

Die Auswahl von BGI-Wäldern innerhalb der Großregionen erfolgt aus administrativen Gründen in den Kantonen und in enger Zusammenarbeit mit den kantonalen Forstdiensten. Bei häufigen Arten wird versucht, die ökologische Amplitude in der Region abzudecken, bei seltenen Arten drängen sich Kernpopulationen mit

überdurchschnittlich hoher Individuenzahl und großer Ausdehnung als BGI-Wälder auf. Ebenso wird auf morphologische Merkmale und Besonderheiten geachtet, von denen vermutet wird, dass sie genetisch bedingt sind. Heterogene Standorte können von besonderem Interesse sein.

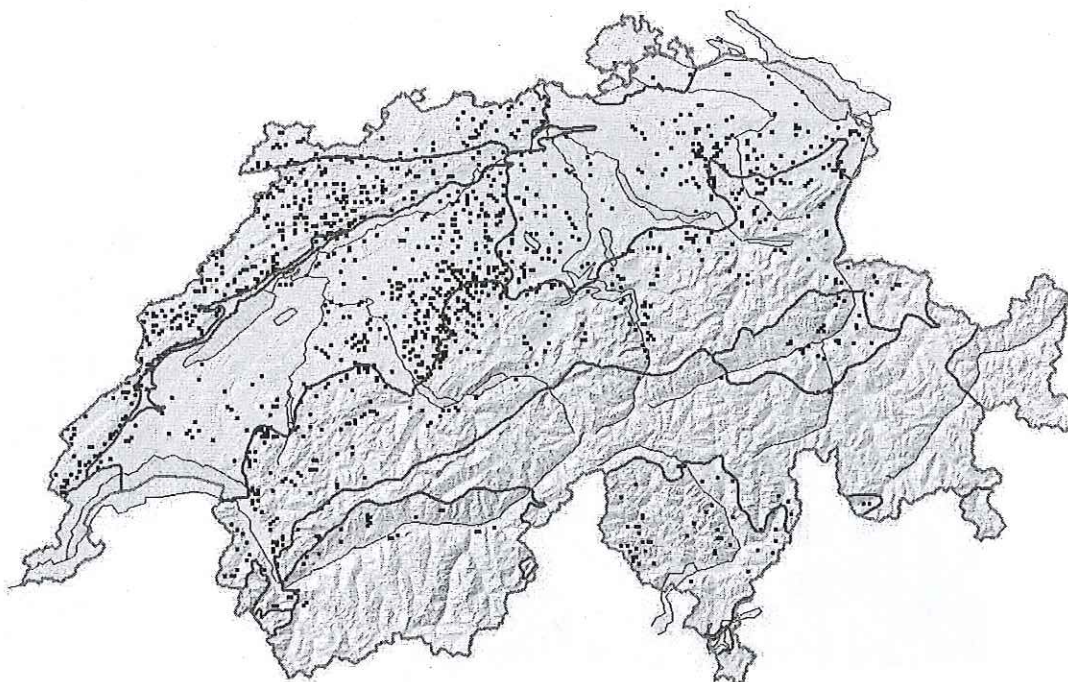


Abb. 1: Vorkommen der Weißtanne (*Abies alba*) in den biogeografischen Regionen der Schweiz (erstes Landesforstinventar LFI 1983-1985, Stichproben mit einem Basalflächenanteil für die Tanne > 40%). Daten aus SCHWEIZERISCHES LANDESFORSTINVENTAR (LFI) 1983-1985, Regionalisierung nach INDERMÜHLE *et al.* 1998.

Fig. 1: Distribution of European silver fir (*Abies alba*) in the biogeographic regions of Switzerland (first National Forest Inventory NFI 1983-1985, sample points with silver fir basal area > 40%). Data from SCHWEIZERISCHES LANDESFORSTINVENTAR (LFI) 1983-1985, regions according to INDERMÜHLE *et al.* 1998.

2.3 BGI-Wald "Ochsenboden"

Ein Beispiel eines BGI-Waldes für die Weißtanne ist das Gebiet "Ochsenboden" im Kanton Wallis. Der "Ochsenboden" bei Sièrre (Siders) liegt im zentralalpinen Rhonetal, einem ausgesprochen niederschlagsarmen, trocken-subkontinentalen Gebiet (600-700mm Jahresniederschlag). Die Weißtanne ist nach der letzten Eiszeit relativ früh von den Süden her über den Simplon-Pass in das Gebiet eingewandert. Auf dem Weg ins Rhonetal konnte sie sich gegen konkurrenzschwache und lichtbedürftige Baumarten wie Lärche (*Larix decidua*), Föhre (*Pinus sylvestris*) und Arve (*Pinus cembra*) durchsetzen

und ohne die Konkurrenz einer Schattenbaumart entwickeln. Es wird vermutet, dass sie daher einen Großteil ihrer genetischen Bandbreite erhalten konnte (KRAL 1980; KRAL *et al.* 1993; LINGG 1986). Dies wäre eine Erklärung für den Umstand, dass die Tanne im Wallis trockenolerant ist, sich auf Offenflächen spontan verjüngt und bis auf 1.800 m ü.M. aufsteigt.

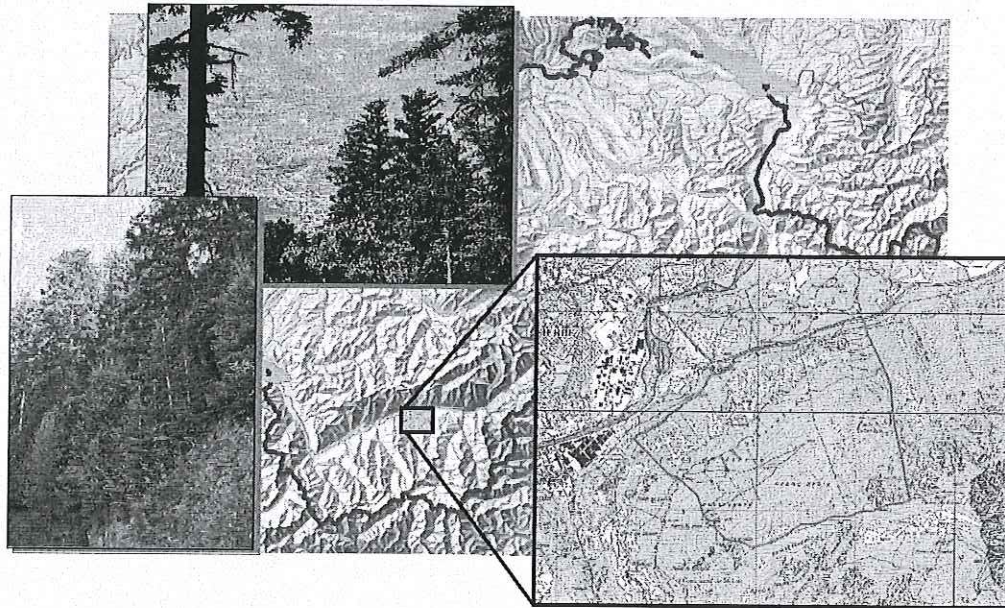


Abb. 2: Der BGI-Wald "Ochsenboden" im Kanton Wallis.

Fig. 2: *The SGI forest "Ochsenboden" in the Canton Valais.*

Eine genetische Analyse der Tannen im "Ochsenboden" zeigte, dass der Bestand einen überdurchschnittlichen Heterozygotiegrad aufweist und sich stark von den übrigen untersuchten Schweizer Populationen unterscheidet (HUSSENDÖRFER 1997). Alles in allem Grund genug, der Tannenpopulation auf dem "Ochsenboden" besondere Aufmerksamkeit zu schenken. Im Jahre 2001 wurde deshalb eine Fläche von 390 ha im Waldentwicklungsplan (WEP) als BGI-Wald ausgeschieden (Abb. 2).

3 Schweizerische Waldpolitik und Generhaltung

Der Wald liegt in der Schweiz im Kompetenzbereich der Kantone. Jeder Kanton hat somit sein eigenes Waldgesetz. Der Bund hat gemäß Bundesverfassung (Schweizer Grundgesetz) allerdings dafür zu sorgen, dass der Wald seine Schutz-, Nutz- und Wohlfahrtsfunktionen erfüllen kann, er hat Grundsätze über den Schutz des Waldes festzulegen und Maßnahmen zur Erhaltung des Waldes zu fördern. Dies tut er auf der Grundlage eines eigenen Waldgesetzes, das als Rahmengesetz über den kantonalen Waldgesetzen steht. Der Bund selber besitzt nur sehr wenig Wald. Er muss daher seine verfassungsmäßigen Aufgaben zum größten Teil in Wäldern erfüllen, die jemand anderem gehören. Zwei Drittel des Schweizer Waldes gehört Körperschaften (politischen Gemeinden, Bürgergemeinden, Korporationen und Genossenschaften). Ein gutes Viertel ist Privatwald, 6% sind Staatswald (Kantone 5%, Bund nur 1%) (Abb. 3).

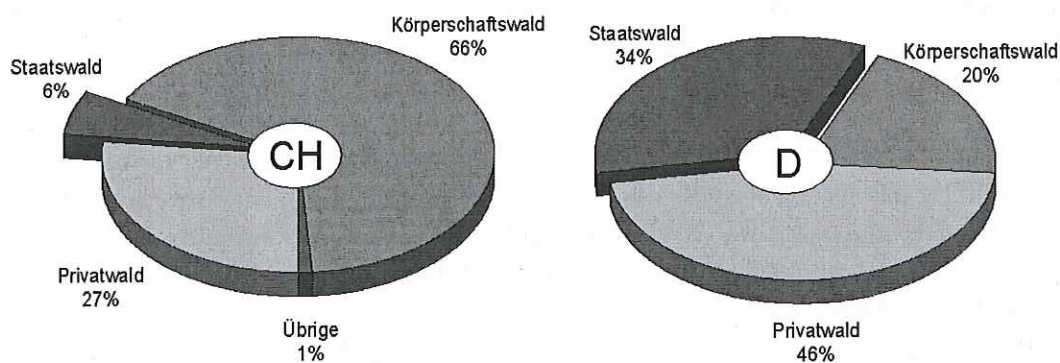


Abb. 3: Aufteilung des Waldbesitzes in der Schweiz und in Deutschland. Beim Staatswald handelt es sich größtenteils um Wald der Kantone bzw. Bundesländer. Quellen: BFS (BUNDESAMT FÜR STATISTIK) et al. 2002, BUNDESMINISTERIUM FÜR VERBRAUCHERSCHUTZ, ERNÄHRUNG UND LANDWIRTSCHAFT 1999.

Fig. 3: Portioning of forest ownership in Switzerland (CH) and Germany (D) (Staatswald = state owned forests; Körperschaftswald = forest owned by corporations, cooperatives and public communes; Privatwald = privately owned forest; Übrige = others). For the most part, the state owned forests belong to the cantons or federal states. Sources: BFS (BUNDESAMT FÜR STATISTIK) et al. 2002, BUNDESMINISTERIUM FÜR VERBRAUCHERSCHUTZ ERNÄHRUNG UND LANDWIRTSCHAFT 1999.

Die Instrumente, die der Bund bei der Erfüllung seiner Aufgaben zur Verfügung hat, sind beschränkt. Wollte er zu stark mit Geboten und Verboten in die Kompetenz der Kantone oder in die Eigentumsrechte der Waldbesitzer einbrechen, wüssten diese dies auf politischem Wege zu verhindern.

Somit bleiben dem Bund hauptsächlich die folgenden Mittel:

- Er kann die Waldbesitzer mit Information und Beratung überzeugen.
- Er kann durch Ausbildung und Schulung des Forstpersonals sowie durch Forschung und Grundlagenbeschaffung Einfluss nehmen.
- Das weitaus effektivste Mittel jedoch sind finanzielle Anreize, welche die Waldbesitzer zu einem bestimmten Handeln (oder Unterlassen) bewegen sollen.

Die Finanzhilfen im Bereich der Waldbewirtschaftung, worunter auch die Generhaltung fällt, werden vom Bund den Eigentümern heute jeweils für einzelne Projekte geleistet. Das heißt, der Waldbesitzer oder -bewirtschafter arbeitet für jede Maßnahme, für die er finanzielle Unterstützung verlangt, ein Projekt aus. Dieses geht zum Kanton und zum Bund, damit beide die Finanzhilfen bewilligen können (denn der Bund macht seine Finanzhilfen von der finanziellen Beteiligung des Kantons abhängig).

Wenn die Finanzhilfen zugesichert sind, wird das Projekt ausgeführt und anschließend werden die Gelder ausbezahlt. Dies bedeutet, dass ständig Hunderte von Projekten zwischen Bund, Kanton und Eigentümer hin- und hergeschoben werden. Neben anderen Schwachpunkten bringt das System einen beträchtlichen administrativen Aufwand mit sich (HAERING *et al.* 2002).

Im Januar 2004 hat der Bund sein "Waldprogramm Schweiz" (WAP-CH)² veröffentlicht, das in den letzten Jahren in einem breit abgestützten Prozess erarbeitet worden ist (PROJEKTLEITUNG WAP-CH *et al.* 2004). Das Waldprogramm bildet die Grundlage für die zukünftige Ausrichtung der Waldpolitik des Bundes und für die geplante Überarbeitung des Waldgesetzes.

Der Bund will sich in Zukunft auf fünf prioritäre Ziele konzentrieren. Da er unter großem Spardruck steht, will der Bund seine finanziellen Mittel hauptsächlich noch für den Schutzwald und die Biodiversität im Wald einsetzen. Generhaltungsprogramme für prioritäre Arten sind darunter ausdrücklich vorgesehen. Weiter legt der Bund im Waldprogramm zum ersten Mal verbindliche Minimal-Standards für den naturnahen Waldbau fest, welche in Zukunft auch gesetzlich verankert werden sollen.

Für die finanzielle Unterstützung durch den Bund sollen in Zukunft keine Einzelprojekte mehr unterstützt werden, sondern der Bund will mit den Kantonen Leistungsverträge ausarbeiten. In diesen legen Bund und Kantone in verschiedenen Sektoren Ziele fest, welche der Kanton über einige Jahre erreichen soll, und sie einigen sich über eine globale finanzielle Entschädigung des Bundes an den Kanton. Die Erreichung der Ziele und der Vollzug der Maßnahmen soll dann alleinige Aufgabe der Kantone sein. Der Bund kontrolliert die Erbringung der Leistungen anhand zuvor definierten Kriterien und Messgrößen.

² Homepage Waldprogramm Schweiz: <http://www.waldprogramm.ch/>

4 Literaturverzeichnis

- BSF (BUNDESAMT FÜR STATISTIK) & BUWAL (BUNDESAMT FÜR UMWELT WALD UND LANDSCHAFT) (Hrsg.) (2002):** Wald und Holz in der Schweiz. Jahrbuch 2002. Neuenburg: Bundesamt für Statistik. 166 Seiten.
- BONFILS, P. & BOLLIGER, M. (2003):** Wälder von besonderem genetischem Interesse (BGI-Wälder). *Vollzug Umwelt*. Bern: Bundesamt für Umwelt Wald und Landschaft BUWAL. 60 Seiten. Kostenlos erhältlich und als pdf downloadbar im e-shop des BUWAL (<http://www.umwelt-schweiz.ch/buwal/de/>).
- BONFILS, P. & ULBER, M. (2003):** Wälder von besonderem genetischem Interesse (BGI-Wälder). Erhaltung und Nutzung genetischer Ressourcen im Wald. (Faltblatt). Bern, Bundesamt für Umwelt, Wald und Landschaft, BUWAL. 12 Seiten. Kostenlos erhältlich und als pdf downloadbar im e-shop des BUWAL (<http://www.umwelt-schweiz.ch/buwal/de/>).
- BUNDESMINISTERIUM FÜR VERBRAUCHERSCHUTZ ERNÄHRUNG UND LANDWIRTSCHAFT (1999):** Unser Wald - Natur und Wirtschaftsfaktor zugleich. <http://www.verbraucherministerium.de/> (eingesehen: Februar 2004).
- HAERING, B.; GSPONER, G. & KOCH, P. (2002):** Effor2 Konzeptbericht. Wirkungsorientierte Subventionspolitik im Rahmen des Waldgesetzes. *Umwelt-Materialien*. 145. Herausgegeben vom Bundesamt für Umwelt Wald und Landschaft Bern. 121 Seiten. Erhältlich und als pdf downloadbar im e-shop des BUWAL (<http://www.umwelt-schweiz.ch/buwal/de/>).
- HUSSENDÖRFER, E. (1997):** Untersuchungen über die genetische Variation der Weisstanne (*Abies alba* Mill.) unter dem Aspekt der *in situ* Erhaltung genetischer Ressourcen in der Schweiz. *Beiheft zur Schweizerischen Zeitschrift für Forstwesen*, 83, S.1-151.
- INDERMÜHLE, M.; KAUFMANN, G. & STEIGER, P. (1998):** Konzept Waldreservate Schweiz: Schlussbericht des Projektes Reservatspolitik der Eidgenössischen Forstdirektion. (Unveröffentlichter Bericht). Eidgenössische Forstdirektion. Bern. 102 Seiten
- KRAL, F. (1980):** Waldgeschichtliche Grundlagen für die Ausscheidung von Ökotypen bei *Abies alba*. In: MAYER, H. (Hrsg.): 3. Tannen-Symposium Wien 1980. Österreichischer Agrarverlag. S.158-168.
- KRAL, F. & MAYER, H. (1993):** Postglaziale Entstehung und Aufbau tannenreicher Wälder Europas. *Dissertationes Botanicae*, 196, S.305-315.
- LINGG, W. (1986):** Ökologie der inneralpiner Weisstannenvorkommen (*Abies alba* Mill.) im Wallis (CH). *Mitteilungen der Eidgenössischen Anstalt für das forstliche Versuchswesen*, 62(3), S.331-466.
- PROJEKTLEITUNG WAP-CH & BHP-BRUGGER & PARTNER (2004):** Waldprogramm Schweiz (WAP-CH). *Schriftenreihe Umwelt*. 363. Hrsg.: Bundesamt für Umwelt Wald und Landschaft Bern. 119 Seiten. Erhältlich und als pdf downloadbar im e-shop des BUWAL (<http://www.umwelt-schweiz.ch/buwal/de/>).

SCHWEIZERISCHES LANDESFORSTINVENTAR (LFI) (1983-1985): Datenbankauszug vom 9.10.1997. Eidgenössische Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft (WSL), Birmensdorf.

Anschrift des Autors:

FORSTINGENIEUR MARCUS ULBER

Eidgenössische Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft WSL,
Zürcherstrasse 111,

CH-8903 Birmensdorf (Schweiz)

e-mail: marcus.ulber@wsl.ch

Das Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland – Perspektiven für die Zukunft

HEINZ PETER SCHMITT

Schlagwörter: Forstliche Genressourcen, Gefährdung, Erhaltung, Nutzung, Waldbau, Saatguternte

Zusammenfassung

Nach mehr als fünfzehn Jahren Arbeit mit dem „Konzept zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland“ beziehungsweise nach dem im Jahr 2000 neugefassten „Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland“ wird eine Wertung der bisherigen Entwicklung vorgenommen. Erwartungen, welche die Umsetzung der Ziele der Konzepte betreffen, werden dargestellt. Handlungsschwerpunkte, die die forstliche Praxis einbeziehen, werden für die zukünftige Arbeit zur wirksamen Erhaltung forstlicher Genressourcen skizziert.

Keywords: Forest genetic resources, endangering, conservation, utilization, silviculture, seed-harvesting

Abstract:

Title of the paper: The Concept for the Conservation and Sustainable Utilization of Forest Genetic Resources in the Federal Republic of Germany – perspectives for the future.

For more than 15 years work with the “Concept for the Conservation of Forest Genetic Resources in the Federal Republic of Germany” or rather its revised version entitled “Concept for the Conservation and Sustainable Utilization of Forest Genetic Resources in the Federal Republic of Germany” after the year 2000 an assessment of the previous development will be conducted. Expectations concerning the realization of the aims of the concept are described. The main emphasis which include the forest practice are sketched of in view of the work to be expected for the efficient preservation of Forest Genetic Resources.

1 Einleitung

Nach fünfzehn Jahren Arbeit mit dem 1987 fertiggestellten „Konzept zur Erhaltung Forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland“ (ANONYMUS 1989) beziehungsweise nach dem im Jahr 2000 neugefassten und 2001 von den Länderforstchefs akzeptierten „Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland“ (PAUL *et al.* 2000), das derzeit und bis auf weiteres die Grundlage für die Arbeit der „forstlichen Genbanken“ bildet, kann eine Wertung der bisherigen Tätigkeit und eine Beurteilung der Entwicklung erfolgen. Es stellt sich die Frage, welche Erwartungen in Zukunft mit der Umsetzung der Ziele des jetzt gültigen Konzeptes verbunden sind. Im Folgenden

werden auch Handlungsschwerpunkte für die nächsten Jahre vorgeschlagen, um die Arbeit der Erhaltung forstlicher Genressourcen effektiver zu gestalten und um die Ziele des Konzeptes tatsächlich nachhaltig zu erreichen.

2 Rückschau auf das 1987er Konzept

Die Erarbeitung des 1987er Konzeptes zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland stand unter dem Eindruck einer massiven und konkreten Bedrohung des Waldes, wie sie auch in dem Begriff „Waldsterben“, der in den 1980er Jahren geprägt wurde, ihren Niederschlag fand. Deswegen sah das Konzept Vorgehensweisen und Maßnahmen vor, die als schnelle und direkte Reaktionen auf die befürchtete Gefährdung der Wälder und ihrer genetischen Vielfalt möglichst rasch eine umfassende Sicherung wertvoller forstgenetischer Ressourcen als Grundlage für den Erhalt der Wälder erreichen sollten. Die drei wichtigsten Ziele des Konzeptes waren:

- das Ausmaß der Gefährdung des Genbestandes unserer Baum- und Straucharten festzustellen,
- die notwendigen Maßnahmen zur Erhaltung der genetischen Vielfalt zu beschreiben und
- organisatorische Vorgaben zur raschen Durchführung des Konzeptes vorzuschlagen.

Zweifelsohne entsprechen diese Ziele den in den 1980er Jahren absehbaren Notwendigkeiten. Allerdings erwies sich bei der anschließenden Umsetzung des Konzeptes, dass manche Vorstellung nicht realisierbar war.

So ist es eigentlich nicht gelungen und wird wohl auch auf absehbare Zeit nicht gelingen, tatsächlich das konkrete Ausmaß der Gefährdung des Genbestandes zu beschreiben. Wir verfügen auch jetzt noch nicht über die Möglichkeit, hierzu eine wirklich zutreffende Festlegung zu treffen. Dazu ist noch zu wenig über die Auswirkungen und die zukünftige Entwicklung der gefährdenden Faktoren, wie Immissionen, Klima etc., bekannt, andererseits reichen die Kenntnisse der genetischen Strukturen immer noch nicht aus. Eine konkrete Ermittlung und Beschreibung des Ausmaßes der Gefährdung liegt deswegen nicht vor und ist auf absehbare Zeit nicht zu erwarten, vermutlich auch nicht notwendig.

Zu den im 1987er Konzept vorgesehenen Maßnahmen zur Erhaltung der genetischen Mannigfaltigkeit ist folgendes zu sagen:

Allen vorgeschlagenen Erhaltungsmaßnahmen sollte die Evaluierung des zu erhaltenden Materials vorweg gehen, Populationen und Individuen der zu bearbeitenden Baum- und Straucharten sollten erfasst und hinsichtlich der Erhaltungswürdigkeit und -notwendigkeit beurteilt, identifiziert und ggf. auch registriert werden.

Die Praxis hat gezeigt, dass sich diese Evaluierung bei den seltenen oder selteneren Baum- und Straucharten tatsächlich zielgerichtet durchführen ließ, da praktisch alle

Vorkommen wichtig sind. Demgegenüber fehlen bei den Hauptbaumarten und den häufigeren Nebenbaumarten immer noch wesentliche Grundlagen für die Entscheidung, welche Populationen aus der Sicht der Generhaltung die letztlich wirklich erhaltungsnotwendigen sind. Als in jedem Fall erhaltungswürdig werden bei den häufigen Baumarten die Bestände, die zur Beerntung zugelassen sind, betrachtet. Inwieweit Randpopulationen, die unter besonderen ökologischen Bedingungen entstanden sind, mit einbezogen werden müssen, ist relativ unklar. Um wirklich fundiert entscheiden zu können, müssten zu allen in Frage kommenden Beständen oder Populationen mittels entsprechender Untersuchungen mit genetischen Markern Daten zu ihrer genetischen Struktur erhoben werden. Anschließend kann festgelegt werden, wie wichtig der jeweilige Bestand aus der Sicht der Gesamtpopulation der jeweiligen Baumart hinsichtlich seiner Erhaltungswürdigkeit ist. Nur dann wäre es in einem umfassenden Sinne möglich, die geeignetsten Populationen für Erhaltungsmaßnahmen auszuwählen und die geeigneten Maßnahmen zu bestimmen.

Auf dem Hintergrund der langen Zeit praktischer Durchführung von Generhaltungsmaßnahmen sieht man zwangsläufig den Genverlust in den Wald-ökosystemen und die forstliche Generhaltung in einem größeren Zusammenhang. Das Paket der *ex situ*-Maßnahmen - Saatgutlagerung, Ersatzbestände, Samenplantagen, Klonsammlungen, Pollenlagerung und Vegetativvermehrung - erscheint aus heutiger Sicht nicht mehr ausreichend, teilweise nicht mehr zielführend und zu Teilen auch nicht mehr notwendig (Beispiele: Saatgutlagerung mit sehr begrenzt lagerfähigem Saatgut, Doppelsicherung bei jeweils zwei Genbanken, Lagerung von Pflanzen, Anlage von *ex situ*-Ersatzbeständen).

Dennoch kann rückblickend gesagt werden, dass angesichts der befürchteten massiven Bedrohung der Wälder die vorgesehenen Maßnahmen ohne Zweifel dazu geeignet waren, auf die befürchteten aktuellen Gefahren zu reagieren und eine umfassende Sicherung entsprechend dem damaligen Kenntnisstand zu erreichen.

3 Neufassung des Konzeptes 2000

Die Erfahrungen seit 1987 wurden natürlich bei der Neufassung des Konzeptes, die im Auftrag der Länderforstchefs erfolgte und 2000 abgeschlossen wurde, von der Bundesländer-Arbeitsgruppe „Erhaltung Forstlicher Genressourcen“ berücksichtigt. Aufgrund der deutschen Wiedervereinigung waren zudem die neuen Bundesländer in das Konzept einzubeziehen, und auch internationale Entwicklungen, wie die Übereinkunft über die biologische Vielfalt, zu beachten. Ganz wesentlich wurde die Neufassung aber von der Erkenntnis geprägt, dass das in den 1980er Jahren drohende Waldsterben nicht in dem befürchteten Umfang über die Wälder hereingebrochen war. Nach der Erfahrung mit dem ersten Konzept war klar, dass der Genverlust in Waldökosystemen und dementsprechend die forstliche Generhaltung in einem größeren Zusammenhang gesehen werden mussten und dass auch die Nutzung der forstlichen Genressourcen gewichtig berücksichtigt werden musste. Die Erkenntnis, dass der

Verlust an genetischer Vielfalt viel weniger eine spontan eintretende Katastrophe ist, die bestimmte Bestände aktuell bedroht und durch lokale und zeitlich begrenzte Maßnahmen gemildert werden kann, als vielmehr ein dauernder Vorgang, der mehr oder weniger alle Waldökosysteme betreffen kann, hatte entscheidenden Einfluss auf die Gestaltung der forstlichen Generhaltung in diesem neu formulierten Konzept.

Wegen ihrer besonders hohen Effektivität werden *in situ*-Maßnahmen jetzt als vorrangig betrachtet und rücken zumindest bei den häufigen oder Hauptbaumarten deutlich in den Vordergrund. Die *ex situ*-Maßnahmen werden gegenüber dem ersten Konzept eher als unter speziellen Bedingungen und besonders bei seltenen Baum- und Straucharten notwendig beschrieben. Auf dem neuen Kenntnisstand werden die vorgesehenen Maßnahmen in Abhängigkeit von der Häufigkeit des jeweiligen Vorkommens der betreffenden Art gesehen.

Neu eingeführt wurde die Ausweisung von Generhaltungswäldern, die für die *in situ*-Erhaltung besonders empfehlenswert ist. Die Vorstellungen zum Langzeitmonitoring und zur Effizienzkontrolle, die beide im Konzept aufgenommen wurden, müssen noch weiterentwickelt werden, woran zurzeit eine Expertengruppe aus den Reihen der BLAG arbeitet.

Wie schon gesagt, waren die Voraussetzungen, die bei der Abfassung des ersten Konzeptes gesehen wurden, andere als heute, und diese neueren mussten bei der Formulierung der Neufassung des Konzeptes Berücksichtigung finden. Zumindest gilt dies in der Wahrnehmung der für die Konzepte Verantwortlichen. Beim ersten Konzept spielte das „Waldsterben“ die entscheidende Rolle, alle anderen relevanten Bedrohungen der genetischen Vielfalt waren wohl bekannt, standen aber hinter der als übermächtig empfundenen Bedrohung durch das „Waldsterben“ zurück. Dies hat den Maßnahmenkatalog und den Umfang der jeweils vorgeschlagenen Maßnahmen entscheidend beeinflusst. Alle Maßnahmen waren ihrem Charakter nach als Sofortmaßnahmen gesehen, die einer ganz unmittelbaren und konkreten Gefährdung entgegensteuern sollten.

Für die Zukunft sollte dies nicht genug sein.

Heute wird deutlicher, was im Grunde schon vor 15 oder 20 Jahren klar war: Die Bedrohung und der Rückgang der genetischen Vielfalt sind ein seit langem anhaltender und bis heute kaum gebremster Prozess, dem alleine mit Sofortmaßnahmen nicht beizukommen ist. Für die Zukunft muss vielmehr gelten, dass die forstliche Generhaltung diesen andauernden Vorgang, der mehr oder weniger alle Waldökosysteme betrifft, berücksichtigen muss. Dies wird entscheidenden Einfluss auf die Gestaltung unserer Generhaltung bekommen.

4 Gründe für den Verlust an genetischer Vielfalt aus heutiger Sicht

Die Ursachen für den Verlust genetischer Vielfalt entziehen sich teilweise der forstlichen Einflussnahme, aber eben auch nur zum Teil. Es sind dies – ohne Anspruch auf Vollständigkeit –:

- weiterhin die **neuartigen Waldschäden**. Die Ruhe an dieser Front könnte trügerisch sein. Die unberechtigte Lethargie der Öffentlichkeit und das erkennbar abwiegeln Verhalten der Politik sind wenig hilfreich, sicher viel weniger als vor 20 Jahren die verständliche und auch durchaus begründete Panik beider.
- Die **Klimaveränderung** kann in ihrer Bedeutung für die genetische Vielfalt und die genetische Substanz der Waldökosysteme allenfalls abgeschätzt werden. Es ist aber davon auszugehen, dass sie eine gewichtige Bedeutung bekommen wird.
- Der **Rückgang seltener Waldgesellschaften** ist wohl gebremst, besonders dank der Einflussnahme des Naturschutzes. Hier ist das Schlimmste sicher schon früher passiert. Allein schon deswegen sind noch vorhandene Relikte genetisch besonders wertvoll und müssen nachdrücklich geschützt und erhalten werden.
- Der **Verlust von Vorkommen seltener Arten** läuft dagegen weiter und ihm müsste mit mehr Entschlossenheit entgegengewirkt werden. Von einer solchen Entschlossenheit ist aber in der Forstwirtschaft nicht allzu viel zu spüren. Die Forstwirtschaft selbst ist mitverantwortlich für diesen Vorgang, da ihre praktischen Vorgehensweisen immer noch vielfach unsensibel und egalisierend sind, obwohl die mittlerweile vorliegenden Konzepte den Schutz und die Förderung seltener Arten vorsehen. Nur werden diese Konzepte – aus welchen Gründen auch immer – nicht oder nicht ausreichend umgesetzt.
- Bei der **Verjüngung und Neuanlage von Wäldern** werden weiterhin nicht verantwortbare Risiken eingegangen. Die Forderung, für die künstliche Begründung von Wäldern nur bewährte Herkünfte oder heimische Herkünfte zu verwenden, bleibt zu häufig unbeachtet. Grundsätzlich dürfen bei Saat oder Pflanzung nur Herkünfte verwandt werden, deren Anpassungsfähigkeit und Überlegenheit für die jeweilige Waldfläche klar sind, ansonsten sind heimische, indigene Herkünfte vorzuziehen. Nichtsdestoweniger ist eine übertriebene und ausufernde Verwendung nichtheimischer Herkünfte genetisch bedenklich.
- Die **natürliche Verjüngung genetisch minderwertiger Bestände** kann verheerend sein, vor allem, wenn der Wirtschaftler den Weg für das Ziel hält und die Naturverjüngung ohne eine klare Vorstellung vom waldbaulichen Ziel laufen lässt. Es gibt genügend Beispiele dafür, dass fragwürdige Ausgangsbestände mit der Begründung „Naturnaher Waldbau“ verjüngt werden und damit eine realistische Gefahr für die Qualität der Wälder in Kauf genommen wird.
- **Waldbauliche Entscheidungen bei Waldpflege und –nutzung** werden getroffen oder müssen getroffen werden, ohne dass man ihre genetischen Folgen bereits kennt bzw. ermessen kann. Das Risiko, dass mit waldbaulichen Fehlentscheidungen

verbunden sein kann, ist mangels besserer Kenntnis des Einflusses der Entscheidungen auf die genetische Qualität eines Bestandes schwer zu beurteilen. Es muss davon ausgegangen werden, dass unflexible, standardisierte Vorgehensweisen ein bedeutendes Risiko beinhalten. Kritisch sind auch waldbauliche Vorschriften und Richtlinien, die vereinheitlichend für Baumarten und Standorte gefasst sind und daher keinen Platz mehr für eine nach wissenschaftlichen Maßstäben gebotene flexible Waldbehandlung lassen.

- Die **Saatgutbereitstellung**, die eigentlich als Nutzung forstgenetischer Ressourcen besonders sorgfältig an den genetischen Notwendigkeiten orientiert sein müsste, ist in vielen Fällen längst nicht optimal. Immer noch gibt es eine Reihe von zugelassenen Beständen, die immer wieder beerntet werden, während andere wohl noch nie beerntet wurden. Inwieweit wirklich der gesamte jeweilige Erntebestand in die Beerntung einbezogen wird oder ob immer nur einige wenige und dann womöglich auch immer die gleichen Bäume beerntet werden, bleibt im Dunkeln. Das ZÜF-Verfahren in Baden-Württemberg und Bayern (ZÜF, Zertifizierungsring für überprüfbare forstliche Herkunft Süddeutschland e.V.) belegt allerdings, dass diesbezüglich überprüfbare und nachvollziehbare Verbesserungen möglich und praktikabel sind.

5 Perspektiven für die Zukunft

Bis hierhin wird deutlich, dass die Beeinträchtigung der genetischen Situation unsere Waldökosysteme aus vielerlei, sehr unterschiedlichen Faktoren besteht. Grundsätzlich ist sie Folge eines gesamtgesellschaftlichen Fehlverhaltens beim Umgang mit den Wäldern. Nicht verkannt werden darf, dass es sich zwar zum einen um Faktoren handelt, die forstlicherseits nicht beeinflussbar und verantwortbar sind, wie Immissionsbelastung oder Klimaveränderung, zum anderen aber sehr wohl Faktoren vorliegen, bei denen die Forstbetriebe einen gewichtigen Einfluss auf den Verlust genetischer Vielfalt haben. Dort, wo sie diesen Einfluss nicht haben, also vor allem bei den neuartigen Waldschäden, kann im wesentlichen mit den klassischen, im Konzept zur Erhaltung und Nutzung forstlicher Genressourcen beschriebenen Generhaltungsmaßnahmen versucht werden, unmittelbar Bedrohtes zu sichern. Der Bedarf an solchen Maßnahmen ist vermutlich geringer, als Mitte der 1980er Jahre zu befürchten und erwarten war, aber angesichts nicht abschätzbarer, latenter Gefährdungen durch Umweltbelastungen und Klimaveränderung auch wieder nicht zu unterschätzen. Insofern müssen Generhaltungsmaßnahmen auch auf das Ziel der Sicherung wertvoller Baum- und Straucharten bzw. deren genetischer Ausstattung ausgerichtet bleiben.

Die Erhaltung forstlicher Genressourcen kann für die Zukunft nicht nur bedeuten, dass die Auswirkungen neuartiger Waldschäden und der Klimaveränderung auf den Genpool und die Grundlagen der Forstwirtschaft gemindert oder ausgeglichen werden müssen, es muss auch auf die von den Forstbetrieben zu verantwortenden Anteile am Verlust

genetischer Vielfalt Einfluss genommen werden – und zwar deutlich stärker, als dies bisher gelungen ist. Im Einzelnen wäre – entsprechend der Aufzählung der Bedrohungen – an Folgendes zu denken:

- Die **Vernichtung seltener Waldgesellschaften** kann sicherlich in vielen Fällen verhindert werden. Dies ist einfach eine Frage der Bewertung und Abwägung. Dies ist aber auch ein Punkt, an dem die Forstgenetiker gefordert sind: Sie müssen Wert und Unersetzlichkeit solcher Waldgesellschaften deutlich machen und vermitteln. Vielleicht muss dies viel konkreter und aggressiver geschehen als zur Zeit. Zudem sollte auch die Forstgenetik sich dafür einsetzen, dass solche seltenen Waldgesellschaften eine gesicherte Entwicklung und ggf. auch Erneuerung erfahren.
- Der **Verlust von Vorkommen seltener Baum- und Straucharten** wäre mit Sachverstand und mit der Bereitschaft das Notwendige zu tun, praktisch immer zu verhindern, wenn den Handelnden der dafür nötige Raum gegeben wird.

Solange dem Verlust von Vorkommen seltener Arten nicht grundsätzlich Einhalt geboten werden kann, führt der Weg, den das Konzept für die konkrete Erhaltung seltener Arten aufzeigt, wohl zu unmittelbaren Erfolgen, da die örtlich und zeitlich begrenzten Erhaltungsmaßnahmen greifen können. Nach der Evaluierung solcher gefährdeter Vorkommen sind Erhaltungsmaßnahmen *in situ* und *ex situ* zusammen mit dem Waldbesitzer ein geeignetes Mittel zur Bewahrung ihrer genetischen Substanz.

Darüber hinaus müssen die Bewirtschafter der Wälder aber auch erkennen, dass die Vielfalt der Wälder auch die Vielfalt der Arten umfassen muss und dass die seltenen Baum- und Straucharten auf geeigneten Standorten besondere Berücksichtigung finden müssen. Aktive Förderung, auch durch Neubegründung von Beständen, ist notwendig, und der Entwicklung zur Uniformität der Wälder muss entgegen gearbeitet werden, auch wenn wir Wälder mit naturnahen Strukturen anstreben.

- Die **negativen Folgen des Einsatzes ungeeigneter Herkünfte** bei der Walderneuerung müssen den Praktikern deutlich gemacht werden. Soweit nicht Herkünfte zum Einsatz kommen, deren Leistungsfähigkeit nachgewiesen ist, sollten indigene, anpassungsfähige Herkünfte Verwendung finden. Die Verwendung nichtheimischer Herkünfte, die von ihrer Qualität her geeignet sind, sollte dort ihre Grenze finden, wo die Gefahr besteht, dass heimische Populationen dadurch zu weit zurückgedrängt werden und der gesamte Genpool eingeengt wird. Die Verwendung ungeeigneter Herkünfte verbietet sich von selbst, sie muss mit allen Mitteln unterbunden werden, und zwar bei allen Baum- und Straucharten.
- Die **Vermeidung genetischer Einengung durch waldbauliches Handeln** bei Pflege und Nutzung der Bestände erfordert entsprechende Kenntnisse über genetische Strukturen und Prozesse. Hier gilt es, weit mehr als bisher geschehen, den Einfluss waldbaulicher Maßnahmen auf die genetische Vielfalt zu untersuchen und zu klären. Das im Konzept zur Erhaltung und Nutzung forstgenetischer Ressourcen vorgeschlagene **genetische Langzeitmonitoring** muss auch deshalb durchgeführt werden, weil nur über langfristige Zeitreihen wirklich geklärt werden kann, welche Einflüsse auf die Vielfalt durch den Waldbau ausgeübt werden.

Darüber hinaus sollten genetische vergleichende Untersuchungen in Naturwaldzellen und -reservaten, Totalschutzgebieten einerseits und bewirtschafteten Wäldern andererseits, dazu beitragen, mehr Kenntnisse zu dieser Problematik zu bekommen. Auch Generhaltungswälder werden zukünftig geeignete Forschungsobjekte sein.

- Unabhängig davon muss der **Waldbau aus genetischer Sicht ungeeignete Maßnahmen vermeiden** und die Förderung der forstgenetischen Belange in seine Praxis einbeziehen. Die Gegebenheiten von Standorten und Beständen sind entsprechend flexibel zu nutzen.

Seitens der Forstgenetik muss entsprechendes Rüstzeug geschaffen werden, das dem Waldbau betreibenden Forstmann hilft, die forstgenetischen Ziele zu erkennen, im Einzelfall zu definieren und dann auch praktisch umzusetzen. Die Forstgenetik muss aktiver als bisher auf die Praxis zugehen und ihre notwendigerweise dann auch stichhaltig begründeten Forderungen einbringen. Ihr obliegt es, die Entscheidungsträger mit Sachkunde zu informieren und es ihnen zu ermöglichen, den waldbaulichen Rahmen so vorzugeben, dass er vor Ort in der Praxis ausgefüllt werden kann, um auf der Basis der Biodiversität sinnvoll nachhaltig die Wälder zu bewirtschaften.

- Die **natürliche Verjüngung genetisch minderwertiger Bestände** kann ohne Probleme vermieden werden und muss es auch. Aber auch hier müssen Forderungen der Forstgenetik deutlicher als bisher vorgetragen werden. Ausnahmslos muss gelten, dass Naturverjüngungen nur dort anzuwenden sind, wo die Ausgangsbestände qualitativ und genetisch in Ordnung sind. Naturverjüngungen müssen außerdem so gesteuert werden, dass vielfältige Möglichkeiten der Neukombination der genetischen Information des Altbestandes, aber auch die Repräsentation derselben in der Verjüngung erfolgen. Welche Verjüngungsmethode zum Einsatz kommt, hängt von den standörtlichen Gegebenheiten der jeweiligen Baumarten, aber auch von der Fruktifikation des Altbestandes ab. Alles in allem muss die Verjüngung die Voraussetzung für erfolgreiche Reaktionen der jeweiligen Population auf denkbare Belastungen biotischer oder auch abiotischer Ursachen bilden.

- Den **Forderungen, die aus genetischer Sicht an die Saatguternte** gestellt werden müssen, muss mehr Gehör verschafft werden. Die im Forstvermehrungsgut-Gesetz festgesetzten Standards sind als Mindestnormen zu verstehen. Zahl und Auswahl der beernteten Bäume müssen berücksichtigen, dass genetisch möglichst vielfältiges Saatgut aus dem jeweiligen Erntebestand gewonnen werden muss. Damit wird über die Mindestnormen des Gesetzes in der Regel deutlich hinaus zu gehen sein. Anders gesagt: Das, was das Forstvermehrungsgut-Gesetz noch als Mindestnorm erlaubt, ist weit von dem entfernt, was aus genetischer Sicht anzustreben ist.

Das ist vor allem: Beerntung vieler Bestände und immer wieder anderer zugelassener Bestände, Ausnutzen der Vollmasten und Beerntung einer möglichst großen Baumzahl je Erntebestand mit entsprechenden Saatgutmengen.

Auch hier ist es notwendig, den Anliegen der Forstgenetik mehr Gehör zu verschaffen. Sie sind vielfach unzureichend bekannt und gehen im komplizierten Verwaltungshandeln allzu leicht unter.

6 Fazit

Selbstverständlich gilt, dass als Grundlage für alles, was aus den vorgetragenen Überlegungen folgt, eine intensivere forstgenetische Forschung ebenso unverzichtbar ist wie eine flächendeckende, umfassende Evaluierung des genetischen Potenzials in den Wäldern. Dabei müssen im Forschungsbereich neben der populationsgenetischen Forschung und der Grundlagenforschung, die originäre Aufgabe der Universitäten sind, besonders solche aus der Praxis kommenden Fragen angegangen werden, die ganz konkrete Probleme betreffen, ohne deren Beantwortung man in der praktischen Arbeit im Walde nicht weiterkommt.

Dringend sind vermehrte Untersuchungen zur Erfassung der Variabilität bei allen Baumarten und wohl auch bei den Straucharten angeraten. Dazu sind sowohl morphologische, phänologische und physiologische als auch biochemisch-genetische und molekulargenetische Untersuchungen sinnvoll. Unerlässlich sind auch Anbau- und Herkunftsversuche, die das benötigte Grundlagenwissen erweitern.

Erst wenn es gelingt, abgesicherte Daten zur genetischen Struktur, zu Variabilität, Diversität etc. unserer Baum- und Straucharten in solchem Umfang vorzulegen, dass abgesichert beurteilt werden kann, welche Maßnahmen zur Generhaltung und zur Gewährleistung einer optimalen genetischen Ausstattung unserer Wälder notwendig sind und in welchem Umfang sie eingesetzt werden müssen, werden die Anliegen der Erhaltung der forstlichen Genressourcen in der Praxis umfassend Berücksichtigung finden. Nur wenn durch entsprechende Forschung belegt werden kann, wie sich forstliches Handeln langfristig auf die Überlebensfähigkeit der Wälder auswirkt, wird es erfolgreich möglich sein, Einfluss auf den praktischen Waldbau zu nehmen und zu erreichen, dass in der waldbaulichen Arbeit die genetischen Aspekte sichergestellt werden.

Das Ziel ist klar: Die Forstgenetik muss einen zentralen Platz im Waldbau erhalten. Das ist sicher sehr schwer, weil Waldbau – und auch die Lehre davon – emotionsgeladen und überwiegend konservativ ist. Intuition und Tradition spielen im deutschen Waldbau eine große Rolle und ersetzen manchmal die objektive Wissenschaft.

Die wissenschaftliche Grundlage des Waldbaus muss dennoch so umfassend gestaltet werden, dass die Forstgenetik ein wesentlicher Teil von ihr wird. Es muss gelingen, die Ergebnisse der genetischen Forschung in die Waldbehandlung einfließen zu lassen. Gewichtige Aufgabe für die Zukunft wird es sein, dafür Sorge zu tragen, dass einerseits die aktuell notwendigen Maßnahmen der Erhaltung aller wichtigen forstlichen Genressourcen getroffen werden, dass aber andererseits auch das forstliche Handeln der

Verantwortlichen den Erfordernissen nicht zuwiderläuft, die sich aus den Erkenntnissen der Forstgenetik ergeben. Diese Erfordernisse müssen wesentlich besser erforscht und bekannt gemacht werden, erst dann werden sie praktisch akzeptiert werden. Dies bedeutet auch, dass die Forschung noch intensiver und noch zielführender zwischen den Instituten abgestimmt werden muss, um die immer geringer werdenden finanziellen Mittel möglichst effektiv einzusetzen. Hier besteht eine wesentliche Aufgabe der **Bund-Länder-Arbeitsgruppe "Erhaltung forstlicher Genressourcen und Forstsaatgutrecht"**, die diesbezüglich vermehrt koordinierende Funktionen übernehmen muss.

7 Literaturverzeichnis

- ANONYMUS (1989):** Konzept zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland, erarbeitet von der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Erhaltung forstlicher Genressourcen“. *Forst und Holz*, 44.Jg., S.379-404.
- PAUL, M.; HINRICHS, T.; JANSSEN, A.; SCHMITT, H.P.; SOPPA, B.; STEPHAN, B.R. & DÖRFLINGER, H. (2000):** Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland. Sächsische Landesanstalt für Forsten (LAF) Pirna-Graupa (Hrsg.), ISBN 3-932967-25-9, 66 Seiten.

Anschrift des Autors:

FORSTDIREKTOR HEINZ PETER SCHMITT

Landesanstalt für Ökologie, Bodenordnung und Forsten Nordrhein-Westfalen,
- Forstgenbank -, Obereimer 2a

D-59821 Arnsberg

e-mail: heinz-peter.schmitt@loebf.nrw.de

Saatgut übersteht auch schlechte Zeiten

ALBRECHT BEHM

Keywords: Gene conservation, genetic diversity, seed, seed storage, germinative capacity

Abstract

Title of the paper: Seeds endure also adverse times.

The seed plays an important role in the conservation of species. Nature has equipped it with abilities which compensate the weak points of its parents in many respects. Because of these inherent abilities of surviving also under unfavorable conditions, the seed itself suits well as a means of gene conservation by man.

When forest damages caused by human activities became evident in the 70s and 80s of the past century, the long term storage of seeds appeared to be a sensible method for gene conservation. Storing technologies were refined. Numerous seed collections were stored.

The decrease of germinative capacity over time could not be prevented, however. By means of biochemical genetic investigations, it was found that this decrease was paralleled by a decrease in the genetic diversity.

If it is not possible to extend the germinative capacity substantially – respective attempts so far are not promising – the long term storage of seed will basically fail as a useful tool in the conservation of genetic resources in forestry.

Schlagwörter: Generhaltung, genetische Vielfalt, Samen; Samenlagerung, Keimfähigkeit

Zusammenfassung

Der Same spielt in der Erhaltung der Arten eine bedeutsame Rolle. Die Natur hat ihn mit Eigenschaften ausgestattet, die die Schwächen seiner Eltern in vieler Hinsicht kompensieren.

Wegen dieser naturgegebenen Fähigkeiten, auch unter ungünstigen Bedingungen zu überleben, bietet sich der Same als Objekt der Erhaltung von Genressourcen durch den Menschen an. Als in den siebziger und achtziger Jahren des 20. Jahrhunderts durch Menschen verursachte Waldschäden unübersehbar wurden, lag es nahe, die langfristige Lagerung von Samen für die Zwecke der Generhaltung einzusetzen. Lagertechniken wurden entwickelt. Umfangreiche Einlagerungen wurden geleistet. Zum Teil wurden die Lagertechniken noch verbessert.

Die zeitbedingte Abnahme der Keimfähigkeit konnte allerdings nicht verhindert werden. Mittels biochemisch-genetischer Analysen wurde festgestellt, dass die Keimverluste mit einem Schwund in der genetischen Diversität der Samenpartien einhergehen.

Wenn es nicht gelingt, die Lagertechniken nennenswert zu verbessern – bisherige Versuche sind nicht ermutigend –, scheidet die langfristige Samenlagerung als Instrument der Generhaltung im Forstbereich im Grunde aus.

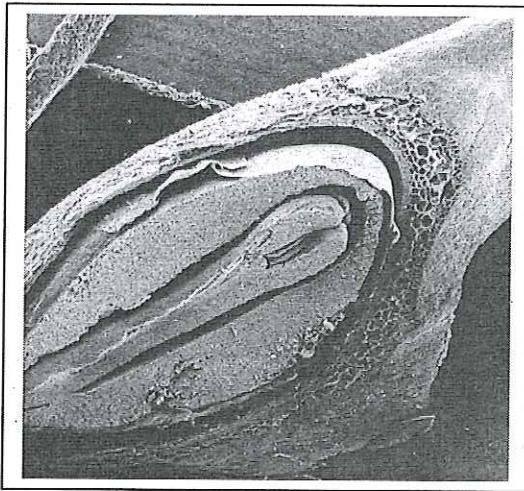
Das Samenkorn

Ein Samenkorn lag auf dem Rücken,
die Amsel wollte es zerpicken.
Aus Mitleid hat sie es verschont
und wurde dafür reich belohnt.
Das Korn, das auf der Erde lag,
das wuchs und wuchs von Tag zu Tag.
Jetzt ist es schon ein hoher Baum
und trägt ein Nest aus weichem Flaum.
Die Amsel hat das Nest erbaut;
dort sitzt sie nun und zwitschert laut.

Joachim Ringelnatz (1883-1934)

1 Der Same mit Accessoires – eine geniale Erfindung der Natur

Der Same steht für Neuanfang, die Chance auf Veränderung und birgt somit Überraschungen, wie die Amsel bei Herrn Ringelnatz sie erlebt.



Die drei Genome des Douglas-Samens:

- diploider Embryo
- haploider Megagametophyt
- diploide Samenschale

Abb. 1: Douglas-Samen (Foto [Maßstab x 40] L.E.Manning, Pacific Forestry Centre, Victoria, B.C. Kanada.

Fig. 1: Douglas- fir seed (photo [scale x 40] L.E. Manning, Pacific Forestry Centre, Victoria, B.C, Canada.

Mit großem Erfindungsreichtum hat die Evolution eine Fülle von Formen und speziellen Ausstattungen der Zapfen, Kapseln, Früchte, Fruchtblände, Samenschalen und Transportvorrichtungen entwickelt, die alle einem Ziel dienen, dem Ziel der

Arterhaltung. In aller Regel besteht der Same selbst aus drei Genomen (siehe hierzu Abb. 1). Langfristig sicher das wichtigste Genom ist das des diploiden Embryos; dieses ist sehr empfindlich und benötigt Schutzvorkehrungen gegen mechanische, biologische und klimatische Schädigungen in Form der Samenschale. Sehr häufig wird dem Embryo initiales Nährgewebe beigegeben, um den Keimungsprozess energetisch zu unterstützen. Die drei Genome des Douglas Samens zeigen diese Grundstruktur.

2 Erhaltung der Art

Jede Lebensform ist bemüht ihre Art mindestens zu erhalten, wenn möglich, sogar zu mehren. Diese Tatsache gilt für die einzelnen Arten von Lebewesen. Das Bestreben zur Erhaltung wohnt aber auch in den Lebensformen Samen und Pflanze. Die Erhaltungsstrategien unterscheiden sich dabei deutlich.

2.1 Der Baum

Unsere Waldbäume als vieljährige Lebewesen besitzen anatomische wie auch physiologische Eigenschaften, um ein hohes Lebensalter zu erreichen, welches an sich schon einen Fitness-Vorteil darstellt, indem es den einmal eroberten Standort langfristig erhält. Eine wichtige Entwicklung ist die Rinde, die in vielfältiger Weise den empfindlichen Bereich der Wachstumszellen gegen Trockenheit, Temperaturextreme oder mechanische Schäden schützt. Der Aufbau des Holzes ermöglicht große Baumhöhen bei der Konkurrenz um Sonnenlicht; außerdem sichern vielfache Inhaltsstoffe die Langlebigkeit des Holzes.

Viele Baumarten sind über Jahrhunderte fruchtbar und produzieren während ihres Lebens gewaltige Mengen an Samen.

Die Ortsgebundenheit des Baumes ist eher als Fitness-Nachteil anzusehen. Er kann einer Gefahr nicht ausweichen. Schließlich kann sich das Baumindividuum während seiner langen Lebenszeit nicht an sich ändernde Geofaktoren anpassen. Entweder es hält den Geofaktoren stand oder es geht unter.

2.2 Der Same

Strategisch gesehen kompensiert der Same in wichtigen Teilen die Schwächen des Baumes bei dem Gesamtbestreben der Arterhaltung. Im Rahmen der vorhandenen genetischen Vielfalt d.h. Anpassungsfähigkeit entsteht durch Rekombination der elterlichen Erbanlagen ein zeitnahes, an die dann wirkenden Geofaktoren angepasstes Baum-Individuum. Diese stufenweise Anpassung beim Generationenwechsel an sich

ändernde Umweltbedingungen haben bisher offensichtlich gereicht, um unsere Baumarten zu erhalten.

Die gewaltigen Mengen an Samen, die ein Baum während seines langen Lebens produziert, sind wohl das augenfälligste Kennzeichen der Arterhaltung. Dabei ist der Same der meisten Arten bei uns bei geringem Gewicht und mit diversen Flugvorrichtungen ausgestattet, hoch mobil, um möglichst neue, günstige Standorte zu erobern. Essbare Früchte oder Samen werden auch durch Tiere verbreitet.

Die Samen vieler Arten werden dosiert über Monate aus schützenden Kapseln oder Zapfen entlassen, jeweils bei gutem Flugwetter, d.h. bei Trockenheit.

Die Samenschale unserer Baumarten stellt einen physischen Schutz des empfindlichen Embryos dar. Das Endosperm der Koniferen z.B. ist eine Energiereserve für die Phase der Keimung. Hormonelle Steuerungen, häufig begleitet von physikalischen Faktoren wie z.B. dem Wassergehalt, verursachen Keimhemmung, die ein Überleben des Samens bei Erhalt der Keimfähigkeit zum Teil über Jahre ermöglicht. Damit wird das Risiko des Verlustes verringert, die Ausnutzung günstiger Wetterbedingungen verbessert.

Schwachstellen beim Samen für die Arterhaltung liegen in der Vielzahl von Organismen der Biozönose, die vom Samen leben. Auch Klimafaktoren wie Hagel, Dürre oder unzeitiger Frost können die Entwicklung von Samen begrenzen.

Schließlich sorgt der reine Zufall dafür, dass nur ein Bruchteil aller Samen keimt und schließlich noch zu einem erwachsenen Baum heranreift, der selbst wieder Samen bildet.

3 Samen in der Generhaltung

3.1 Nutzung der natürlichen Fähigkeiten *in situ*

In der Natur kommt dem Samen bei der Generhaltung eine Schlüsselrolle zu. Lange natürliche Verjüngungszeiträume ermöglichen die vollständige Weitergabe des gesamten Genpools der Eltern. Die ungeheuer große Zahl der produzierten Samen überkompensiert im „Normalfall“ den zufallsbedingten Verlust. Da die Samenbildung und die erfolgreiche Etablierung daraus entstehender Pflanzen unter den jeweils herrschenden Umweltbedingungen erfolgt, besteht die Möglichkeit der graduellen Anpassung an sich ändernde Bedingungen, sofern der vorhandene Genpool dies zulässt, er also über ausreichende Anpassungsfähigkeit verfügt. Im weiter gesteckten Kontext der Erhaltung des Lebens ist die übrige Biozönose weitgehend auf Samen angewiesen.

Die angesprochenen Anpassungsprozesse erlauben schrittweise Veränderungen. Ändern sich die Umweltbedingungen sehr schnell und sehr drastisch, entstehen Engpässe, wie

z.B. Pollenverluste durch SO₂ oder sprunghaft zunehmende Fitness von Schadorganismen mit schnelleren Anpassungsfortschritten.

Im Extremfall sterben die Elternbäume als Träger der Erbinformation ehe sie Nachkommen haben.

3.2 Gesteuerter Einsatz der natürlichen Fähigkeiten bei der *ex situ*-Erhaltung

Die natürlichen Eigenschaften des Samens im Sinne der Generhaltung können durch aktive Maßnahmen unterstützt und nennenswert verstärkt werden:

Ganz allgemein kann das zufallsbedingte Verlustrisiko verringert werden.

Die Keimfähigkeit kann durch schonende Trocknung und/oder durch hygienische Maßnahmen wie die Thermobehandlung verlängert werden.

Günstige, dabei gleichmäßige Lagerbedingungen – kühl oder kalt – verlängern die Keimfähigkeit ebenfalls substantiell.

Der große Vorteil beim Einsatz von Samen bei der Generhaltung liegt darin, dass wir Gewinnung, Aufbereitung und Lagerung beherrschen; sehr viele Genotypen können rationell und kostengünstig eingelagert werden.

Aber auch dieses Instrument stößt bald an Grenzen:

Bislang können nicht alle Arten erfolgreich, also bei lange andauernder Keimfähigkeit gelagert werden.

Es ist zu vermuten, dass jeder Verlust an Keimfähigkeit eine genetische Selektion darstellt.

Die Umweltfaktoren, unter denen diese vermutete Selektion stattfindet, sind andere als die Faktoren *in situ*.

Irgendwann endet für jeden Samen seine Keimfähigkeit.

4 Umsetzung des Konzepts der Bund-Länder-ARGE Erhaltung forstlicher Genressourcen - BLAG - in Bayern

1987 wurde das genannte Konzept (BLAG 1987; siehe auch BLAG 1989, BLAG 1997, BLAG 2000) vorgestellt und für die Zeit von 1989 bis 1992 ein konkretes Umsetzungsprogramm (BLAG 1988) aufgestellt. Die *ex situ* Lagerung von Samen wurde nahezu bei allen beteiligten Institutionen nennenswert eingesetzt.

Die seinerzeitige Bayerische Landesanstalt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (LSP), heute Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP) in

Teisendorf verfügte über notwendiges Wissen und Ausstattung, um das Generhaltungskonzept für Bayern umzusetzen. Geringe Mittelverstärkungen brachten hier Saatgut, Technologie und genetisches Instrumentarium auf einen zeitgemäßen Stand.

4.1 Doppellagerung

Die beiden Klengen des ASP in Bindlach bei Bayreuth für Nordbayern und Laufenerlebenau für Südbayern bieten günstige Gelegenheit zur Doppellagerung. Sie hilft, das Risiko des Verlustes ohne spezielle Zusatzvorkehrungen zu treffen, wie Notstromaggregate, Schutz vor Flugzeugabsturz oder sonstige Gebäudeschäden. Anfängliche Überlegungen zum Schutz gegen nukleare Gefahren wurden sogleich ⁺⁾wieder verworfen, weil für einen solchen Fall das Instrument der Samenlagerung nicht mehr effizient ist.

4.2 Lagertechnik ⁺⁾

Entwickelt wurde eine Datenbank mit Kennzeichnung jeder Partie einschließlich Eingabe der Ergebnisse der Saatgutprüfung aus der laufenden Überwachung.



Abb. 2: Langfristige Samenlagerung in Stapelkästen ^{*)}

Fig. 2: Long term seed storage in stacked boxes ^{*)}

Die Datenbank ermöglicht einen Ausdruck der Etiketten für die Verpackungen einschließlich Vergabe von Ordnungsnummern zur Kennzeichnung des Lagerortes.

^{*)} Die Bezugsquellen können beim Verfasser erfragt werden. / *The purchasing sources may be requested by the author*

Die Samen werden in lebensmitteltauglichen Drei-Schicht-Folien (PE–Alu–PE) unter leichtem Vakuum eingeschweißt. Neben einer rationellen Ausnutzung des Lagerraumes kann schon optisch festgestellt werden, ob die Verpackung noch dicht ist. Portioniert wird für die Saatgutprüfung, für Aussaatversuche und für die eigentliche Genreserve, jeweils in vorgefertigten Verpackungseinheiten. Für die gesonderte Portionierung der Proben für die Saatgutprüfung entschloss man sich, weil man überzeugt war, dass die fragwürdige Repräsentanz der Einzelproben leichter hinzunehmen sei als die Gefahr eines Qualitätsverlustes bei periodischem Öffnen der eigentlichen Genreserve.

Die Folienbeutel werden in frostgesicherten Stapelkästen aus Kunststoff gelagert. Regalsysteme erübrigen sich dadurch.

Gelagert wird bei -10 °C bzw. -20 °C , je nach Verträglichkeit. Diese Kaltzellen sind mit einer Frostsicherung im Boden ausgestattet, um auch langfristig die Gefahr von allmählichem Permafrost unter den Zellen zu vermeiden (Abb. 2).

4.3 Lagerstrategie – Beginn 1991

Aus dem bestehenden Samenlager der Betriebe Bindlach und Laufen wurden einige ältere Partien mit hoher Keimfähigkeit übernommen. Dies waren Fichte, Kiefer, Schwarzerle und Esche.

Ab 1991 wurden laufend Teilmengen aus allen regulären Samenernten bei mindestens Halbmast eingelagert. Es wurden ausschließlich Eigenernten berücksichtigt. Mögliche Rücklieferungen aus Pachtentschädigungen Privater wurden nicht in die langfristige Saatgutlagerung übernommen.

Die Möglichkeit gezielter Ernten für den Zweck der langfristigen Samenlagerung besteht zwar grundsätzlich, wird aber aus Kostengründen nicht praktiziert.

Die Keimfähigkeit des eingelagerten Saatgutes wird im Abstand von zwei bis drei Jahren überprüft. Sinkt die Keimfähigkeit auf nahe 0 %, wird es entfernt.

4.4 Lagermenge

Gelagerte Saatgutmengen sind mit Stand Frühjahr 2003 in der nachstehenden Tab. 1 aufgeführt.

Tab. 1: Samen in der langfristigen Lagerung, Stand Frühjahr 2003.
Seeds in long term storage, status spring 2003.

	<i>Lagerort</i>		Gesamt
	Laufen	Bindlach	
<i>Anzahl der Baumarten (n)</i>	21	23	24
<i>Anzahl der Herkünfte (n)</i>	63	71	73
<i>Lagereinheiten (n)</i>	339	400	739
<i>Gewicht (kg)</i>	950	1.107	2.057

4.5 Entwicklung der Keimfähigkeit

Die nachstehende Abb. 2 zeigt den Verlauf der Keimfähigkeit von eingelagertem Samen verschiedener Baumarten (von oben nach unten: Kiefer, Vogelkirsche, Fichte, Esche, Buche, Schwarzerle, Europäer-Lärche, Bergahorn und Weißtanne) über verschiedene Einlagerungszeiträume

Beobachtung:

Die Samen aus den Vorräten von vor 1991 wurden bei der Manipulation zum Teil aufgetaut (wegen Transport) und wieder eingefroren. Bis auf Fichtensamen führte diese Behandlungsweise zu markanten Keimverlusten.

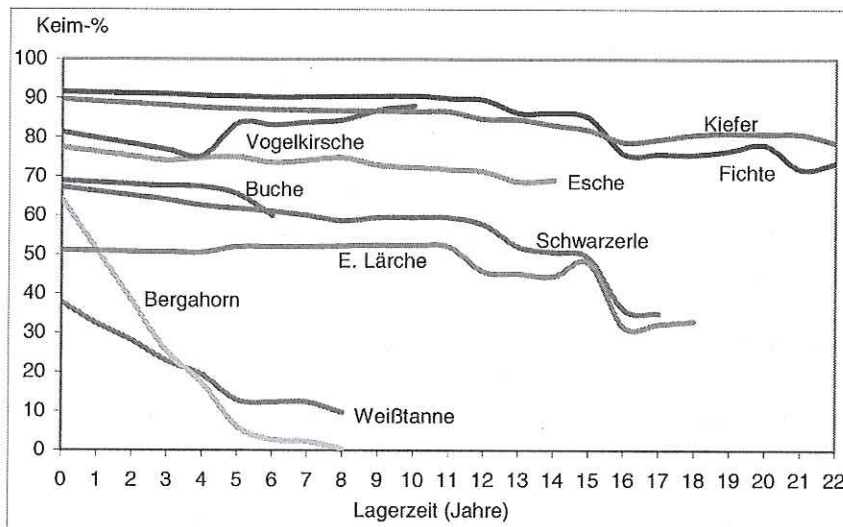


Abb. 2: Verlauf der Keimfähigkeit.

Fig. 2: Development of germinative capacity.

4.6 Überführung

In einem Fall trat bei der Versorgung mit Hochgebirgssaatgut von Lärche ein Engpass auf. In diesem Fall wurde nach kritischer Abwägung die eingelagerte Partie ausgesät. Weitere Nutzungen der langfristig eingelagerten Samen unterblieben.

5 Weitere Untersuchungsergebnisse aus der langfristigen Lagerung von Samen am ASP

5.1 Lagerbedingungen

Da der Verlust an Keimfähigkeit in jedem Fall einen Substanzverlust darstellt, wurden in ersten Schritten die Lagerbedingungen überprüft und optimiert. Speziell bei Bergahorn wurden Verbesserungen erhofft.

Beobachtung:

Die günstigste Variante ergab: 23% Wassergehalt des Bergahornsamens bei -10°C Lagertemperatur ergibt nach 5 Jahren ein Keimprozent von 52% bei anfänglichem Keimprozent von 81 (HERGET 1999)

5.2 Isoenzymuntersuchungen

Als nächstes wurde der Frage nachgegangen, ob es besonders empfindliche Genotypen sind, die als erste ausfallen oder ob die Ausfälle genetisch gesehen rein zufällig erfolgen.

Beobachtung:

Die begleitende Isoenzymuntersuchung zeigte bereits nach drei Jahren Lagerung (bei einem Keimprozent von 69) einen Rückgang der genetischen Diversität von 30 auf 19 an den 11 gemessenen Genorten (Bezug der Zahlen auf die hypothetisch gametische Multilocus-Diversität v_{gam}). Die Genorte wurden unterschiedlich stark betroffen.

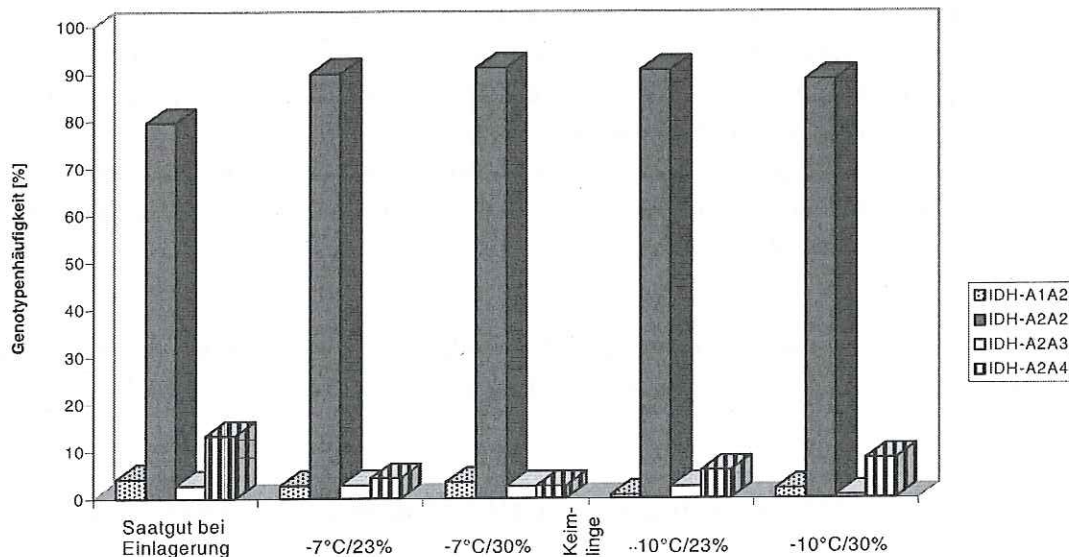


Abb. 3: Genotypische Häufigkeiten am Genort IDH-A in Bergahorn-Saatgut und Keimlingen nach dreijähriger Lagerung unter unterschiedlichen Bedingungen (KONNERT 1999).

Fig. 3: Genotypic frequencies at gene locus IDH-A in seeds and seedlings of Sycamore maple (*Acer pseudoplatanus*) following a storing period of 3 years under different conditions (KONNERT 1999).

Daraus lässt sich folgern:

- Verluste bei der Keimfähigkeit sind nicht nur ein Mengenverlust an der Zahl der Keimlinge, sondern führen auch zu einem Rückgang der genetischen Variation in den Keimlingspopulationen im Vergleich zu den Embryopopulationen.
- Damit wird das eigentliche Ziel der Generhaltung – Erhaltung der ursprünglichen genetischen Variation – bei dieser Baumart nicht erreicht.

6 Wohin sollen wir weiter gehen?

Zunächst sei kurz daran erinnert, was die ursprüngliche Arbeitshypothese bei der langfristigen Samenlagerung war:

- Der Pollen wird akut durch SO_2 geschädigt.
- Es ist ungewiss, welche weiteren Schäden kommen.
- Kurzfristig nehmen Schädigungen noch zu.
- Nach Identifizierung der Schäden und ihrer Ursachen besteht Aussicht, dass wirkungsvolle Gegenmaßnahmen greifen.

Folgerung:

Bis zu diesem Zeitpunkt der Verbesserung kann die langfristige Samenlagerung für die Erhaltung forstlicher Genressourcen eingesetzt werden.

Die tatsächliche Entwicklung verlief jedoch etwas anders:

- Der Ausstoß von SO_2 aus Kraftwerken in die Atmosphäre wurde tatsächlich durch Filter kurzfristig wie drastisch reduziert.
- Andere Verbindungen, vor allem NO_x und CO_2 aus Verbrennungsmotoren nehmen aber weiterhin zu. Über etwaige selektive Einflüsse dieser Verbindungen bei der Bildung von Samen ist uns nichts bekannt.
- Mit einer Reduktion dieser Verbindungen in der Atmosphäre ist für die Zeitdauer nicht zu rechnen, in der Saatgut unserer Waldbäume für Zwecke der Generhaltung eingelagert werden kann.

Folgerung:

Langfristige Lagerung von Samen der Waldbäume für Zwecke der Generhaltung erscheint zumindest bei den derzeitigen Lagertechniken nicht zielführend.

6.1 Wie geht die Landwirtschaft mit dem Instrument um?

Samen und Pflanzenteile annualer Pflanzen – typisch für die Landwirtschaft – können durch wiederholten Anbau möglicherweise in ihrer Erbsubstanz erhalten werden. Es gibt weltweit große landwirtschaftliche Genbanken, die so verfahren.

6.2 Sollen wir mit Samen in der forstlichen Generhaltung weiterarbeiten?

Die bisher verfolgte Strategie lief folgendermaßen ab: Mit mäßigem Aufwand, aber verknüpft mit erheblichen Erwartungen haben wir Saatgut langfristig eingelagert. Bevor es aktiv in der Generhaltung eingesetzt werden musste, verlor es soviel an genetischer Substanz bis hin zum völligen Verlust seiner Keimfähigkeit, dass es aufgegeben werden musste.

Um die Lagerfähigkeit zu verlängern, werden in gewissem Umfang Verbesserungen bei der Samenernte, der Aufbereitung und der Lagerung für möglich gehalten. Besondere Hoffnungen werden immer noch in die Kryolagerung von Pollen, Samen und Pflanzenteilen gesetzt, obwohl die bisherigen Ergebnisse trotz hohem Aufwand noch nicht sehr ermutigend sind.

Zuvor sollte aber verantwortungsvoll geprüft werden, ob die Erhaltung forstlicher Genressourcen mittels langfristiger Samenlagerung überhaupt angemessen und zielführend ist.

Die derzeitige Antwort auf das Thema lautet:

Samen überstehen wohl schlechte Zeiten; doch leider reicht dieses Überleben nicht so lange, wie es nach unseren Vorstellungen nötig wäre.

7 Ausblick

Bei der ursprünglichen Erarbeitung eines Konzeptes zur Erhaltung forstlicher Genressourcen durch die Bund-Länder-Arbeitsgemeinschaft in den 1980er Jahren erkannte man schon sehr schnell, dass die eigentliche Genbank der Wald ist. Je weiter man sich mit technischen Maßnahmen von dieser Grundlage entfernt, um so aufwändiger, kostenträchtiger, wirkungsloser und risikoreicher werden diese Maßnahmen.

Die Erfahrungen mit der langfristigen Samenlagerung bestätigen dieses Wissen.

Es bleibt dabei: Forstliche Genressourcen werden nur dann erhalten, wenn der Mensch in seinem gesamten Handeln die Natur aktiver berücksichtigt, wenn er sich nicht mehr über sie erhebt, sondern sich als Teil in sie einfügt. Diese Aufgabe beginnt weit oberhalb forstlichen Handelns.

8 Literaturverzeichnis

- BLAG (1987)** [BUND-LÄNDER-ARBEITSGRUPPE „Erhaltung Forstlicher Genressourcen“]: Konzept zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland. Großhansdorf, 159 Seiten.
- BLAG (1988)** [BUND-LÄNDER-ARBEITSGRUPPE „Erhaltung Forstlicher Genressourcen“]: Vierjahres-Programm zur Umsetzung des Konzeptes zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland (1989–1992).
- BLAG (1989)** [BUND-LÄNDER-ARBEITSGRUPPE „Erhaltung Forstlicher Genressourcen“]: Konzept zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland. Forst und Holz, 44.Jg., Heft Nr.15, S.379–404.
- BLAG (1997)** [BUND-LÄNDER-ARBEITSGRUPPE „Erhaltung forstlicher Genressourcen“]: Concept for the Conservation of Forest Genetic Resources in the Federal Republic of Germany. *Silvae Genetica*, 46, S.24–34.
- BLAG 2000** [BUND-LÄNDER-ARBEITSGRUPPE „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“]: Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland. Sächsische Landesanstalt für Forsten (LAF) Pirna (Hrsg.), ISBN 3-932967-25-9, 66 Seiten.
- HERGET, J. (1999)**: Bergahornstaatgut – Bevorratung, Lagerung, Stratifikation und Aussaat im Betrieb Laufen. Vortrag anlässlich der internationalen Darrleitertagung in Teisendorf, 18.–22. Mai 1999.
- KONNERT, M. (1999)**: Populationsgenetische Änderungen bei der Saatgutlagerung, Vortrag anlässlich der internationalen Darrleitertagung in Teisendorf, 18.–22. Mai 1999.

Anschrift des Autors:

LTD. FORSTDIREKTOR ALBRECHT BEHM

Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP Teisendorf)

Forstamtsplatz 1

D-83317 Teisendorf

e-mail: albrecht.behm@foasp-bgl.bayern.de

Seed Orchards as a Tool in Tree Improvement and Conservation of Forest Gene Resources

VELITCHKO GAGOV, FRITZ BERGMANN & BERNHARD HOSIUS

Schlagwörter: Forstpflanzenzüchtung, Samenplantage, Plusbaum, Isoenzym-Genmarker, genetische Diversität, Heterozygotie, Weißtanne, *Abies alba*

Zusammenfassung

Titel des Beitrags: Samenplantagen als Instrument der Forstpflanzenzüchtung und der Genressourcenerhaltung.

Die Domestizierung von Waldbaumarten erfolgte zumeist durch Selektion geeigneter Bestände und/oder einzelner Bäume für die Gewinnung von Vermehrungsgut, wobei die spezifischen Kriterien der Forstpflanzenzüchtung beachtet wurden. Die Selektion von Einzelbäumen in verschiedenen Beständen basierte auf mehreren phänotypischen Merkmalen, deren Ausprägung eine Überlegenheit gegenüber den anderen Bestandsgliedern aufwies; und daher wurden diese Bäume auch als sog. Plus-Bäume bezeichnet. Derartige Plus-Bäume, aber auch Sämlinge von ausgewählten Familien, wurden zur Anlage von Samenplantagen verwendet. Obwohl solche Samenplantagen viele Vorteile besitzen, z.B. im Hinblick auf die Produktion von verbessertem Vermehrungsgut oder die *ex situ*-Konservierung von gefährdeten forstlichen Genressourcen, dürfen aber auch potenzielle Nachteile, wie z.B. der Verlust an genetischer Diversität oder das Auftreten von Inzucht nicht übersehen werden. Eine Möglichkeit zur Abschätzung der genetischen Konsequenzen solcher Züchtungsmaßnahmen besteht in der Überprüfung der genetischen Strukturen in den Eltern- und Nachkommen-Kollektiven sowie in den Ausgangsbeständen, mit Hilfe von Genmarkern, wie z.B. DNA- oder Isoenzym-Polymorphismen. Um eine solche Vorgehensweise zu demonstrieren, wurden die Isoenzym-Polymorphismen von sechs Enzymsystemen in dem Klonkollektiv und ihrem Saatgut einer Weißtannen-Samenplantage (*Abies alba* Mill.) von Bulgarien bestimmt. Gleichzeitig wurden diese Polymorphismen auch in den Ausgangsbeständen, die sich in Bulgarien, Mazedonien und Griechenland befinden, analysiert.

Ausgehend von den isoenzymatischen Gen- und Genotyphäufigkeiten innerhalb aller Kollektive wurden dann die genetische Diversität, die Heterozygotie und der Fixierungsindex berechnet und die resultierenden Werte aller Kollektive miteinander verglichen. Abschließend wurden die Ergebnisse diskutiert und daraus die betreffenden Schlussfolgerungen gezogen.

Keywords: Tree improvement, seed orchard, plus-tree, isozyme gene marker, genetic diversity, heterozygosity, European silver fir, *Abies alba*

Abstract

The domestication of forest tree species was largely achieved by selection of whole stands and/or individual trees for the procurement of seed crop obeying particular principles of tree improvement. The selection of individual trees in different stands was based on several superior phenotypic traits, and these trees were then termed plus-trees. Mostly such plus-trees, but also seedlings from selected families, were used for the establishment of seed orchards. Although seed orchards possess many advantages with respect to the production of improved seed crop or the *ex situ* conservation of endangered forest gene resources, there are also some disadvantages concerning the loss of genetic diversity or the occurrence of

inbreeding. One possibility to assess the genetic consequences of such breeding procedures is the examination of genetic structures in the parent and progeny collection of the seed orchard as well as the random tree collection of the source populations by the aid of gene markers, such as isozyme or DNA polymorphisms.

In order to demonstrate such a proceeding, isozyme polymorphisms of six enzyme systems were assayed in the clone collection and its seed crop of a silver fir (*Abies alba* MILL.) seed orchard in Bulgaria as well as in tree collections from the source populations in Bulgaria, Macedonia and Greece. Based on the isozyme gene and genotype frequencies within each of the collections, values of genetic diversity, heterozygosity and fixation index were calculated and the resulting data sets were compared among all collections under study. Finally, all results and relationships were discussed and the corresponding conclusions drawn.

1 Introduction

Forests usually cover areas that are heterogeneous in space and time. The adaptation of forest tree communities to these heterogeneous areas requires a particular composition of tree species in the community and a well-developed genetic structure in the single species. Both have been the result of long-term evolutionary processes, such as selection, migration, mutation, hybridization, and genetic drift. Most indigenous tree populations have been found to contain considerable genetic diversity while a few others are relatively uniform (for review, see MITTON 1995). Unfortunately, human activities have negatively affected the development of many forests in most parts of Europe, especially the industrial pollution of air and soil generally impaired the vitality and regeneration of trees. As a consequence, a decline of several tree species and a genetic impoverishment of many tree populations could be observed (SCHOLZ *et al.* 1989).

Since the modern human society demands the maintenance of stable forest ecosystems as well as an increasing production of timber, the foresters are obliged to take care of the still existing, more or less natural, tree communities, in particular to enhance the fructification of seed stands, to perform the *in situ* conservation of valuable populations and to establish *ex situ* plantations and seed orchards. Such orchards are composed of different clones or seedlings and are established at different locations.

In the following report the composition of seed orchards as well as their advantages and disadvantages compared to tree stands are outlined. Additionally, the genetic diversity, heterozygosity and the degree of inbreeding in European silver fir (*Abies alba* MILL.) seed orchards of Bulgaria were presented.

2 Means for improvement of forest reproductive material

In contrast to agricultural crop species, forest tree species are mostly existing as wild populations, the domestication of which is restricted to selection of whole stands or individual trees, which are used as clones *e.g.* in seed orchards. The criteria for these artificial selection processes have been developed continuously and in the mid 20th century several breeding strategies have been launched in Europe. Seed production stands have been selected following regional principles, especially regarding the population size and the avoidance of inbreeding. Individual trees were selected with respect to their vitality, height and diameter growth, stem form, crown size etc., and they were often termed “**plus-trees**”. Various plus-trees of one (mostly coniferous) species were selected in different populations for the establishment of seed orchards. The preference of seed stands or seed orchards is depending on several aspects of forest tree improvement of which a high degree of naturalness of stands and a great number of seed trees favour seed crops from this source, whereas small relic populations with limited fructification require the establishment of seed orchards to ensure the production of sufficient and genetically diverse seed material (HOSIUS *et al.* 2000). In addition to the general purpose of seed crop procurement, seed crop stands and in particular seed orchards are used as a means for the conservation of valuable forest gene resources especially in the light of the rapid decline of many forest tree communities (ANONYMUS 1989).

3 Advantages and disadvantages of seed orchards

Traditional tree breeding is partly based on some form of seed production in orchards expecting higher yield and superior quality of the resulting plants as compared to seed crop from stands. Besides the advantages of this step of tree domestication, there are also some disadvantages, which should not be overlooked. Seed orchards may be composed of vegetatively propagated progenies (ramets) from plus-trees and are then termed “**clonal seed orchards**”, whereas seed orchards containing generative progenies are termed “**seedling seed orchards**”.

The advantages of both orchard types are manifold and have been explored in several studies (FAULKNER 1975). The inclusion of a large number of individuals selected in many populations may guarantee high genetic diversity besides the already mentioned higher yield of the crop. The seed orchard design is developed to ensure largely outcrossing pollination expecting higher heterozygosity of the seeds produced (but see the results of HOSIUS *et al.* 2000). For practical purpose, cone collection is facilitated in orchards due to the lower growth and special crown formation of the vegetative descendants. Whereas the clonal seed orchards often produce seed crop after a short period of time since the vegetative descendants possess the physiological status of the mature parents, the maturity of seedling seed orchards requires a longer period of time.

On the other hand, the establishment of the latter type of orchard is by far easier and economically cheaper.

There are several disadvantages associated with seed orchards that have been neglected in former studies. Many older orchards contain only a limited number of clones that caused, together with higher selection intensity, a narrowing of the genetic base of the seed crop. Furthermore, clone mixtures originating from different parts of a species' range may achieve no synchrony in their flowering period, which enhances self-pollination of the individual itself or among ramets of the same clone. A higher genetic diversity of seed crop, although undesirable, may occur by gene flow from neighbour populations due to a too low isolation of the orchard from stands with the same species. In some cases the sampling of non-suitable scions from old trees for grafting resulted in a total lack or a strong restriction of fructification of the orchard clones. Especially in seedling seed orchards the survival rate of individuals belonging to different families can differ and their fertility may also be limited.

Although seed orchards are primarily destined to enhance the genetic gain involved in quantitative traits, such as yield or vitality, the maintenance of genetic diversity throughout the polymorphic part of the species' genome is of crucial importance. It is a prerequisite for the adaptability of the resulting tree collections to spatially and temporally varying environments. Increasing the effective population size in orchards may be a possibility to enhance the diversity, however, it appeared to be necessary to directly determine the level of genetic diversity and heterozygosity of the orchard clones and their seed progenies in order to detect the weaknesses in older orchards and to avoid them in future orchards. Such a diversity determination is now possible by the use of genetic markers, such as isozyme or DNA polymorphisms. For this reason, the genetic diversity and heterozygosity of clones and their seed progenies from a silver fir seed orchard of Bulgaria are presented in the following chapter.

4 Analysis of genetic structure and diversity in Bulgarian fir populations and the seed orchard Staro Oryahova

Silver fir was in former times an important constituent of many natural forest tree communities in mountainous areas of central, eastern and southern Europe. It was believed to have some function as stabilizing component in mixed forests of beech and spruce. Its exploitation due to the great demand for its valuable timber, together with some susceptibility to extreme climatic conditions, have led to a drastic decline of this species in central and eastern European areas (KORPEL *et al.* 1982). In the light of reintroduction of this species into its natural range, it appeared to be worthwhile to investigate its genetic structure and diversity as well as to combine the still existing parts of its gene pool in several seed orchards (HOSIUS *et al.* 2000, MAURER *et al.* 2002).

The beginning of phenotypic surveys and plus-tree selection in various fir populations of Bulgaria, Macedonia and Greece was in the seventies of the last century (GAGOV 1983, 1985; PLUGTSCHIEVA *et. al.* 2003). Based on the well-known criteria, 4-6 plus-trees from each of 68 populations of these countries were chosen and their ramets included in the first seed orchard in Bulgaria (Staro Oryahova). This procedure was believed to cover most of the fir gene pool in this region as well as to provide viable and genetically improved seed crop. In order to minimize the above-mentioned disadvantages of orchards, the plus-tree ramets were supplemented with seedlings from selected half-sib families in this orchard.

Tab. 1: Genetic structure of the populations in all the loci studied by applying isozyme analysis.
Genetische Struktur der Populationen an allen isoenzymatisch untersuchten Genorten.

Mountain	Origin				Parameters	
	Populations	M	Altitude	N	v	delta
1	2	3	4	5	6	7
I. Rila	1. Borovetz	buds	800-1.400	88	1.426	0.300
II. Pirin	1. G. Delchev	buds	1.100-1.400	66	1.413	0.295
III. Rhodopes	1. Yundola	buds	1.400-1.650	26	1.505	0.342
	2. Rakitovo	buds	850-1.300	92	1.498	0.334
	3. Pamporovo	buds	1.100-1.300	31	1.501	0.339
	4. Smolyan	buds	1.100-1.300	31	1.391	0.286
	5. Zhenda	buds	650-1.100	74	1.394	0.285
	6. Kirkovo	buds	600-800	64	1.424	0.300
IV. Slavyanka	1. Katuntzi	buds	1.300-1.500	48	1.464	0.320
V. Stara planina	1. Ribaritzha	buds	1.200-1.600	55	1.364	0.270
	2. Kipilovo	buds	450-550	45	1.548	0.358
VI. Seed orchard						
	1. grafts	buds	200	661	1.379	0.275
	2. seeds	embryos		14	1.447	0.319

Legend:

- M** – type of material studied;
- N** – number of trees studied;
- v** – gene diversity;
- delta** – total population differentiation

Such a mixed clonal and seedling seed orchard was expected to enhance the genetic diversity and the quality of the resulting seed crop. The former expectation was then examined by large-scale isozyme analyses of the orchard clones (and seedlings), the produced seed crop and, for comparison, the old trees in the source populations.

In order to determine the values of genetic diversity measures, it is necessary to analyse the genetic structure (*i.e.* allele and genotype frequencies) of the tree and seed samples. For this purpose, the isozyme phenotypes of six enzyme systems glutamate oxaloacetate transaminase (GOT, EC 2.6.1.1), phosphoglucose isomerase (PGI, EC 5.3.1.9), malate dehydrogenase (MDH, EC 1.1.1.37), isocitrate dehydrogenase (IDH, EC 1.1.1.42), phosphogluconate dehydrogenase (6PGDH, EC 1.1.1.44), and menadione reductase (MNR, EC 1.6.99.2) were scored for each individual by means of starch-gel zone electrophoresis. Based on the already identified genetic control of these systems, it was possible to assign a multilocus isozyme genotype to each tree, clone, seedling or seed embryo (methodical details of isozyme analysis and inheritance studies in silver fir have been published by HUSSENDÖRFER *et al.* 1995). The allele frequencies (data are not presented here) determined for 11 populations and the seed orchard Stara Oryahova showed some heterogeneity, however, the predominant allele at all loci appeared to be identical for all population samples.

Based on the allele frequencies scored, the genetic diversity measures v^2 ($v^2 = 1/\sum p_i^2$) and delta ($\delta_T = N/N-1 (1 - \sum p_i^2)$) were calculated and the respective values compared (*cf.* Tab. 1). Both data sets show a great similarity among the silver fir populations, and also the values of the seed orchard samples do not markedly differ from those of the population samples. Interestingly, the diversity of seed embryos sampled from 14 clones exceeds that of the clone collection (Tab. 1), indicating an increase in diversity from the parent clones to the seed progenies. Based on both the allele and the genotype frequencies, the expected (H_e) and the observed (H_o) heterozygosities were calculated and the fixation index F determined from these two parameters ($F = 1 - H_o/H_e$).

The respective values, listed in Tab. 2, show that in most of the populations H_e exceeds H_o resulting in a positive F value, which might indicate some inbreeding effect.

Only the provenance Katuntzi from the Slavyanka Mts. (regarded as a hybrid fir, *Abies borisii-regis*) and the orchard clone samples (analysed by buds or haploid endosperms) reveal a higher value of H_o than H_e , which leads to negative F values (*cf.* Tab. 2). In contrast to the clones, the embryos of the seed crop exhibit a by far higher value of H_e than H_o and consequently show the highest fixation index ($F = 0.248$) in this test material (Tab. 2).

Tab. 2: Expected (H_e) and observed (H_o) heterozygosity and fixation index (F) for the loci studied by applying isozyme analysis.

Erwartete (H_e) und beobachtete (H_o) Heterozygotie und Fixierungsindex (F) für die isoenzymatisch untersuchten Genorte.

<i>Mountains</i>			<i>Parameters</i>		
Populations	M	N	H_o	H_e	F
1	2	3	4	5	6
<i>I. Rila</i>					
1. Borovetz	buds	88	0.278	0.302	0.079
<i>II. Pirin</i>					
1. G. Delchev	buds	66	0.273	0.295	0.075
<i>III. Rhodopes</i>					
1. Rakitovo	buds	92	0.277	0.334	0.171
2. Pamporovo	buds	31	0.281	0.339	0.171
3. Smolyan	buds	31	0.255	0.283	0.099
4. Zhenda	buds	74	0.272	0.283	0.039
5. Kirkovo	buds	64	0.260	0.300	0.133
<i>IV. Slavyanka</i>					
1. Katuntzi	buds	48	0.336	0.320	-0.050
<i>V. Stara planina</i>					
1. Kipilovo	buds	45	0.317	0.358	0.115
<i>VI. Seed orchard</i>					
1. grafts	buds	656	0.277	0.275	-0.007
2. seeds	endosperm	14	0.325	0.315	-0.030
	embryos	14	0.231	0.300	0.248

Legend:

- M – type of material studied;
- N – number of trees studied;
- H_o – observed heterozygosity;
- H_e – expected heterozygosity;
- F – fixation index (inbreeding coefficient)

This may serve as an indicator for a considerable degree of inbreeding. Since the above-given values of H_e , H_o and F are means obtained by averaging the single values of the different isozyme loci, it appeared to be meaningful to compare the values of the single loci among the fir populations and the orchard clones. As can be seen from Tab. 3, the orchard clone sample possesses most of the negative F values at the isozyme loci studied as compared to the source populations.

Tab. 3: Expected (H_e) and observed (H_o) heterozygosity and inbreeding index (F) in the isozyme gene loci in the populations under study.

Erwartete (H_e) und beobachtete (H_o) Heterozygotie und Inzuchtkoeffizient (F) an den untersuchten Isoenzym-Genorten in den untersuchten Populationen.

Population	Loci						
	IDH-A	IDH-B	MNR-A	6PGDH-A	6PGDH-B	PGI-A	PGI-B
Borovetz							
H_e	0.500	0.456	0.237	0.365	0.108	0.237	0.209
H_o	0.477	0.375	0.205	0.386	0.091	0.205	0.205
F	0.046	0.178	0.135	-0.058	0.157	0.135	0.019
Rakitovo							
H_e	0.465	0.421	0.296	0.269	0.177	0.377	0.335
H_o	0.424	0.293	0.293	0.209	0.152	0.348	0.217
F	0.088	0.304	0.010	0.223	0.141	0.077	0.352
Goce Delchev							
H_e	0.389	0.474	0.300	0.290	0.128	0.337	0.144
H_o	0.333	0.364	0.273	0.348	0.136	0.303	0.152
F	0.144	0.232	0.090	-0.200	-0.063	0.101	-0.056
Smolyan							
H_e	0.379	0.405	0.334	0.259	0.128	0.381	0.097
H_o	0.387	0.355	0.345	0.167	0.133	0.300	0.100
F	-0.021	0.123	-0.033	0.355	-0.039	0.213	-0.031
Kirkovo							
H_e	0.278	0.344	0.196	0.209	0.326	0.464	0.285
H_o	0.281	0.281	0.219	0.203	0.250	0.313	0.274
F	-0.011	0.183	-0.117	0.029	0.233	0.325	0.039
Kipilovo							
H_e	0.548	0.490	0.312	0.310	0.250	0.217	0.380
H_o	0.467	0.467	0.333	0.244	0.200	0.200	0.311
F	0.148	0.047	-0.067	0.213	0.200	0.078	0.182
Pamporovo							
H_e	0.418	0.373	0.389	0.317	0.123	0.419	0.336
H_o	0.516	0.290	0.323	0.258	0.129	0.194	0.258
F	-0.234	0.223	0.170	0.186	-0.049	0.537	0.232
Jenda							
H_e	0.480	0.359	0.235	0.292	0.091	0.384	0.142
H_o	0.432	0.365	0.175	0.324	0.095	0.378	0.135
F	0.100	-0.017	0.255	-0.110	-0.044	0.016	0.049
Slavyanka							
H_e	0.492	0.399	0.281	0.357	0.000	0.434	0.277
H_o	0.458	0.292	0.333	0.458	0.000	0.542	0.271
F	0.069	0.268	-0.185	-0.283	0.000	-0.249	0.022
Staro Oryahovo							
H_e	0.382	0.460	0.127	0.378	0.066	0.342	0.173
H_o	0.409	0.393	0.133	0.427	0.068	0.359	0.149
F	-0.071	0.146	-0.047	-0.130	-0.030	-0.050	0.139

Legend:

- H_o – observed heterozygosity;
- H_e – expected heterozygosity;
- F – fixation index (inbreeding coefficient)

5 Discussion and conclusion

Since most of the forest tree species are existing as wild populations, the first step of their domestication consists of selection of whole stands or single trees which are used as plus-trees for the establishment of seed orchards. Both selection strategies possess advantages and disadvantages, and the preference of one of these strategies depends on the species studied, the breeding goal desired and the forest management rules of the respective country. Forest tree species that underwent a strong decline in the past, such as the European silver fir, are predominant candidates for selection and conservation procedures. However, it must repeatedly be investigated which type of selection will result in the highest diversity between both the old trees of the parent population and the seed/seedlings produced in that population. Genetic diversity in seed orchards can be higher or lower than that in the source populations where the plus-trees are selected. Whether it is higher or lower depends on the gene frequency of source populations and the way of sampling. If, for instance, the gene frequencies are the same in all source populations, the genetic diversity in the seed orchard will at best be at the same level. If the gene frequencies are very different in the source populations, the orchard always attains the highest possible diversity, provided that sufficient plus-trees are drawn from all populations.

These theoretical considerations depend on a lot of details involved in the establishment of seed orchards. One of these refers to the number of clones and/or ramets per clone to be included in the orchard. Another important aspect is the phenological rhythm of the clones belonging to different populations, which may induce preferential mating among individuals from the same source population. Preferential mating among ramets of the same clone or among trees from the same half-sib families will result in strong inbreeding, the depression of which may appear in the resulting seed crop. To assess the effects of the breeding system in orchards, an experimental investigation using gene markers should accompany all procedures.

Another important result refers to the relatively high genetic load, *i.e.* high proportion of lethal or sublethal recessive alleles, in conifer species, which may lead to a considerable portion of sterile and/or nonviable seeds after fertilization. Using isozyme markers, ALTUKHOV and co-workers have detected positive relationships between the individual heterozygosity of parent trees and the proportion of nonviable seeds among their seed progenies in several conifers (ALTUKHOV *et al.* 1987, ALTUKHOV 1990). Based on these findings HOSIUS *et al.* (2000) have proposed a new concept for the establishment of seed orchards that is believed to include all essential aspects concerning genetic diversity, heterozygosity and genetic load among the plus-trees and their progenies.

Tab. 4: Parameters of genetic diversity of autochthonous populations and clone collections of *Abies alba* from Bulgaria and Germany.
Parameter der genetischen Diversität von autochthonen Vorkommen und Klonsammlungen von Weißtanne (Abies alba) aus Bulgarien und Deutschland.

Country Origin	Indices		
	v	delta	V _{gam}
1	2	3	4
I. Bulgaria			
1. Autochthonous populations	1.448	0.311	34.413
2. Seed orchard			
2.1. Plus trees	1.379	0.275	108.905
2.2. Embryos	1.447	0.319	137.900
II. Germany			
1. Plus trees	1.275	0.216	82.739
2. Clone archive	1.278	0.218	86.344
3. Elite seed orchard	1.315	0.240	147.747

Legend:

- v – gene diversity;
- delta – total population differentiation
- V_{gam} – gametic multiplicity

Isozyme studies on Bulgarian silver fir populations and the seed orchard Staro Oryahovo revealed a similar level of genetic diversity and heterozygosity in the orchard clone sample and the source populations. The diversity of the produced seed crop (embryos) was even higher than that of the clone collection, however, the fixation index F of the seeds was also relatively high, indicating some form of inbreeding. A possible cause for this inbreeding may be the participation of only a limited number of clones in the pollination and seed production. However, it can be anticipated that the genetic diversity and heterozygosity will reach higher levels if all clones and seedling plants in the orchard are flowering.

When comparing genetic diversity values between Bulgarian and German silver fir collections (from Rheinland-Pfalz), it becomes evident that the diversity of the Bulgarian orchard clones exceeds that of the German plus-trees and the orchard clones (Tab. 4). On the other hand, the diversity values of the German “elite seed orchard” are clearly higher than those of all plus-trees and the clone archive. However, it must be admitted that the whole gene pool of silver fir in Rheinland-Pfalz cannot be expected to reach the extent of the Bulgarian gene pool of this species.

6 References

- ALTUKHOV, Y.P.; GAFAROV, N.I.; KRUTOVSKII, K.V. & DUKHAREV, V.A. (1987): Allozyme polymorphism in a natural population of Norway spruce (*Picea abies* Karst.). III. Correlation between levels of individual heterozygosity and relative number of inviable seeds. *Soviet Genetics*, 22, pp.1580-1585.
- ALTUKHOV, Y.P. (1990): Population Genetics, Diversity and Stability. Academic Press, New York.
- ANONYMUS (1989): Konzept zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland (erarbeitet von der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Erhaltung forstlicher Genressourcen“ mit G.H. MELCHIOR, A. BECKER, A. BEHM, H. DÖRFLINGER, A. FRANKE, J. KLEINSCHMIT, H.-J. MUHS, H.-P. SCHMITT, B.R. STEPHAN, U. TABEL, H. WEISGERBER, & TH. WIDMAIER.). *Forst und Holz*, 44, S.379-404.
- FAULKNER, R. (1975): Seed Orchards. *Forest Community Bulletin*, 54, HMSO, London.
- GAGOV, V. (1983): Die Rolle der individuellen Auswahl bei der Weisstanne. Wissenschaftliche Beiträge der Universität für Forstwirtschaft, Sofia, XXVII.
- GAGOV, V. (1985): Different origins of silver fir (*Abies alba* Mill.). Growth study in provenance trials. In: 4. Tannensymposium in Syke der IUFRO-Gruppe „Ökosysteme“ (W. KRAMER, Hrsg.), Schriften aus der Forstlichen Fakultät der Universität Göttingen und der Niedersächsischen Forstlichen Versuchsanstalt, Sauerländer's Verlag Frankfurt/M, Bd. 80, pp.278-286.
- HOSIUS, B.; BERGMANN, F.; KONNERT, M. & HENKEL, W. (2000): A concept for seed orchards based on isoenzyme gene markers. *Forest Ecology and Management*, 131, pp.143-152.
- HUSENDÖRFER, E.; KONNERT, M. & BERGMANN, F. (1995): Inheritance and linkage of isoenzyme variants of silver fir (*Abies alba* Mill.). *Forest Genetics*, 2, pp.29-40
- KORPEL, S.; PAULE, L. & LAFFERS, I. (1982): Genetics and breeding of the silver fir (*Abies alba* Mill.). *Annales Forestales*, 915, pp.151-184.
- MAURER, W.D.; TABEL, U.; HOSIUS, B.; LEINEMANN, L.; BERGMANN, F.; GAGOV, V. & EDER, W. (2002): Die Anlage von Generhaltungsamenplantagen für Weißtanne (*Abies alba* Mill.) in Rheinland-Pfalz: Isoenzymuntersuchungen als effiziente Entscheidungshilfen. In: W.D. MAURER (Hrsg.): Vom genetischen Fingerabdruck zum gesicherten Vermehrungsgut: Untersuchungen zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in Rheinland-Pfalz. Mitteilungen aus der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Nr. 49, pp.59-74.
- MITTON, J.B. (1995): Genetics and the physiological ecology of conifers. In: *Ecophysiology of Coniferous Forests* (W.K. SMITH & T.M. HINCKLEY, eds.), Academic Press, New York, pp.1-36

- PLUGTSCHIEVA, M.; GAGOV, V.; SIMEONOV, I.; BJALKOV, S. & BARDAROV, D. (2003):** Strategie zur Erhaltung der genetischen Ressourcen der Tannen, *Abies alba* MILL. und *Abies Borisii-regis* MATTF. in Bulgarien. In: W.D. MAURER (Hrsg.): Ökologie und Waldbau der Weißtanne (*Abies alba* MILL.), Tagungsbericht zum 10. Inter-nationalen IUFRO-Tannensymposium am 16.-20. September 2002 in Trippstadt. Mitteilungen aus der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Nr. 50/02, S.85-96.
- SCHOLZ, F.; GREGORIUS, H.-R. & RUDIN, D. (1989):** Genetic Effects of Air Pollutants in Forest Tree Populations. Springer-Verlag Berlin-Heidelberg-New York, 201 pages.

Addresses of the authors:

PROF. DR. VELITCHKO GAGOV

University of Forestry Sofia, Dept. Forest Genetics and Tree Breeding
Kliment Ochridsky Boulevard 10
BG-1756 Sofia (Bulgaria)

e-mail: vgagov@ltu.acad.bg

DR. BERNHARD HOSIUS & DR. FRITZ BERGMANN

ISOGEN Arbeitsgemeinschaft für Forstgenetik
am Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung der
Georg-August-Universität Göttingen
Büsgenweg 2

D-37077 Göttingen

e-mail: hosius@aol.com

Bergmann.Fritz@gmx.de

Douglasie ist nicht gleich Douglasie: Beiträge der Genetik zum Anbau der Douglasie in Rheinland-Pfalz

LUDGER LEINEMANN & BERNHARD HOSIUS

gewidmet FD i.R. UWE TABEL

Keywords: Douglas-fir races, isozymes, genetic differentiation, viability

Abstract

Title of the paper: Not all Douglas-firs are the same: Contributions of genetics to the cultivation of Douglas-fir in Rhineland-Palatinate.

In comparison to most other indigenous tree species genetic investigations have shown that Douglas-fir stands are genetically highly differentiated. These differences are caused by the import of seed material of different Douglas-fir races (Coastal and Interior Douglas-fir). Furthermore provenance trials have shown clear differences between provenances of these two Douglas-fir races concerning traits like growth rate and pest resistance. Applying methods of isozyme and data analysis developed by the Forest Research Institute for Forest Ecology and Forestry of Rhineland-Palatinate in collaboration with the Institute of Forest Genetics and Plant Breeding of the University of Goettingen, it is possible to identify the racial origin of Douglas-fir stands. In practise these methods are primarily used for the selection of seed stands. Results of such investigations carried out during the past years are summarized.

Schlagwörter: Douglasienrassen, Isoenzyme, genetische Differenzierung, Viabilität

Zusammenfassung

Im Vergleich zu den meisten einheimischen Baumarten zeigen genetische Untersuchungen in Douglasienbeständen eine hohe genetische Differenzierung. Diese Unterschiede sind auf den Import von Samen unterschiedlicher Douglasienrassen (Küsten- und Inlandsrasse) zurückzuführen. Darüber hinaus zeigten Herkunftsversuche deutliche Unterschiede zwischen Herkünften der beiden Douglasienrassen für Merkmale wie Wuchsgeschwindigkeit und Widerstandsfähigkeit gegen Krankheiten. Mit Methoden der Isoenzym- und Datenanalyse, die von der FAWF Rheinland-Pfalz in Zusammenarbeit mit dem Institut für Forstgenetik der Universität Göttingen entwickelt wurden, ist es möglich, die Rassenzugehörigkeit von Douglasienbeständen festzustellen. Diese Methoden werden in der Praxis vor allem bei der Auswahl von Saatgutbeständen genutzt. Ergebnisse solcher Untersuchungen aus den letzten Jahren werden zusammenfassend betrachtet.

1 Einleitung

Von allen Bundesländern besitzt Rheinland-Pfalz mit fast sieben Prozent (SCHMITT *et al.* 2003) der Gesamtwaldfläche den höchsten Douglasienanteil. Insbesondere unter Berücksichtigung des guten Ertragspotenzials der Douglasie ist diese Baumart damit

schon jetzt regional von großer ökonomischer Bedeutung. Auch unter diesem Gesichtspunkt war es folgerichtig, dass Rheinland-Pfalz in Zusammenarbeit mit dem Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung der Universität Göttingen 1994 als erstes Bundesland ein Forschungsprojekt initiierte, in dem unter anderem der genetische Hintergrund für unterschiedliche Vitalität von Bestandespaaren vitaler und geschädigter Douglasienbestände in Rheinland-Pfalz erforscht werden sollte (LEINEMANN 1996, LEINEMANN & MAURER 1997, LEINEMANN 1998, MAURER *et al.* 2003). Diesem ersten Forschungsprojekt folgten weitere Untersuchungen, die im Auftrag der FAWF Rheinland-Pfalz in Trippstadt von der Fa. ISOGEN Reckershausen durchgeführt wurden. In der vorliegenden Arbeit werden sollen die Ergebnisse genetischer Inventuren in Douglasienbeständen in Rheinland-Pfalz zusammengefasst. Hierbei wird Wert auf die Darstellung der Ursachen für die besondere Praxisrelevanz genetischer Untersuchungen an der Douglasie gelegt.

2 Genetische Untersuchungen an der Douglasie³

Für die forstliche Praxis und hier vor allem für diejenigen, die mit der Ernte, der Produktion und der Züchtung von forstlichem Vermehrungsgut befasst sind, stellen sich zwei zentrale Fragen: Erstens, woher kommt bestimmtes Vermehrungsgut? Und zweitens, besitzt es - aus diesem Grund - besondere (positive) Eigenschaften.

Im Vergleich zu einheimischen Baumarten zeigen Untersuchungen an Douglasienrassen (-provenienzen) deutlich ausgeprägte Unterschiede in ihren Wuchseigenschaften und ihren genetischen Strukturen, die im Hinblick auf diese zentralen Fragen von Bedeutung sind.

3 Quantitativ genetische Untersuchungen an Provenienzversuchen

Genetische Untersuchungen an der Douglasie befassen sich seit über einhundert Jahren mit diesen Aspekten, bedenkt man, dass neben klassischen Verfahren der Forstpflanzenzüchtung auch die Ertragskunde eine starke genetische Komponente besitzt. Letztlich steht hinter diesen Experimenten die Idee, deutlich zu machen, in welchem Ausmaß bestimmte Herkünfte oder Provenienzen ihre vor Ort ausgeprägten Eigenschaften weitergeben, d.h. vererben können. Da der Phänotyp eines Baumes aus dem Zusammenspiel von Genotyp und Umwelt resultiert, werden in Anbauversuchen Provenienzen verschiedenen Ursprungs unter für alle Versuchsglieder weitestgehend konstanten Umweltbedingungen angebaut. Mit diesem Versuchsaufbau soll der Einfluss der Umwelt für alle Versuchsglieder minimiert werden, um damit auf den Anteil des

³ Da es sich hier um keinen Übersichtsartikel handelt, wird die Fülle der hierzu vorliegenden Literatur nur auszugsweise zitiert.

Genotyps an Merkmalen wie Vitalität, Wuchsleistung oder Astigkeit schließen zu können. Damit befassen sich diese klassischen Methoden insbesondere mit der zweiten Frage mit den besonderen vererbbaaren Eigenschaften von Pflanzenkollektiven.

Begonnen wurde mit dem Anbau der Douglasie in Deutschland und Rheinland-Pfalz vor ca. 120 Jahren. Schon in ersten Anbauversuchen der preußischen Versuchsanstalt (SCHWAPPACH 1901) wurde der Versuch unternommen, für die standörtlichen Verhältnisse in Deutschland geeignete Provenienzen auszuwählen. Diesen ersten Provenienzversuchen folgte eine Reihe weiterer, über die unter anderem von SCHOBER (1973), KLEINSCHMIT *et al.* (1974), KLEINSCHMIT & BASTIEN (1992) berichtet wurde.

Tab. 1: Eigenschaften von Douglasienprovenienzen in Deutschland.
Properties of Douglas-fir provenances in Germany.

“Küstendouglasie”	“Inlandsdouglasie”
<i>Anbaueigenschaften:</i>	
Früh- u. Winterfrost	Spätfrost
	Schüttepilze: <i>Rhabdocline pseudotsugae</i> <i>Phäogryptopus gäumannii</i>
<i>Zuwachs im Vergleich:</i>	
relativ höher	relativ niedriger

Insgesamt zeigten diese Untersuchungen (vgl. Tab. 1), dass die Gastbaumart Douglasie nicht uneingeschränkt für den Anbau in Deutschland empfohlen werden kann. Vielmehr wurde festgestellt, dass Küstenprovenienzen aus dem ozeanisch geprägten Teil des Bundesstaats Washington besonders geeignet sind, während Provenienzen aus dem Inland (östlich der Kaskaden) sowie weiter südlich gelegene Provenienzen aus Kalifornien deutlich hinter diesen zurückbleiben. Die Anbaueigenschaften der Douglasie werden nach diesen Ergebnissen wesentlich von dessen Ursprung determiniert. So besitzt Vermehrungsgut aus dem Bereich der Küstenrasse in der Regel weit bessere Anbaueigenschaften als Material aus dem Verbreitungsgebiet der Inlandsrasse. Hiermit ist eine sehr allgemeine, aber doch wesentliche Aussage hinsichtlich des Anpassungspotenzials von Vermehrungsgut der Douglasie möglich.

4 Molekulare und biochemisch-genetische Methoden

Forstgenetische Untersuchungen mit Hilfe von biochemisch-genetischen und molekularen Methoden befassen sich zunächst mit der Charakterisierung von Populationen und Kollektiven auf der Grundlage der Häufigkeit von Genotypen bzw. Allelen an einzelnen Genorten. Anhand dieser Unterschiede lassen sich unter anderem

Schlussfolgerungen bezüglich der nacheiszeitlichen Rückwanderung ziehen. Unter der Voraussetzung einer über Generationen fortdauernden natürlichen Anpassung (Selektion) können dann indirekt Schlussfolgerungen im Hinblick auf die Angepasstheit von Populationen in einer bestimmten Umwelt gezogen werden. Im Vordergrund dieser Untersuchungen steht jedoch zunächst die Frage, ob Populationen unterschiedlichen geographischen Ursprungs unterschiedliche genetische Strukturen aufweisen. Ein direkter Nachweis, dass bestimmte genetische Variation etwa an Isoenzym-Genorten bestimmten Eigenschaften von Individuen bzw. Provenienzen zugrunde liegt, ist bisher kaum geführt worden. Damit bieten zum jetzigen Zeitpunkt Untersuchungen an solchen genetischen Markern in erster Linie die Möglichkeit, den Ursprung von forstlichem Vermehrungsgut zu klären und damit Untersuchungen im Umfeld der erstgenannten Frage durchzuführen. (s.o.).

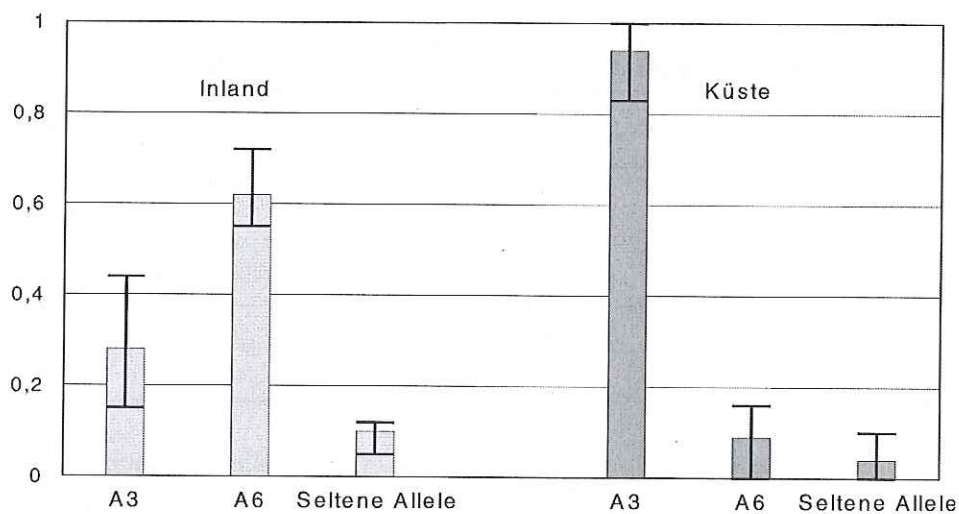


Abb. 1: Referenzstrukturen der Allelhäufigkeiten am Genort 6-PGDH-A (Allele A_3 und A_6). Der Tabelle sind Mittelwerte und Variationsbereiche der Allelhäufigkeiten für die Bestände der Inlands- wie der Küstenrasse zu entnehmen.

Fig. 1: Reference structures of allele frequencies of the gene locus 6-PGDH-A (alleles A_3 and A_6). In the table mean values and allele frequency ranges are shown for Interior and Coastal Douglas-fir stands.

Ergebnisse von Untersuchungen an Isoenzym-Genmarkern über das gesamte natürliche Verbreitungsgebiet der Douglasie zeigten, dass die genetischen Strukturen von Beständen aus den Verbreitungsgebieten der beiden Haupttrassen der Douglasie (*viridis* und *glauca*) charakteristische Unterschiede aufweisen (LI & ADAMS 1989). Weiterhin konnte nachgewiesen werden, dass diese genetischen Strukturen auch nach dem Transfer von Vermehrungsgut nach Deutschland erhalten bleiben (HOFFMANN 1995, KLUMPP 1995).

Erste Untersuchungen in Rheinland-Pfalz wurden von der FAWF in Trippstadt in Zusammenarbeit mit dem Göttinger Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung im Jahr 1994 begonnen. Im Rahmen dieser erfolgreichen Kooperation wurden

experimentelle und theoretische Methoden entwickelt, die eine Zuordnung von Douglasienbeständen unbekanntem Ursprungs zu einer der beiden Hauptrassen, d.h. Inlands- oder Küstenrasse ermöglichen und es erlauben, gegebenenfalls Mischungen zwischen diesen zu identifizieren.

Dabei erfolgt die Charakterisierung der Inlands- und der Küstenrasse anhand von Referenzstrukturen aus Beständen bekannten Ursprungs (LEINEMANN 1998). Anhand genetischer Variation an bestimmten Genorten, wie in Abb. 1 am Beispiel des Genorts 6-PGDH-A dargestellt, dienen diese Referenzstrukturen der Rassenzuordnung von Beständen unbekanntem Ursprungs. Bedeutsam ist hierbei, dass sich die Häufigkeitsverteilungen der Allelfrequenzen dieser beiden Rassen nicht überlappen.

Darüber hinaus konnte an vergleichenden Untersuchungen von Bestandespaaren geschädigter bzw. vitaler Douglasien gezeigt werden, dass der deren Rassenzugehörigkeit eine nicht zu übersehende Rolle hinsichtlich ihrer Widerstandsfähigkeit gegenüber komplexen Schadsymptomen spielen kann (LEINEMANN 1996, LEINEMANN & MAURER 1997, LEINEMANN 1998). Ausgehend von diesen ersten Untersuchungen in Rheinland-Pfalz wurden diese Methoden in den folgenden Jahren genutzt, um genetische Inventuren in zugelassenen bzw. in zur Zulassung vorgesehenen Douglasienbeständen im Hinblick auf deren Rassenzugehörigkeit durchzuführen (MAURER *et al.* 2003).

Analysen der geografisch/genetischen Differenzierung bei Douglasien- und Buchenbeständen veranschaulichen die klare genetische Differenzierung großräumiger Herkunftsgebiete der Douglasie im Vergleich zur Buche (s. Abb. 2). In dieser Abb. 2 sind Ergebnisse von Clusteranalysen auf der Basis des genetischen Abstands dargestellt. Die Clusteranalyse auf der linken Seite zeigt eine deutliche Gruppierung in Bestände der Küsten- und der Inlandsrasse (LEINEMANN 1998). Auf der rechten Seite wurden die genetischen Strukturen der Buche über ganz Deutschland in Verbindung mit den ökologischen Grundeinheiten untersucht. Eine deutliche geographisch/genetische Gruppierung ist hier nicht zu erkennen. Über die Ursachen der geringen Differenzierung der Buche kann an dieser Stelle nur spekuliert werden. Neben der Hypothese, dass die Buche nur aus einem kleinen, genetisch verarmten Reliktvorkommen nach der Eiszeit wieder in Deutschland einwanderte, ist die geringe genetische Differenzierung auch dadurch zu erklären, dass die Verfrachtung von Vermehrungsgut durch den Menschen über Hunderte von Jahren zu einer Homogenisierung natürlich evolvierter genetischer Strukturen geführt haben kann. Eine vergleichbare Durchmischung kann bei der Douglasie in Deutschland aufgrund ihrer relativ kurzen Präsenz kaum stattgefunden haben.

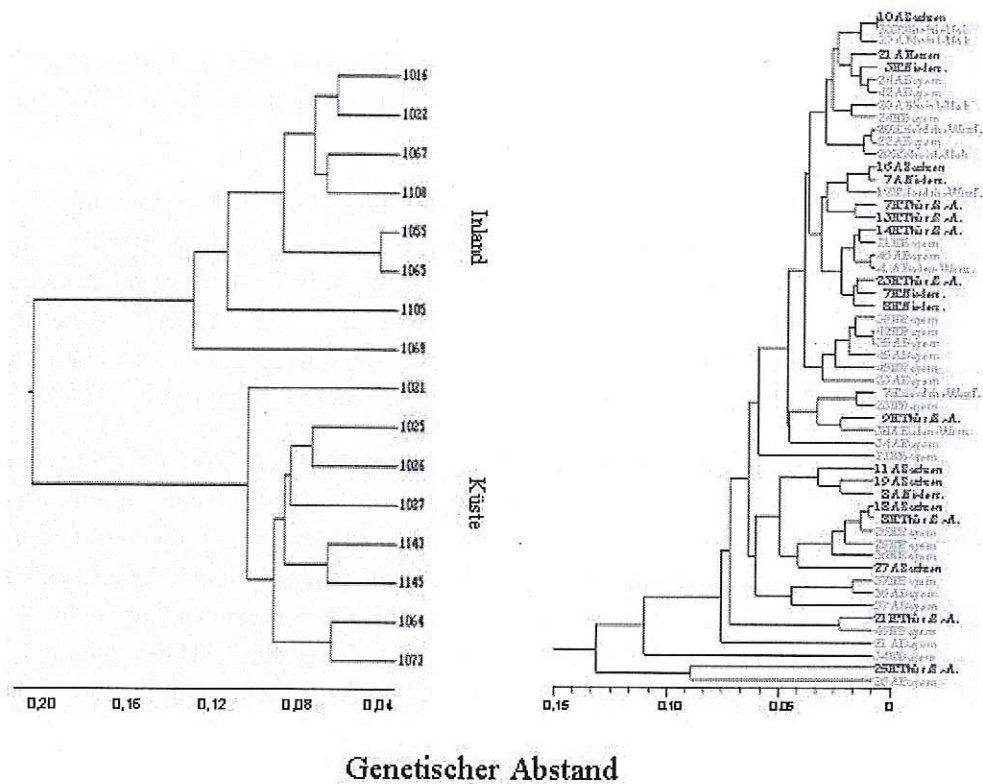


Abb. 2: Clusteranalysen auf der Basis des genetischen Abstands für die Douglasie (LEINEMANN 1998) und die Buche (KONNERT *et al.* 2000).
 Fig. 2: Cluster analysis based on the genetic distance for Douglas-fir (LEINEMANN 1998) and for beech (KONNERT *et al.* 2000).

5 Vom Bestand zum Saatgut - Bedeutung der Rassenzuordnung von Douglasienbeständen in der Praxis

Der Ursprung von Douglasienbeständen in Deutschland ist nur selten zweifelsfrei dokumentiert (KLEINSCHMIT & BASTIEN 1992; BURGBACHER & GREVE 1996) und der Rückschluss, dass vitale Douglasienbestände aus dem Gebiet der Küstenrasse stammen, kann nicht immer zweifelsfrei gezogen werden. Aufgrund unbekannter Genotyp-Umwelt-Interaktion besteht Unsicherheit darüber, ob einzelne, auch ältere Bestände tatsächlich aus dem Verbreitungsgebiet der Küstenrasse stammen oder aber der Inlandsdouglasie zugehören.

Daher bietet die zunehmende Beschränkung auf Saatgut älterer deutscher Bestände nicht die Gewähr dafür, dass in jedem Fall geeignetes Vermehrungsgut zur Verwendung kommt. So sind möglicherweise Altbestände vorhanden, die trotz ihrer guten Vitalität (d.h. einer hohen aktuellen Angepasstheit) der Inlandsrasse zuzuordnen sind. Der Schluss, dass ein solcher Bestand Vermehrungsgut mit hoher Angepasstheit und hoher

Anpassungsfähigkeit produziert, ist insbesondere dann unzulässig, wenn dieses Material in eine andere Umwelt verbracht wird. Gerade auf der Grundlage der Ergebnisse aus Provenienzversuchen ist vielmehr zu erwarten, dass Vermehrungsgut aus diesen Beständen aufgrund seiner nachgewiesenermaßen vergleichsweise geringen Anpassungsfähigkeit größere Probleme bei der Erziehung vitaler Bestände bereitet. Aber gerade die Samen (Nachkommen) bzw. deren genetisches Anpassungspotenzial sind es, welche bei der Beerntung von Saatguterntebeständen und der Begründung neuer Bestände im Zentrum des Interesses steht.

6 Schlussfolgerungen

Im Gegensatz zu den natürlich in Mitteleuropa vorkommenden Baumarten besitzt die Gastbaumart Douglasie einige spezifische Besonderheiten, die vor allem auf ihre Entwicklung seit der letzten Eiszeit in Nordamerika zurückgeführt werden können. Bedingt durch die in Nordamerika von Norden nach Süden verlaufenden Gebirgszüge wurde eine Vermischung der Küsten- und der Inlandsdouglasienrasse weitestgehend verhindert. Aus diesem Grund weisen diese beiden Rassen ausgeprägte Unterschiede in ihren genetischen Strukturen auf.

Darüber hinaus konnte der Nachweis erbracht werden, dass diese Unterschiede auch nach einem Transfer aus den Ursprungsgebieten nach Deutschland erhalten bleiben. Demzufolge sind diese unterschiedlichen genetischen Strukturen auch zum Nachweis des Rassenursprungs von Beständen in Deutschland geeignet.

Grundsätzlich muss damit auch angenommen werden, dass die deutlichen Unterschiede zwischen Küsten- und Inlandsrasse in ihrer genetischen Strukturierung mit ebenso signifikanten Unterschieden hinsichtlich ihrer Anbaueignung in Deutschland einhergehen. Genetische Strukturen und Anbaueigenschaften von Douglasienbeständen in Deutschland werden damit wesentlich durch ihren Ursprungsort (d.h. durch den Ort, von dem das Vermehrungsgut ursprünglich abstammt) determiniert und können sich somit auch kleinflächig deutlich unterscheiden. (SCHMITT *et al.* 2003). Genmarkeranalysen können hier als gewichtiges Entscheidungskriterium bei der Zulassung von Saatguterntebeständen genutzt werden.

Das hier skizzierte genetischen Verfahren zur Rassenidentifizierung von Douglasien ist bestens geeignet, im Zusammenhang mit der Durchführung (d.h. der Zulassung von Saatgutbeständen) und der Kontrolle (d.h. amtliche(?) Zertifizierung) der Vorschriften nach dem Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) praxisdienlich angewendet zu werden. Nach einleitenden Untersuchungen in Rheinland-Pfalz in Zusammenarbeit mit der Fa. ISOGEN erscheint es ratsam wenn nicht gar zwingend erforderlich, dass dieses kostengünstige, jedoch äußerst zielführende genetische Werkzeug auch in anderen Bundesländern mit Douglasienbeständen noch mehr zum Einsatz kommen muss, um die Verbrauchersicherheit hinsichtlich der Versorgung des Marktes mit qualitativ hochwertigem Douglasiensaatgut sicherzustellen.

7 Zusammenfassung der Ergebnisse

Seit 1995 wurden in Rheinland-Pfalz insgesamt 55 Douglasien-Untersuchungseinheiten beprobt und auf ihre Rassenzugehörigkeit untersucht. Die Untersuchungseinheiten sowie die Stichprobengrößen sind in Tab- 2 aufgeführt.

Der Schwerpunkt der Untersuchungen lag bei der Untersuchung von Saatguternte-Beständen.

Tab. 2: Anzahl isoenzymatisch untersuchter Bestände in Rheinland-Pfalz.
Number of isoenzymically investigated stands in Rhineland-Palatinate

<i>Untersuchungseinheiten:</i>	<i>Beprobung:</i>
38 Saatgutbestände	Stichprobe 50
15 andere Bestände	Stichprobe 50
1 Generhaltungssamenplantage	Vollbeprobung
1 Herkunftsversuch	Vollbeprobung

In Abb. 3 sind die Allelhäufigkeiten am Genort 6-PGDH-A in Saatguterntebeständen auszugsweise dargestellt (ISOGEN 2001). Dabei sind die Bestände mit abnehmender Häufigkeit des Allels 6-PGDH-A₃ von links nach rechts geordnet.

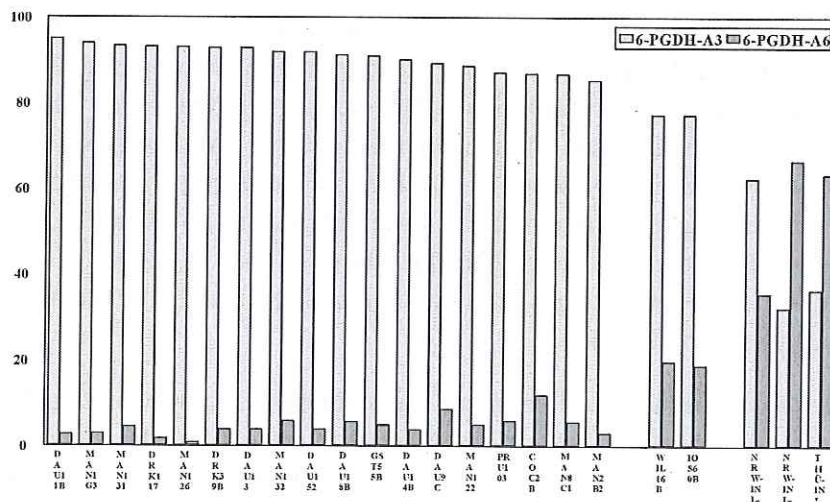


Abb. 3: Allelhäufigkeiten für 6-PGDH-A (Allele A₃ und A₆) in Douglasien-Saatgutentbeständen aus Rheinland-Pfalz zusammen mit drei Referenzbeständen (auf der rechten Seite). Entsprechend der Häufigkeit des Allels A₃ sind die Ergebnisse von links nach rechts geordnet.

Fig. 3: *Allele frequencies of 6-PGDH-A (alleles A₃ and A₆) of Rhineland-Palatinate Douglas-fir seed crop stands together with three reference stands (right hand side). According to the frequency of the allele A₃ the results are ordered from the left to the right hand side.*

Auf der rechten Seite sind zusätzlich Allelhäufigkeiten von Referenzbeständen abgebildet. Von den hier untersuchten Saatgutbeständen weisen zwei Bestände relativ geringe Häufigkeiten des Allels A₃ auf, während gleichzeitig die Häufigkeit des Allels A₆ ansteigt. Diese Bestände zeigen damit für die Küstenrasse untypische genetische Strukturen, die möglicherweise durch Beimischungen von Vermehrungsgut der Inlandsrasse bedingt sind. Diese Bestände sollten daher nicht mehr zur Beerntung freigegeben werden.

Mit Hilfe von Untersuchungen an Isoenzym-Genorten konnte gezeigt werden, dass von den bisher in Rheinland-Pfalz untersuchten Douglasienkollektiven lediglich 9% der Kollektive keine charakteristischen genetischen Strukturen der Küstenrasse aufweisen. Soweit es sich dabei um Saatgutbestände handelte, wurden diese aus dem Erntezulassungsregister gestrichen.

Danksagung

Die Autoren möchten sich bei Herrn FD UWE TABEL und DR. WERNER D. MAURER sowie den Mitarbeitern der SGD, Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Abt. Genressourcen und Forstpflanzenzüchtung für die über viele Jahre hervorragende Zusammenarbeit und Unterstützung bedanken. Darüber hinaus bedanken wir uns bei den Forstamts- und Revierleitern des Landes Rheinland-Pfalz, die flexibel auch kurzfristige Beprobungstermine möglich machten.

8 Literaturverzeichnis

- BURGBACHER, H. & GREVE, P. (1996): 100 Jahre Douglasienanbau im Stadtwald Freiburg. *AFZ/Der Wald*, 51.Jg., 20/1996, S.1109-1111.
- HOFFMANN, CH. (1994): Populationsgenetische Vergleiche von autochthonen Douglasienbeständen mit künstlichen deutschen Douglasienpopulationen. Dissertation am Forstwiss. Fachbereich der Universität Göttingen, 83 Seiten.
- ISOGEN (2001): Int. Abschlußberichte an die FAWF Rheinland-Pfalz in Trippstadt.
- KLEINSCHMIT, J. & BASTIEN, J.CH. (1992): IUFRO's role in Douglas-fir (*Pseudotsuga menziesii* (Mirb.) Franco) tree improvement. *Silvae Genetica*, 41, pp.161-173.
- KLEINSCHMIT, J., RACZ, J., WEISGERBER, H., DIETZE, W., DIETERICH, H. & DIMPFLMEIER, R. (1974): Ergebnisse aus dem internationalen Douglasien-Herkunftsversuch von 1970 in der Bundesrepublik Deutschland. *Silvae Genetica*, 23, S.167-176.
- KLUMPP, R. (1995): Area specific variations of isozyme gene markers in Douglas-fir. In: PH. BARADAT, W.T. ADAMS, & G. MÜLLER-STARCK (eds.): Population Genetics and Genetic Conservation of Forest Trees. SPB Academic Publ. Amsterdam, pp.193-198.

- KONNERT, M., M. ZIEHE, U. TRÖBER, W. MAURER, A. JANBEN, T. SANDER, E. HUSSENDÖRFER & H. HERTEL (2000). Genetische Variation der Buche (*Fagus sylvatica* L.) in Deutschland: Gemeinsame Auswertung genetischer Inventuren über verschiedene Bundesländer. *Forst und Holz*, 55, S.403-408.
- LEINEMANN, L. (1996): Genetic differentiation of damaged and healthy Douglas-fir stands in Rheinland-Pfalz with respect to their origin. *Silvae Genetica*, 45, pp.250-256.
- LEINEMANN, L. (1998): Genetische Untersuchungen an Rassen der Douglasie (*Pseudotsuga menziesii* [Mirb.] Franco) am Beispiel gesunder und geschädigter Bestände. Göttinger Forstgenetische Berichte Nr. 23, 151 Seiten.
- LEINEMANN, L. & MAURER, W. (1999): Bedeutung von Isoenzymgenmarkern für den Anbau der Douglasie. *AFZ/Der Wald*, 5, S.242-243.
- LI, P. & ADAMS, W.T. (1989): Range-wide patterns of allozyme variation in Douglas-fir (*Pseudotsuga menziesii*). *Canadian Journal of Forest Research*, 19, pp.149-161.
- MAURER, W.D.; SCHMITT, H.-P.; ARENHÖVEL, W.; BERGMANN, F.; HOSIUS, B. & LEINEMANN, L. (2003) Unterscheidung zwischen der Küsten- und der Inlands-Douglasie anhand genetischer Merkmale. *AFZ/Der Wald*, 25/2003, S.1290-1292.
- SCHMITT, H.-P.; MAURER, W.D.; ARENHÖVEL, W.; BERGMANN, F.; HOSIUS, B. & LEINEMANN L. (2003): Genetische Inventuren an Douglasienbeständen. *AFZ/Der Wald*, 25/2003, S.1287-1289.
- SCHÖBER, R. (1973): Ergebnisse von Douglasien-Provenienzversuchen in Deutschland. Proceedings IUFRO Meeting Working Party on Douglas-fir Provenances. Göttingen, pp.1-13.
- SCHWAPPACH, A. (1901): Die Ergebnisse der in den Jahren 1881-1890 in den preußischen Staatsforsten ausgeführten Anbauversuche mit fremdländischen Holzarten. *Zeitschrift für Forst- und Jagdwesen*, 33, S.137-169; S.195-225 und S.261-292.

Anschrift der Autoren:

DR. LUDGER LEINEMANN & DR. BERNHARD HOSIUS
 ISOGEN Arbeitsgemeinschaft für Forstgenetik
 am Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung der
 Georg-August-Universität Göttingen
 Büsgenweg 2
 D-37077 Göttingen
 e-mail: hosius@aol.com
lleinem@gwdg.de

Genetische Charakterisierung einheimischer Eichenarten auf der Basis rheinland-pfälzischer Herkunftsversuche und Bestandesstichproben - Antworten und offene Fragen

GERHARD MÜLLER-STARCK & WERNER D. MAURER

Keywords: *Quercus petraea*, *Quercus robur*, gene conservation, provenance tests, isozyme gene markers, genetic differentiation, Rhineland-Palatinate

Abstract

Title of the paper: Genetic characterization of indigenous oak species based on provenance tests and samples from adult stands in Rhineland-Palatinate – answers and open questions.

The genetic surveys refer to two provenance trials of sessile oak (*Quercus petraea* (Matt.) Liebl.) and pedunculate oak (*Quercus robur* L.) consisting of 31 and 30 provenance samples, respectively which were established in order to infer the productive efficiency and quality of oaks in Rhineland-Palatinate. In addition, 27 adult stands (15 sessile and 12 pedunculate oak) were studied which were selected as candidates for gene conservation *in situ*.

The studies refer to 16-18 enzyme coding gene loci which are in common for both species. The provenance samples reveal only little differences concerning variation parameters of both oak species. In case of the adult stands, genetic variation of sessile oak clearly exceeds corresponding values of the pedunculate oak (genetic multiplicity, diversity, heterozygosity). Comparing both experimental series, it becomes evident that the multi-locus diversity which is a significant indicator for the adaptive potential, is substantially greater in case of sessile oak as compared to pedunculate oak. Generally, the provenance trials reveal greater values than the adult stands. Obviously, the entire experimental material shows relatively high fixation coefficients which has to be looked at as a species specific character of indigenous oak species.

In the study of the genetic differentiation among samples, substantial differences are evident with respect to the state of representativeness of single samples for the corresponding collective and for the entire gene pool. This findings are important criteria for the selection of stands suitable for gene conservation. The observed geographic differentiation suggest additional criteria for the declaration of provenances. So far, results clearly demonstrate that both oak species can be discriminated efficiently at the population level by isozyme gene markers, but not in case of an assignment of individuals to one of the two species.

Schlagwörter: *Quercus petraea*, *Quercus robur*, Generhaltung, Provenienzversuche, Isoenzym-Genmarker, genetische Differenzierung, Rheinland-Pfalz

Zusammenfassung

Die genetischen Erhebungen erstrecken sich zunächst auf zwei Herkunftsversuche der Traubeneiche (*Quercus petraea* (MATT.) Liebl.) und der Stieleiche (*Quercus robur* L.) mit 31 bzw. 30 Stichproben, die mit dem Ziel der Einschätzung der Leistungsfähigkeit und Qualität der rheinland-pfälzischen Eichenvorkommen etabliert wurden. Die weiterhin untersuchten 27 Altbeständen (15 Traubeneichen- und 12 Stieleichenbestände) wurden für Zwecke der Generhaltung *in situ* vorausgewählt.

Die Untersuchungen beziehen sich auf 16-18 Enzym-Genorte, die beiden Arten gemeinsam sind. Bei den Herkunftsstichproben zeigen die Variationsparameter beider Eichenarten nur geringe Unterschiede. Im

Falle der Altbestände liegt die genetische Variation der Traubeneiche deutlich über den Werten der Stieleiche (genetische Vielfalt, Diversität, Heterozygotenanteile). Beim Vergleich beider Versuchsserien fällt auf, dass vor allem die Multilocus-Diversität, welche ein wichtiger Indikator für das Anpassungspotential ist, im Falle der Traubeneiche deutlich die Werte der Stieleiche übertrifft. Die Herkunftsversuche zeigen höhere Werte als die Altbestände. Ein auffallendes Merkmal des gesamten Versuchsmaterials ist das Auftreten relativ hoher Fixierungskoeffizienten, was allerdings als ein artspezifisches Merkmal der einheimischen Eichenarten angesehen werden kann.

Die Überprüfung der genetischen Differenzierung zwischen den Stichproben ergibt deutliche Unterschiede hinsichtlich der Repräsentativität einzelner Stichproben für das betreffende Kollektiv und für den Genpool des Gesamtkollektivs. Dies sind wichtige Kriterien für die Auswahl von Beständen von Generhaltungsmaßnahmen. Die nachgewiesene geographische Differenzierung ergibt zusätzliche Kriterien für die Deklaration von Herkünften. Die bisherigen Untersuchungen zeigen deutlich, dass sich die beiden Eichenarten auf Populationsebene sehr gut mit Hilfe von Isoenzym-Genmarkern voneinander unterscheiden lassen, jedoch gilt dies nicht für die individuelle Zuordnung zu einer der beiden Arten.

1 Einleitung

Mit einer Waldfläche von 828.447 ha, die einem Anteil von 42% an der Landesfläche entspricht, nimmt Rheinland-Pfalz heute hinsichtlich seines Waldreichtums die führende Stellung im Vergleich zu den übrigen Ländern in der Bundesrepublik Deutschland ein. Allerdings sind die Regionen des Landes sehr unterschiedlich von Wald bedeckt. Infolge starker Übernutzung der Wälder durch die Landwirtschaft und durch hohen Holzverbrauch der Bevölkerung in der Vergangenheit waren im 19. Jahrhundert viele Regionen des heutigen Rheinland-Pfalz nahezu gänzlich entwaldet. Bei den danach einsetzenden Wiederaufforstungswellen, mit denen zudem auch einer weiteren Zerstörung durch die einsetzende Industrialisierung und den ein Jahrhundert später nach Ende der beiden Weltkriege folgenden großflächigen Reparationshiebsen begegnet werden sollte, fanden überwiegend Nadelbaumarten wie Fichte und Kiefer Berücksichtigung. Ursprünglich jedoch waren die Wälder in Rheinland-Pfalz Buchenwälder und Buchen-Eichen-Mischwälder, die 90% der Landesfläche bedeckten. Heute bestehen die Wälder zu 57% aus Laubbaum- und zu 43% aus Nadelbaumarten (LEONHARDT 2003). Es kommen landesweit 50 Baumarten vor, von denen 40 Arten forstwirtschaftliche Bedeutung haben.

Die beiden heimischen Eichenarten Traubeneiche (*Quercus petraea*) und Stieleiche (*Quercus robur*) rangieren zusammen in der Baumartenverteilung (Bezug Staats- und Gemeindewald, welche rund. drei Viertel der Gesamtwaldfläche von Rheinland-Pfalz einnehmen) mit 14% auf dem 4. Platz hinter Buche (36%), Kiefer (24%) und Fichte (16%) und vor Douglasie (9%) (ANONYMUS 2000). Dabei wird der überwiegende Anteil an der Eichenfläche von der Traubeneiche gegenüber der Stieleiche mit etwas mehr als 87% eingenommen (vgl. hierzu EDER & ROSE 1995, auch hinsichtlich der Altersklassenverhältnisse und der Holzvorräte).

Bei der Traubeneiche sind die Vorkommen im Pfälzerwald, die neben den Eichenbeständen im Spessart das größte und wertvollste zusammenhängende Eichenvorkommen in Deutschland darstellen, von ausschlaggebender wirtschaftlicher

Bedeutung als Furniereichen (MEYER 1990). Weitere einzelne Wertholzvorkommen sind an Mosel, Saar, Lahn und im Soonwald (Hunsrück) vorzufinden (PETRI 1970). Wenngleich die Stieleiche gegenüber der Traubeneiche anteilmäßig um den Faktor von nahezu 7 deutlich weniger im Lande vertreten ist, so kommt auch ihr eine erhebliche forstwirtschaftliche wie ökologische Bedeutung zu. Demzufolge wurde auch ihr Anbau im Rahmen des naturnahen Waldbaus deutlich ausgedehnt (EDER & ROSE 1995).

Einschätzung der Leistungsfähigkeit und Qualität von rheinland-pfälzischen Eichen-vorkommen sind u.a. Ziele von jeweils einem 1992 in Rheinland-Pfalz angelegten Herkunftsversuch für Stieleiche (3 Parallelfächen mit 26 deutschen und 4 niederländischen Herkünften) und für Traubeneiche (eine Fläche mit 31 Herkünften einer europaweiten Einsammlung von insgesamt 38 Herkünften; weitere Details siehe MAURER *et al.* 2000).

Mit Blick auf die Bereitstellung von qualitativ hochwertigem Eichen-Vermehrungsgut – unter Berücksichtigung forstsaatgutrechtlicher Vorgaben – werden seit den 1990er Jahren eine Vielzahl von (potenziellen) rheinland-pfälzischen Saatgut-Erntebeständen zwecks Artreinheit der Bestände auf der Basis von morphologischen Eigenschaften an Blättern und Fruchtständen nach einem von SPETHMANN (1987) entwickelten statistischen Verfahren mit Diskriminanz- und Clusteranalyse überprüft und entsprechend kategorisiert (EDER & ROSE 1995).

Bei beiden Eichenarten ist das Schadniveau nach wie vor sehr hoch und hat aktuell wieder den Stand Ende der 1990er Jahre erreicht (ANONYMUS 2003). Insbesondere in Mitleidenschaft gezogen erscheinen auch weiterhin die Vorkommen der Stieleiche infolge biotischer Schädigung (vgl. hierzu DELB & BLOCK 1999). Gezielte Maßnahmen der Erhaltung der genetischen Ressourcen der beiden Eichenarten sind daher nach wie vor vordringlich geboten (MAURER & TABEL 2002) und demzufolge in Anlehnung an das bundeseinheitliche „Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland“ (PAUL *et al.* 2000) umzusetzen. Analog der bereits für rheinland-pfälzische Vorkommen der Baumart Buche (*Fagus sylvatica*) durchgeführten Maßnahmen (vgl. hierzu TABEL & MAURER 1992, MAURER & TABEL 2000) kommt sowohl für die Traubeneiche als auch für die Stieleiche an erster Stelle die *in situ*-Erhaltung, d.h. die Erhaltung der Genressource am Ort ihres Vorkommens und ihre nachhaltige Sicherung mit einer Ausweisung als Generhaltungsbestand in Frage. Grundlage hierzu ist allem voran eine genetische Charakterisierung der im Lande vorhandenen Eichenpopulationen mit nachfolgender behördlicher Ausweisung der zukünftig zu sichernden Generhaltungsobjekte. Hierzu eignen sich insbesondere Isoenzym-Genmarker (vgl. KONNERT *et al.* 2004).

Ziel der vorliegenden Arbeit ist eine erste zusammenfassende Darstellung von Ergebnissen genetischer Erhebungen in rheinland-pfälzischen Herkunftsversuchen und Altbeständen sowie deren Nutzbarkeit hinsichtlich geplanter Generhaltungsmaßnahmen.

2 Material und Methoden

2.1 Versuchsmaterial

Das Versuchsmaterial umfasst Stichproben der Trauben- und der Stieleiche aus zwei Herkunftsversuchen und zwei Serien von Altbeständen (siehe Tabellen im Anhang 6; Stichprobenumfänge s. Kap. 3.1):

- **Herkunftsversuch der Traubeneiche (Forstamt Eppenbrunn) [vgl. Tab. 6.1]:**
Es handelt sich um 31 Herkünfte der Traubeneiche aus Deutschland, Belgien, Frankreich, England, Dänemark, Polen und Österreich. Der Schwerpunkt liegt mit 17 Herkünften in Deutschland (vgl. hierzu MAURER *et al.* 2000).
- **Herkunftsversuch der Stieleiche (Versuchsfläche Thiergarten im Forstamt Neupfalz und Versuchsfläche Landscheid im Forstamt Wittlich) [vgl. Tab. 6.2]:**
Dieser Versuch mit 3 Parallelfleichen[†]) umfasst insgesamt 40 Herkünfte, wobei 36 aus Deutschland und 4 aus den Niederlanden stammen (vgl. hierzu auch MÜLLER-STARCK *et al.* 2002).
- **Altbestände der Traubeneiche [vgl. Tab. 6.3]:**
15 ausgewählte Saatguterntebestände aus den rheinland-pfälzischen Hauptvorkommengebieten, vorausgewählt zur genetischen Inventur hinsichtlich der Ausweisung von *in situ*-Generhaltungsbeständen heimischer Vorkommen dieser Baumart.
- **Altbestände der Stieleiche [vgl. Tab. 6.4]:**
12 rheinland-pfälzische Saatguterntebestände aus den Hauptvorkommengebieten, vorausgewählt zur genetischen Inventur hinsichtlich der Ausweisung von *in situ*-Generhaltungsbeständen heimischer Vorkommen dieser Baumart.

2.1 Isoenzym-Genmarker

Für beide Eichenarten haben sich die in der Tab. 1 aufgeführten Enzymsysteme mit den jeweils kodierten Genorten wegen ihrer Polymorphie und ihrer guten Nachweisbarkeit als besonders geeignet erwiesen (Nachweisverfahren sowie Verifizierung der genetischen Kontrolle der Isoenzym-Genmarker siehe MÜLLER-STARCK *et al.* 1996, ZANETTO *et al.* 1996).

[†]) Der dritte Parallelfleiche befindet sich im Forstamt Saarburg. Für die isoenzymatischen Untersuchungen wurde aus dieser Versuchsfläche kein Probematerial gewonnen.

2.2 Variationsparameter

Die Quantifizierung genetischer Vielfalt und genetischer Diversität folgt den Konzepten von GREGORIUS (1978, 1987).

Zur Erfassung des Potentials zur Erzeugung genetischer Variation wird die hypothetisch-gametische Multilocus-Diversität verwendet (v_{gam} , GREGORIUS 1987). Dieses Maß ist gleichbedeutend mit der maximal bildbaren Anzahl genetisch verschiedener Multilocus-Gameten.

Tab. 1 Verwendete Enzymsysteme, Struktur und kodierende Genorte.
Applied enzyme systems, molecular structure and coding enzyme systems.

<i>Enzymsystem</i>	<i>EC-Nr.</i>	<i>Struktur</i>	<i>Genorte</i>
Aspartat-Amino-Transferase (AAT)	EC 2.6.1.1	dimer	AAT-B
Aconitase (ACO)	EC 4.2.1.3	monomer	ACO-A
Alkohol-Dehydrogenase (ADH)	EC 1.1.1.1	dimer	ADH-A
Aminopeptidase (AP)	EC 3.4.11.2	monomer	AP-A, AP-B
Esterase (EST)	EC 3.1.1.X	monomer	EST-A
Glutamat-Dehydrogenase (GDH)	EC 1.4.1.2	polymer	GDH-A
Isocitrat-Dehydrogenase (IDH)	EC 1.1.1.42	dimer	IDH-A, IDH-B
Malat-Dehydrogenase (MDH)	EC 1.1.1.37	dimer	MDH-B, MDH-C
Menadion-Reduktase (MNR)	EC 1.6.99.2	tetramer	MNR-A
6-Phosphogluconat-Dehydrogenase (6PGDH)	EC 1.1.1.44	dimer	6PGDH-A, 6PGDH-B
Phosphoglucose-Isomerase (PGI)	EC 5.3.1.9	dimer	PGI-A, PGI-B
Phosphoglucomutase (PGM)	EC 2.7.5.1	monomer	PGM-A
Shikimat-Dedrogenase (SKDH)	EC 1.1.1.25	monomer	SKDH-A

Die Heterozygotie wird quantifiziert als beobachteter Wert (H_a) und als bedingte Heterozygotie (H_c), welche auf der Basis der jeweiligen Allelhäufigkeiten den Anteil an der maximal möglichen Heterozygotie wiedergibt (GREGORIUS *et al.* 1986).

Zur Quantifizierung der genetischen Unterschiede zwischen Populationen wird der genetische Abstand (NEI 1972) und die genetische Differenzierung (GREGORIUS & ROBERDS 1986) verwendet.

Statistische Tests beziehen sich auf den Log-Likelihood-Ratio-Homogenitätstest (G-test).

Die Fixierungskoeffizienten (WRIGHT 1969) sind auf einer Skala zwischen $F = -1$ (nur Heterozygote) und $F = +1$ (nur Homozygote) im Vergleich zu den korrespondierenden Hardy-Weinberg-Proportionen definiert.

Die Parameter wurden mit dem GSED-Programm (GILLET 1994) sowie POPGENE (YEH & BOYLE 1997, s. <http://www.ualberta.ca/~fyeh/index.htm>) berechnet.

3 Ergebnisse

3.1 Genetische Vielfalt, Diversität, Heterozygotie und Inzucht

In Tab. 2 und Tab. 3 sind als ein Beispiel für die genetische Vielfalt die durchschnittlichen Anzahlen von Allelen pro Locus (A_L) aufgeführt sowie zwei Diversitätsmaße (allelische Diversität V_A und hypothetisch gametische Multilocus-Diversität V_{gam}), die beobachtete (aktuelle) Heterozygotie $H_a(\%)$, die bedingte Heterozygotie $H_c(\%)$ sowie die Fixierungskoeffizienten F .

Beim Vergleich der Werte in diesen beiden Tabellen muss berücksichtigt werden, dass sich die Inventuren in den Altbeständen auf Grund geringer Materialmengen und Austrocknungserscheinungen in den Blattknospen nur auf 16 der insgesamt 18 Genorte beziehen. Dies bedeutet, dass die V_{gam} -Werte in Tab. 3 auf Grund der fehlenden beiden Genorte zwangsläufig etwas geringere Werte zeigen als die in Tab. 2 wiedergegebenen Referenzwerte der Herkunftsversuche. Ein ähnlicher Effekt ist bei den anderen Parametern nicht zu erwarten, weil es sich hier um Mittelwerte handelt und nicht um Werte, die über die Genorte hinweg multipliziert werden.

⇒ Ein auffallendes Merkmal des gesamten Materials ist die im Vergleich zu anderen Waldbaumarten hohe Anzahl von Allelen pro Locus (A_L). Die Unterschiede zwischen den beiden Eichenarten treten in den Altbeständen stärker hervor als bei den Herkunftsversuchen. Der höchste Mittelwert stammt aus den Traubeneichen-Altbeständen mit $A_L = 4,53$. Die Unterschiede zwischen den beiden Eichenarten werden auch bei den anderen Variationsparametern ersichtlich. Eine Ausnahme bildet der höhere allelische Diversitätswert der Herkunftsstichproben der Stieleiche im Vergleich zur Traubeneiche.

Diese Erhöhung findet bei gleichzeitig geringerer Anzahl Allele pro Locus statt, was somit nur eine Folge unterschiedlicher Häufigkeitsverteilungen sein kann (stärkere Abweichung von der Gleichverteilung der Allelhäufigkeiten).

Tab. 2: Gegenüberstellung der Mittelwerte ausgewählter Variationsparameter für die beiden Herkunftsversuche (HerV) in Rheinland-Pfalz auf der Basis von 18 gemeinsamen Enzym-Genorten (Stichprobenumfang pro Herkunft: 56-100 Individuen Traubeneiche, 100 Individuen Stieleiche).

Comparison of the mean values of selected variation parameters for the two provenance tests (HerV) in Rhineland-Palatinate based on 18 common enzyme gene loci (sample size per provenance: 56-100 individuals in case of sessile oak, 100 individuals in case of pedunculate oak).

	N	A_L	V_A	V_{gam}	$H_a(\%)$	$H_c(\%)$	F
HerV Traubeneiche 31 Herkünfte	2.850	4,00	1,49	5.400	0,26	0,67	0,20
HerV Stieleiche 30 Herkünfte	3.000	3,95	1,58	3.562	0,26	0,65	0,21

Tab. 3: Gegenüberstellung der Mittelwerte ausgewählter Variationsparameter für die zwei Gruppen der rheinland-pfälzischen Eichenbestände (GenB) mit 15 Altbeständen der Traubeneiche und 12 der Stieleiche auf der Basis von 16 gemeinsamen Enzym-Genorten (Stichprobenumfang $N = 200$ Individuen pro Bestand).

*Comparison of the mean values of selected variation parameters for the two groups of Rhineland-Palatinate oak stands (GenB) including 15 adult stands for sessile oak (*Quercus petraea*) and 12 for pedunculate oak (*Quercus robur*) based on 18 common enzyme gene loci. (sample size: $N = 200$ individuals per stand).*

	N	A_L	V_A	V_{gam}	$H_a(\%)$	$H_c(\%)$	F
GenB Traubeneiche 15 Bestände	3.000	4,53	1,56	3.060	0,26	0,61	0,24
GenB Stieleiche 12 Bestände	2.400	4,00	1,46	970	0,22	0,58	0,29

Legende für Tab. 2 und Tab. 3:

- HerV** Herkunftsversuch
- GenB** zur Generhaltung vorausgewählter Altbestand
- N** Stichprobenumfang: im Regelfall 100 Individuen pro Herkunftsstichprobe;
6 Ausnahmen bei Traubeneiche mit Stichprobenumfängen zwischen 56 und 72
- A_L** Anzahl Allele pro Locus
- V_A** Allelische Diversität
- V_{gam}** hypothetisch gametische Multilocusdiversität
- $H_a(\%)$** beobachtete Heterozygotie
- $H_c(\%)$** bedingte Heterozygotie
- F** Fixierungskoeffizient

Die größten Unterschiede betreffen die Werte für die hypothetisch-gametische Multilocus-Diversität. Hier werden die Unterschiede zwischen den beiden Eichenarten auf Grund des Berechnungsmodus besonders betont. Bei Betrachtung der Einzelwerte der Herkünfte der Traubeneiche treten die beiden höchsten Werte bei den Stichproben aus den Forstämtern Recklinghausen, Wolfgang und dem Stadforst Mölln auf. Die geringsten Werte zeigen sich bei den Proben aus dem Forstamt Riedenburg, aus Dreuille (F) und auch dem Forstamt Recklinghausen, was zugleich deutlich macht, dass sich Proben in räumlicher Nachbarschaft hinsichtlich ihrer Diversitätswerte erheblich unterscheiden können.

Bei den Herkunftsstichproben der Stieleiche finden sich die größten V_{gam} -Werte in den Niederlanden (Hauptgebietset III) sowie in Steinfurt, während die geringsten Werte ebenfalls aus den Niederlanden stammen (Bremerberg) und aus Schwerin. Bei den Generhaltungsbeständen der Traubeneiche treten Spitzenwerte in den Beständen Montabaur und Hochspeyer auf, während die niedrigsten Werte im Bestand Johanniskreuz XIV und Cochem nachgewiesen wurden. Eine insgesamt geringere Differenzierung zeigen die Multilocus-Diversitäten der Generhaltungsbestände der

Stieleiche. Hier treten die höchsten Werte im Bestand Johanniskreuz XVI sowie in Mayen auf, die niedrigsten Werte in den Beständen Hagenbach II und Osburg.

Im Falle der beobachteten Heterozygotie $H_a(\%)$ liegen die Mittelwerte für die Herkunftsstichproben beider Arten eng beisammen und entsprechen den bei Eiche üblichen Werten oder übertreffen sie (HERZOG & MÜLLER-STARCK 1993, MÜLLER-STARCK *et al.* 1993, ZANETTO *et al.* 1994, HERTEL & ZASPEL 1996, STREHLE 2000) In diesem Rahmen liegt auch der Mittelwert für die Traubeneichenbestände, jedoch nicht der Wert für die Stieleichenbestände. Dieser liegt deutlich unter allen Werten. Im Prinzip gilt dies auch für die bedingte Heterozygotie $H_c(\%)$, welche den Anteil der maximal möglichen Heterozygotie wiedergibt und insgesamt vergleichsweise geringe Werte aufweist.

Dies ist offensichtlich eine Folge der insgesamt sehr hohen Fixierungskoeffizienten F , die auf substantielle Inzuchtbelastungen hinweisen. Die Werte für die Herkunftsstichproben liegen insgesamt deutlich unter den Werten aus den Eichenaltbeständen. Die genauen Ursachen hierfür müssen noch überprüft werden. Insgesamt zeigen Eichenarten wesentlich höhere Fixierungskoeffizienten als andere Arten (Buche z.B. STARKE 1996). Untersuchungen von LA SCALA (2000) und TRAINER (2001) mit Mikrosatelliten (nSSR) bzw. Isoenzym-Genmarkern haben ergeben, dass im Bezug auf die gleichen Stichproben diese grundsätzlich unterschiedlichen Markertypen nahezu identische Fixierungskoeffizienten ergeben. Diese liegen bei der Traubeneiche im wesentlichen in einem Bereich von 0,2–0,3 (mit einem auf 5 nSSR-Loci bezogenen maximalen Stichprobenmittelwert von 0,40) und übertreffen in der Tendenz die Werte in den rheinland-pfälzischen Stichproben. Auffallend sind die im Vergleich zur Traubeneiche hohen Durchschnittswerte der Stieleichenbestände (0,29 vs. 0,25), was sich auch in den bereits angesprochenen Werten für die Heterozygotie ausdrückt.

3.2 Genetische Variation zwischen den Stichproben

3.2.1 Quantifizierung genetischer Abstände mittels Dendrogramm

Auf der Basis paarweiser genetischer Abstände wurden Dendrogramme berechnet, von denen ein Beispiel in Abb. 1 dargestellt ist.

Im Falle des Herkunftsversuchs der Traubeneiche, der auch Stichproben aus den Nachbarländern sowie Großbritannien aufweist, unterscheiden sich z.B. die Herkunftsstichproben aus dem Stadtforst Mölln und dem Forstamt Rantzau sowie eine Herkunft aus Großbritannien (Dean) und Müncheberg sehr deutlich von den übrigen Proben. Im Falle des Herkunftsversuchs der Stieleiche sind es die Herkunftsstichproben Barlohe und Rendsburg bzw. eine Mischprobe aus dem Forstamt Ebrach. Bei den Altbeständen der Traubeneiche zeigt Abb. 1 eine Abspaltung von 2 Gruppen einerseits (Montabaur und Wittlich sowie Irrel und Prüm) sowie andererseits die Proben Cochem und Elmstein.

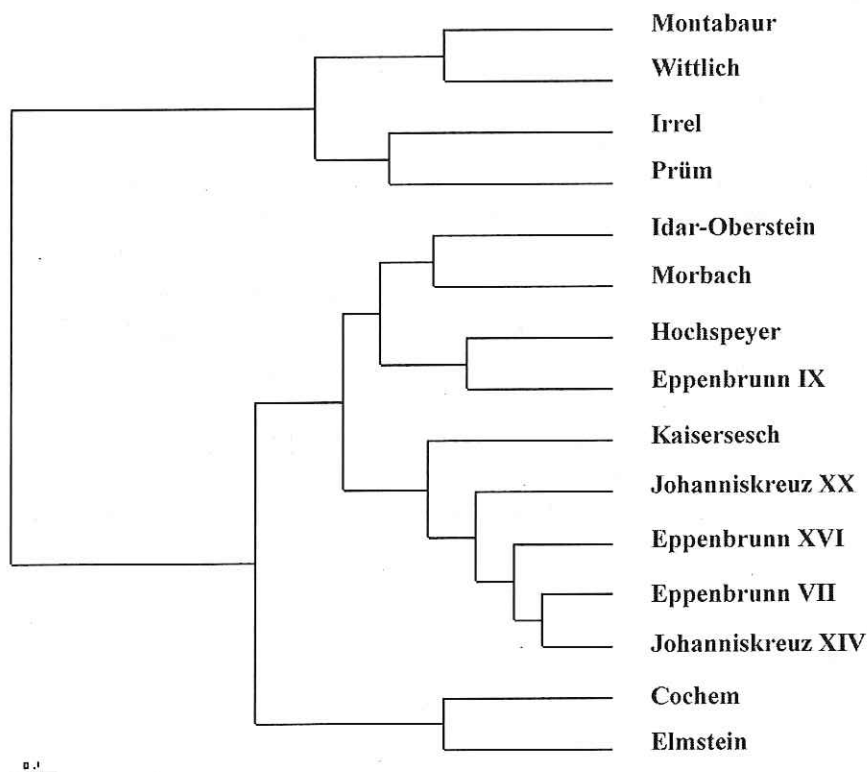


Abb. 1: Dendrogramm für den aus 17 Genorten bestehenden Genpool für 15 Altbestände der Traubeneiche (allelische Abstände nach POPGENE).

Fig. 1: Dendrogram based on the 17 locus gene pool for 15 adult stands of sessile oak (allelic distances according to POPGENE).

Die Altbestände der Stieleiche zeigen genetische Unterschiede vor allem hinsichtlich der Stichproben Linz und Mayen sowie Johanniskreuz XVI und XVII (hier nicht gezeigt; die vollständigen Ergebnisse sind Gegenstand einer separaten Veröffentlichung).

3.2.2 Genetische Differenzierung

Bei dem hier verwendeten Differenzierungsmaß wird für jede einzelne Probe der genetische Abstand zum Restkollektiv berechnet, welches sich aus dem Pool der jeweils verbleibenden Stichproben zusammensetzt. Die Darstellungen in Abb. 2 beruhen auf folgendem Prinzip: Der Radius jedes einzelnen Kreissegmentes gibt die Differenzierung der einzelnen Proben an, während der Radius des Kreises die für den einzelnen Genort oder den Genpool maßgebliche mittlere Differenzierung beschreibt. Je länger die Radien der Kreissegmente sind, um so stärker unterscheiden sich die jeweiligen Proben von dem gepoolten Restkollektiv. Kreissegmente, die nahe am Zentrum liegen, zeigen eine sehr geringe Differenzierung an, d.h. sie enthalten einen besonders großen Teil der genetischen Gesamtinformation. Im Gegensatz dazu repräsentieren Kreissegmente,

welche durch ihre langen Radien besonders aus der Figur herausragen, Proben mit einer sehr starken Differenzierung. Das bedeutet, dass diese Proben nur einen kleinen Anteil der Gesamtinformation des Versuchsmaterials enthalten.

Die besondere Bedeutung dieses Differenzierungsmaßes liegt darin, dass sofort solche Stichproben erkannt werden können, die den Genpool entweder besonders gut repräsentieren oder so speziell sind, dass sie nur einen sehr kleinen Anteil des gesamten Genpools aller Proben widerspiegeln. Zu solchen Spezialisten gehören im Falle der Herkunftsstichproben der Traubeneiche z.B. die beiden Proben aus Dean (GB), während die „Generalisten“ allen voran die Probe aus dem Forstamt Elmstein-Nord, aber auch die Proben aus Belgien (Fagne) und die Probe aus Misterbach (A) sind.

Im Falle des Herkunftsversuchs der Stieleiche sind die „Spezialisten“ vor allem die Proben aus dem Forstamt Ebrach und der Sonderherkunft Eutin, während die beste Repräsentanz des Genpools die Probe Menz ist sowie die Probe Hagenow (Gemisch) und die Probe aus dem Stadforst Lübeck.

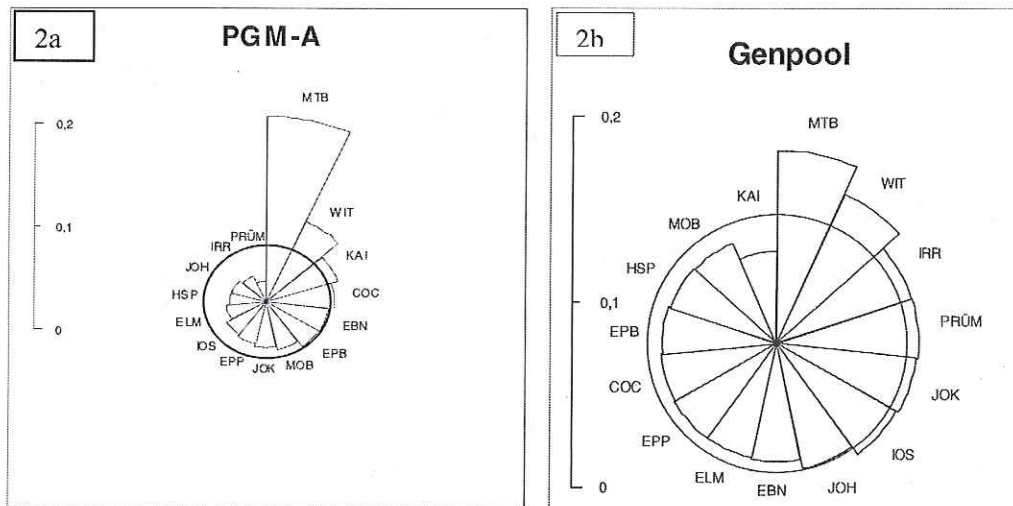


Abb. 2: Genetische Differenzierung von 15 Traubeneichenbeständen am Genort PGM-A (2a) und dem Genpool aus 17 Genorten (2b).

Fig. 2: Genetic differentiation of 15 adult stands of sessile oak at the gene locus PGM-A (2a) and the gene pool of 17 gene loci (2b).

Bei den Generhaltungsbeständen der Traubeneichen-Altbeständen heißen die entsprechenden Extreme Montabaur bzw. Kaisersesch und Morbach (s. Abb. 2). Im Falle der Altbestände der Stieleiche sind die „Spezialisten“ die Stichproben aus Dahn und Linz, während die „Generalisten“ eindeutig die Proben Hagenbach und Kandel sind.

Abb. 2a veranschaulicht beispielhaft im Falle der Traubeneiche die Differenzierung der Herkunftsstichprobe Montabaur (MTB), die sich vom Rest aller anderen Proben so stark unterscheidet, dass sie sich für Maßnahmen mit dem Ziel einer Erhaltung möglichst repräsentativer genetischer Vielfalt deutlich weniger eignet als z.B. die Stichprobe aus

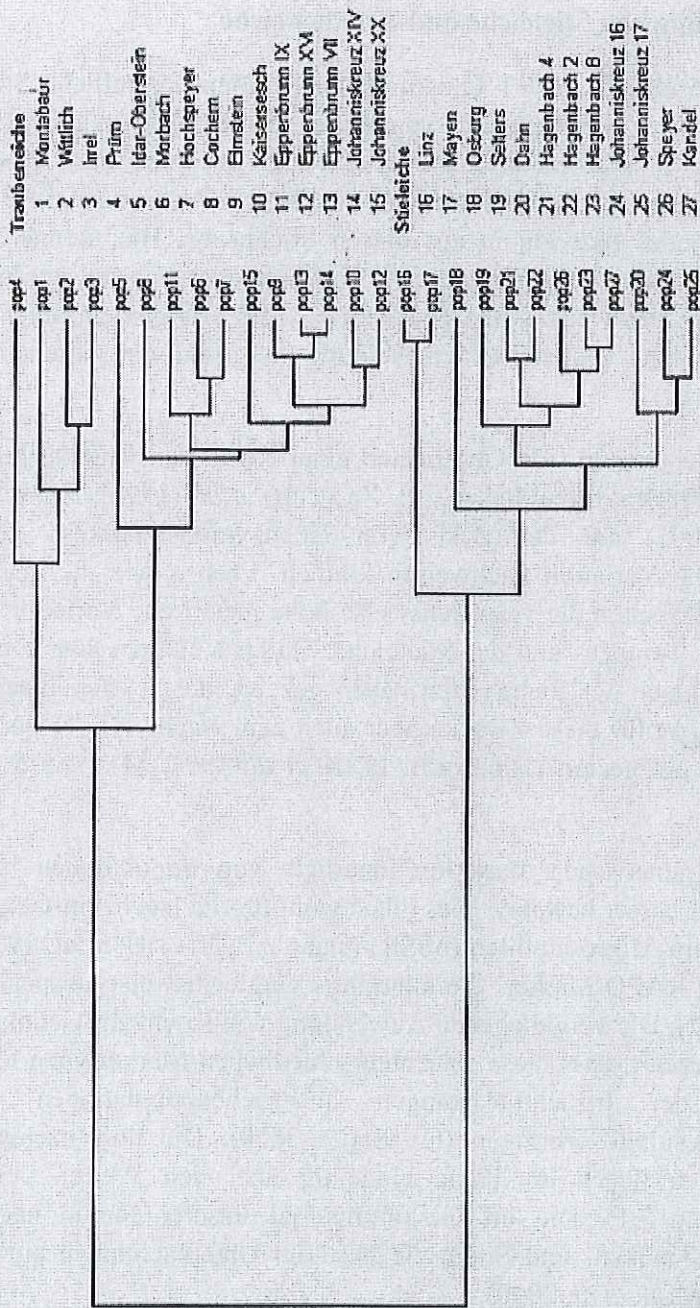
Kaisersesch (KAI). Im Falle der Betrachtung des Genpools desselben Kollektivs (Abb. 2b) kommen Unterschiede zwischen den einzelnen Proben weniger deutlich zum Ausdruck, weil die Berücksichtigung anderer, nicht-indikativer („neutraler“) Genorte die Unterschiede verringert.

3.3 Unterscheidung von Stieleiche und Traubeneiche

Auf der Basis einer Auswahl von 11 Enzym-Genorten können sämtliche Stichproben aus den Altbeständen der Traubeneiche von denen der Stieleiche getrennt werden (s. Abb. 3). Isoenzym-Genmarker sind somit sehr gut geeignet sind, eine globale Zuweisung von Populationsstichproben zu einer der beiden Arten zu vollziehen. Dies betrifft jedoch nicht jedes Individuum aus diesen Stichprobe. Hier können lediglich Wahrscheinlichkeitsaussagen getroffen werden. Dennoch zeigt sich mit überraschender Deutlichkeit, dass trotz des weitaus überwiegenden Auftretens gemeinsamer Allele in beiden Arten eine solche globale Unterscheidung aufgrund der unterschiedlichen Häufigkeiten möglich ist.

Die einheimischen Eichenarten sind Gegenstand einer Reihe von Untersuchungen, die sich über Europa erstrecken. Dabei haben z.B. ZANETTO *et al.* (1994), HERZOG (1996), GÖMÖRY *et al.* (2001) auf der Basis von Isoenzym-Genmarkern geografisch strukturierte genetische Variation nachweisen können. Ebenso wie die gegenwärtige Studie belegen diese Arbeiten die vergleichsweise hohe genetische Variation innerhalb von Populationen der Trauben- und der Stieleiche. Untersuchungen über großräumige geographische Variationen der Eichenarten haben gezeigt, dass extranukleare Marker (Chloroplasten- *cpDNA*) für diese Zwecke aber auch zum Nachweis der postglazialen Rückwanderung sehr gut geeignet sind (z.B. PETIT *et al.* 1997, MATYAS & SPERISEN 2001).

Zum Nachweis der genetischen Variation innerhalb von Populationen haben sich allerdings Kernmarker besser bewährt. Dies gilt sowohl für die Isoenzym-Genmarker (s. oben) als auch für Kern-Mikrosatelliten (nSSR) (siehe z.B. STREIFF *et al.* 1998) und in Einzelfällen auch für RAPD-Marker, die allerdings vergleichsweise unspezifisch sind (LE CORRE *et al.* 1997). Die vergleichende Anwendung von Isoenzym-Genmarkern und nSSR-Markern hat gezeigt, dass diese sehr unterschiedlichen Markertypen hinsichtlich der Einschätzung der Inzuchtbelastungen in Eichenpopulationen sehr gut übereinstimmende Resultate erbringen (LA SCALA 2000). Die dort nachgewiesenen Fixierungskoeffizienten liegen im Trend eindeutig über den Werten der hiesigen Untersuchung (s. Kap. 3.1). Die im Gesamtmaterial unserer Studie nachweisbare Unterscheidung von Trauben- und Stieleiche bestätigt Untersuchungen auf der Basis von Mikrosatelliten (MUIR *et al.* 2000).



11 Genorte: AAT-B, EST-A, GDH-A, IDH-A, IDH-B, MDH-B, MDH-C, MNR-A, 6PGDH-C, PGI-A, PGI-B

Abb. 3: Dendrogramm für den aus 11 Enzym-Genorten bestehenden Genpool für die untersuchten 15 Traubeneichen- sowie 12 Stieleichen-Altbestände (alleliche Abstände).

Fig. 3: Dendrogram for the gene pool of the analyzed 15 adult stands of sessile oak and 12 adult stands of pedunculate oak based on 11 enzyme gene loci (allelic distances).

4 Schlussbemerkungen

Die hiesige Untersuchung hat Kriterien für die Erhaltung genetischer Ressourcen erarbeitet:

Bestände mit dem Potential, die Eichenvorkommen in Rheinland-Pfalz und auch darüber hinaus besonders gut zu repräsentieren, können eindeutig auf Grund ihrer genetischen Differenzierung erkannt werden. Das andere Extrem sind Bestände, die mehr als andere spezifische Information enthalten und auf Grund dieser Tatsache wiederum für Erhaltungsmaßnahmen sehr wichtig sein können.

Insgesamt haben diese Erhebungen zur Charakterisierung der Eichenvorkommen in Rheinland-Pfalz effizient beigetragen und Kriterien für die Erhaltung *in situ* geliefert. Die Nutzung des Informationspotenzials von DNA-Markern wird in Zukunft dazu beitragen, geografische Variationsmuster noch stärker herauszuarbeiten.

Das Problem der Unterscheidbarkeit der Eichenarten kann für Populationsstichproben auf Grund artspezifischer Häufigkeitsverteilungen unter den gegebenen Bedingungen als weitgehend gelöst betrachtet werden. Dies gilt jedoch nicht für die eindeutige Artzuweisung für jedes einzelne Individuum. Die Übereinstimmung der Genome beider „Arten“ ist so groß, dass Hybridisierungen zwischen Arten mit großer Wahrscheinlichkeit unterschätzt werden und damit auch die Wahrscheinlichkeit sinkt, einzelne Individuen definitiv einer Art zuweisen zu können.

Danksagung

Die genetischen Untersuchungen erfolgten im Rahmen von vier Forschungsaufträgen der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft (FAWF) Rheinland-Pfalz in Trippstadt mit der TU München (TUM), Fachgebiet Forstgenetik in Freising-Weihenstephan. Für die zuverlässige Durchführung der umfangreichen Probenahmen in den Herkunftsversuchsflächen sowie den Altbeständen von Trauben- und Stieleiche sei an dieser Stelle der Fa. ISOGEN Reckershausen (DR. BERNHARD HOSIUS) und dem Forst/Ökologie-Service Büro FSB Idar-Oberstein (ECKART BEUTEL) gedankt. Herrn GERD MAACK und Herrn HOLGER PAETSCH (TUM Freising) danken wir für die zuverlässige Durchführung der Laboranalysen ebenso wie Frau ELIANE RÖSCHTER für ihre sehr effektive Hilfe bei der Zusammenstellung von Daten und der Erstellung der Graphiken.

5 Literaturverzeichnis

- ANONYMUS (2000): Baumartenverteilung in Rheinland-Pfalz. Landesforsten Rheinland-Pfalz, siehe: www.wald-rlp.de/1wald.htm.
- ANONYMUS (2003): Waldzustandsbericht für 2003 (Ministerium für Umwelt und Forsten Rheinland-Pfalz, Hrsg.), S.6, S.8-9, S.34.
- DELB, H. & BLOCK, J. [Hrsg.] (1999): Untersuchungen zur Schwammspinner-Kalamität von 1992 bis 1994 in Rheinland-Pfalz. Mitteilungen aus der Forstlichen Versuchsanstalt Rheinland-Pfalz, Nr. 45/99, 241 Seiten + 5 Seiten Abbildungen.
- EDER, W. & ROSE, B. (1995): Waldbauliche Bedeutung der heimischen Eichenarten in Rheinland-Pfalz. In: W. MAURER & U. TABEL (Hrsg.): Genetik und Waldbau unter besonderer Berücksichtigung der heimischen Eichenarten. Mitteilungen aus der Forstlichen Versuchsanstalt Rheinland-Pfalz, Nr.34/95, S.1-21.
- GILLET, E.M. (1994): Genetic Structures from electrophoresis data. GSED User's Manual, Version 1.0. Abteilung für Forstgenetik und Pflanzenzüchtung der Universität Göttingen, 49 Seiten.
- GREGORIUS, H.-R. (1978): The concept of genetic diversity and its formal relationship to heterozygosity and genetic distance. *Mathematical Bioscience*, 41, pp.253-271.
- GREGORIUS, H.-R. (1987): The relationship between the concepts of genetic diversity and differentiation. *Theoretical and Applied Genetics*, 74, pp.397-401.
- GREGORIUS, H.R. (1991): Gene conservation and the preservation of adaptability. In: A. SEITZ & V. LOESCHKE (eds.): Species Conservation: A Population-Biological Approach. Basel, Birkhäuser Verlag, pp.31-47.
- GREGORIUS, H.-R., KRAUHAUSEN, J. & MÜLLER-STARCK, G. (1986): Spatial and temporal genetic differentiation among seeds in a stand of *Fagus sylvatica* L.. *Heredity*, 57, pp.255-262.
- GREGORIUS, H.-R. & ROBERDS, J. H. (1986): Measurement of genetical differentiation among subpopulations. *Theoretical and Applied Genetics*, 71, pp.826-834.
- GÖMÖRY, D, YAKOVLEV, I., ZHELEV, P., JEDINÁKOVÁ, J. & PAULE, L. (2001): Genetic differentiation of oak populations within the *Quercus robur* / *Quercus petraea* complex in Central and Eastern Europe. *Heredity*, 86, pp.1-7.
- HERTEL, H. & ZASPEL, I. (1996): Investigations on vitality and genetic structure in oak stands. *Annales des Sciences Forestieres*, 53, pp.761-773.
- HERZOG, S. (1996): Genetic inventory of European oak populations: consequences for breeding and gene conservation. *Annales des Sciences Forestieres*, 53, pp.783-793
- HERZOG, S. & MÜLLER-STARCK, G. (1993): Untersuchungen zur genetischen Differenzierung bei Stieleiche (*Quercus robur* L.) und Traubeneiche (*Quercus petraea* Liebl.): Konsequenzen für die Erhaltung genetischer Ressourcen. *Forstarchiv*, 64, S.88-92.

- KONNERT, M.; FROMM, M. & WIMMER, TH. (2004): Anleitung für Isoenzymuntersuchungen bei Stieleiche (*Quercus robur*) und Traubeneiche (*Quercus petraea*) – Anleitungen zur Trennmethode und Auswertung der Zymogramme. www.genres.de/fgrdeut/iso-handbuecher/stieleiche-arbeitsanleitung.pdf, 19 Seiten.
- LA SCALA, S. (2000): Microsatellite markers as a tool for the characterisation of genetic variation in populations of sessile oak (*Quercus petraea* (Matt.) Liebl.). Dissertation Technische Universität München, Wissenschaftszentrum Weihenstephan, Studienfakultät Forstwissenschaft und Ressourcenmanagement. 67 pages + annex.
- LE CORRE, V., DUMOLIN-LAPEGUE, S., KREMER, A. (1997): Genetic variation at allozyme and RAPD loci in sessile oak *Quercus petraea* (Matt.) Liebl.: the role of history and geography. *Molecular Ecology*, 6, pp.519-529.
- LEONHARDT, J. (2003): Wald und Forstwirtschaft in Rheinland-Pfalz. *Unser Wald*, 6/2003, S.16-17.
- MÁTYÁS, G., & SPERISEN, C. (2001): Chloroplast DNA polymorphisms provide evidence for postglacial re-colonisation of oaks (*Quercus* spp.) across the Swiss Alps. *Theoretical and Applied Genetics*, 102, pp.12-20.
- MAURER, W.D. & TABEL, U. (2000): Einrichtung und Bewirtschaftung forstlicher Generhaltungsbestände am Beispiel der Buche (*Fagus sylvatica* L.) in Rheinland-Pfalz (Deutschland). In: R. FINKELDEY, P. BONFILS & R. LANDOLT (Hrsg.): Forstliche Genreservate. Forest, Snow and Landscape Research, 75(1/2), S.213-225.
- MAURER, W.D. & TABEL, U. (2002): Das „Genressourcen“-Programm – Maßnahmen zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in Rheinland-Pfalz. *Forst und Holz*, 57.Jg., S.25-29.
- MAURER, W.D.; TABEL, U.; KÖNIG, A.O.; STEPHAN, B.R. & MÜLLER-STARCK, G. (2000): Provenance trials on *Quercus robur* L. and *Quercus petraea* (MATT.) LIEBL. in Rheinland-Palatinate (Germany): Preliminary results of phenotypic and genetic surveys. In: J. VUKELIĆ & I. ANIĆ (eds.): Glasnik za šumske pokuse – Annales experimentis silvarum culturae provehendis, no. 37. Proceedings of the International IUFRO-Conference “Oak 2000 – Improvement of Wood Quality and Genetic Diversity of Oaks” in Zagreb (Kroatien) am 20.-25.5.2000, pp.329-345.
- MEYER, K. (1990): Die Furniereiche im Pfälzerwald. *Forst und Holz*, 45.Jg., 11, S.289-292.
- MÜLLER-STARCK, G.; HERZOG, S., HATTEMER, H.H. (1993): Intra- and interpopulational genetic variation in juvenile populations of *Quercus robur* L. and *Quercus petraea* Liebl. *Annales des Sciences Forestieres*, 50, Suppl.1, pp.233-244.
- MÜLLER-STARCK, G.; MAURER, W.D.; TABEL, U. & SCHUBERT, R. (2002): Genetische Variation innerhalb und zwischen Herkünften eines Stieleichen-Provenienzversuchs (*Quercus robur* L.). In: W.D. MAURER (Hrsg.): Vom genetischen Fingerabdruck zum gesicherten Vermehrungsgut: Untersuchungen zur Erhaltung und Nutzung forstlicher Genressourcen in Rheinland-Pfalz Mitteilungen aus der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Nr. 49/02, S.162-183.

- MÜLLER-STARCK, G.; ZANETTO, A.; KREMER, A. & HERZOG, S. (1996): Inheritance of isozymes in the genus *Quercus*: II. Sessile oak (*Quercus petraea* (Matt.) Liebl.) and offspring from interspecific crosses. *Forest Genetics*, 3, pp.1-12.
- MUIR, G., FLEMING, C.C., SCHLÖTTERER, C. (2000): Taxonomy: Species status of hybridizing oaks. *Nature*, 405, p.1016.
- NEI, M. (1972): Genetic distance between populations. *American Naturalist*, 106, pp.283-292
- PAUL, M.; HINRICH, T.; JANSSEN, A.; SCHMITT, H.P.; SOPPA, B.; STEPHAN, B.R. & DÖRFLINGER, H. (2000): Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland. Neufassung 2000 (Sächsische Landesanstalt für Forsten Pirna-Graupa, Hrsg.), 66 Seiten.
- PETIT, R., PINEAU EMMANUEL, J., DEMESURE, B., BACILIERI, R., DUCOUSSO, A., KREMER, A. (1997): Chloroplast DNA footprints of postglacial recolonisation by oaks. *Proceedings of the National Academy of Science USA*, 94, pp.9 996-10 001.
- PETRI, H. (1970): Eichenanbau in Rheinland-Pfalz. *Allgemeine Forst Zeitschrift*, 25.Jg., Heft 36, S.766-768.
- SPETHMANN, W. (1987): Artbestimmung von zugelassenen Eichen-Beständen durch Untersuchung von Eichenblättern und Fruchtbländen. Internes Manuskript der NFV Escherode, 25 Seiten.
- STARKE (1996): Die Reproduktion der Buche (*Fagus sylvatica* L.) unter verschiedenen waldbaulichen Gegebenheiten. In: G. MÜLLER-STARCK (Hrsg.): Biodiversität und nachhaltige Forstwirtschaft ecomed-Verlag Landsberg, 1. Auflage, S.135-159.
- STREHLE, U. (2000): Genetische Variation der Stieleiche (*Quercus robur* L.) in auf der Basis von Isoenzym-Genmarkern. Dissertation Technische Universität München, Wissenschaftszentrum Weihenstephan, Studienfakultät Forstwissenschaft und Ressourcenmanagement. 105 Seiten + Anhang.
- STREIFF, R.; LABBE T.; BACILIERI, R.; STEINKELLNER, H.; GLÖSSL, J. & KREMER, A. (1998): Within-population genetic structure in *Quercus robur* L. and *Quercus petraea* (Matt.) Liebl. assessed with isozymes and microsatellites. *Molecular Ecology*, 7, pp. 317-328.
- TABEL, U. & MAURER, W. (1992): Genetische Inventur der Buchenpopulationen in Rheinland-Pfalz: Konzept zur Auswahl der Untersuchungsbestände. In: „Biochemische Untersuchungen zur Genetik von Waldbaumpopulationen“. *Schriftenreihe der Landesanstalt für Forstwirtschaft Nordrhein-Westfalen*, Sonderheft zur 21. Internationalen Tagung der AG Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung am 22.-23.6.1992 in Arnsberg, S.23-30.
- TRAINER, E. (2001): Reproduktion in Beständen der Traubeneiche (*Quercus petraea* (Matt.) Liebl.). Dissertation TU München, Wissenschaftszentrum Weihenstephan, Studienfakultät Forstwissenschaft und Ressourcenmanagement. (101 Seiten + XLVI Seiten Anhang);
<http://tumb1.biblio.tu-muenchen.de/publ/diss/ww/2001/trainer.pdf>.
- WRIGHT, S. (1969): Evolution and the genetics of populations. Vol. 2: The theory of gene frequencies. Chicago and London: University of Chicago Press.

- YEH, F.C. & BOYLE, T.J.B. (1997): Population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits. *Belgian Journal of Botany* 129, pp.157.
- ZANETTO, A.; ROUSSEL, G. & KREMER, A. (1994): Geographic variation of inter-specific differentiation between *Quercus robur* L. and *Quercus petraea* (Matt.) Liebl.. *Forest Genetics*, 1, pp.111-123.
- ZANETTO, A.; KREMER, A.; MÜLLER-STARCK, G. & HATTEMER, H.H. (1996): Inheritance of isozymes in pedunculate oak (*Quercus robur* L.). *Hereditas*, 87, pp.364-370.

Anschriften der Autoren:

PROF. DR. GERHARD MÜLLER-STARCK

Technische Universität München, Wissenschaftszentrum Weihenstephan für Ernährung,
Landnutzung und Umwelt, Fachgebiet Forstgenetik
Am Hochanger 13
D-85354 Freising

e-mail: mueller-starck@forst.tu-muenchen.de

DR. WERNER D. MAURER

SGD Süd, Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz
Abt. Genressourcen und Forstpflanzenerzeugung
Schloss
D-67705 Trippstadt

e-mail: werner.maurer@wald-rlp.de

nachfolgende Seiten 98-101:

6 Anhang

Übersicht über die untersuchten Herkünfte [Tab. 6.1 und Tab. 6.2] und rheinland-pfälzischen Altbestände (potenzielle Generhaltungsbestände) [Tab. 6.3 und Tab. 6.4] von Traubeneiche (*Quercus petraea*) und Stieleiche (*Quercus robur*)

Tab. 6.1: *Quercus petraea*-Provenienzversuch: Herkunft der Traubeneichen.
Quercus petraea-provenance test: Origin of the sessile oak collections.

Herkunft Nr.	Land	Bezeichnung des Ausgangsmaterials der Traubeneichen-Herkünfte	Geographische Länge	Geographische Breite	Höhe [m ü. NN]
1	D / SH	Stadtforst Mölln, Büffelskopf Abt. 16	10°45'	53°37'	36
2	D / SH	FA Rantza, Rfö. Kummerfeld, Esinger Wohld Abt. 83A	09°46'	53°43'	10
3	D / NI	FA Göhrde, Abt. 84a	10°51'	53°06'	80-95
4	D / NI	FA Sprakenschl, Rfö. Hagen Abt. 210b	10°36'	52°48'	115
5	D / NW	FA Recklinghausen, Stadtforst Haltern, Rfö. Frettholz Abt. 202	07°11'	51°46'	75
6	D / NW	FA Recklinghausen, Stadtforst Haltern, Rfö. Frettholz Abt. 204a	07°10'	51°46'	71
7	D / HE	FA Bad Hersfeld, Rfö. Stadtwald, Abt. 571a ¹	09°40'	50°53'	240-330
8	D / HE	FA Wolfgang, Rfö. Rodenbach, Abt. 43B1, 44A1, 47A1, 48A	09°03'	50°09'	140-200
9	D / BY	FA Riedenburg, Rfö. Essing II, Distr. XIII, 1a ¹ und Distr. XVI, 2a ¹ , 2b ¹	11°49'	48°58'	450-465
10	D / BY	FA Ebrach, Rfö. Koppenwind, Distr. II Rambach	10°30'	49°51'	390
11	D / RP	FA Cochem, Rfö. Ediger-Eller Abt. 13 a ² , b ²	07°03'	50°05'	400
12	D / RP	FA Elmstein-Nord, Rfö. Speyerbrunn, Distr. XVII, Abt. 1b ¹	07°56'	49°21'	400-505
13	D / RP	FA Johanniskreuz, Rfö. Burgalb, Distr. XIV, Abt. 2a, b ² , c ²	07°53'	49°24'	460
14	D / SH	FA Farchau, Rfö. Ravenskamp Abt. 55	10°46'	53°40'	35-50
15	D / NI	FA Lappwald, Rfö. Weidensol Abt. 68b	10°54'	52°12'	180
16	D / BY	FA Ebrach, Rfö. Koppenwind, Distr. II Rambach	10°30'	49°51'	400
17	DK	Århus, DDH Silkeborg, Horbylund, Jenssen-Buchske plt. 6k, 7f	09°25'	56°08'	65-90
18	DK	Århus, Løndal Næs, Næsset 7a, 7b	09°36'	56°04'	25
19	A	Niederösterreich, Wienerwald, Purkersdorf TrEi 5(III/4/3-6)	16°10'	48°12'	290-370
20	A	Burgenland, Klostermarienberg	16°34'	47°25'	310
21	A	Niederösterreich, Mistelbach, Heidleiten	16°34'	48°38'	280
22	TR	Bolu, Ayikayasi 48	31°40'	40°55'	900-1500
23	GB	Glos, Dymock SOK 4008	2°27'W	51°57'	70
24	B	Ostflandern, Fagnes, Bois de Chimay, Queue de l'Herse	04°22'	50°05'	220-230
25	B	Hainaut, Gent, Buggenhout Comp. 4, 9, 11	04°12'	50°59'	24
26	D / NI	FA Lüß, Rfö. Kempelhom Abt. 108c ₁ , 128b ₁	10°18'	52°50'	110
27	D / RP	FA Elmstein-Nord, Rfö. Speyerbrunn, Distr. XVII, Abt. 1b ¹	07°56'	49°21'	400-505
28	PL	Kalisz, Syców, Smardze 97bc, 98c, 99bc, 126c, 127b, 128a	17°56'	51°11'	210
29	F	Sarthe, ONF Le Mans, Berce 01 CR 03 (H1 89142)	0°27'	47°47'	120
30	F	Allier, ONF de Moulin, Dreuille 06 CR 02 (H1 89172)	02°53'	46°28'	300
31	F	H. Marne ONF de Langres, Bussieres 11 CR 04 (H1 89221)	05°50'	47°45'	360
32	F	Vienne, ONF de Poitiers, Vouillé St Hilaire 02 CR 03 (H1 89261)	0°20'	46°37'	143
33	D / BY	FA Ebrach, Rfö. Koppenwind Abt. 7a ¹	10°30'	49°51'	380
34	H	keine Angaben hierzu vorhanden			
35	N	V.-Agder, Søgne, Vest-Agder landbruksskole	07°50'	58°06'	25
36	GB	Glos., Forest of Dean, Blakeney Comp. 402, 403, POK 4001	2°30'W	51°47'	76
37	GB	Glos., Forest of Dean, Sutton Bottom Comp. 446, POK 4007	2°29'W	51°49'	120
38	D / BB	Amt für Forstwirtschaft Müncheberg, Buckow Abt. 3329 a ¹	14°05'	52°34'	50

Tab. 6.2: *Quercus robur*-Provenienzversuch: Herkunft der deutschen und niederländischen Stieleichen.
Quercus robur-provenance test: Origin of the German and Dutch pedunculate oak collections.

Herkunft Nr.	Land	Bezeichnung des Ausgangsmaterials der Stieleichen-Herkünfte	Bezeichnung des Herkunftsgebiets
1	D / SH	Barlohe, Abt. 247c	Ostsee-Küstenraum
2	D / SH	Rendsburg, Abt. 325C+D, 333B, 334A	Ostsee-Küstenraum
3	D / NI	Bentheim, Fürstl. Verwaltung in Steinfurt, Abt. 18a, 18c, 19a	Niedersächsischer Küstenraum & Rheinisch-Westfälische Bucht
4	D / SH	Stadtforst Lübeck, Abt. 136/7	Ostsee-Küstenraum
5	D / SH	Eutin (keine Angaben)	Ostsee-Küstenraum
6	D / NI	Peine (äußerst spät austreibend), Abt. 343a ³	Heide & Altmark
7	D / NW	Steinfurt (L. Lintel), Abt. 4K	Niedersächsischer Küstenraum & Rheinisch-Westfälische Bucht
8	D / NW	Eitdorf (Graf Nesselrode), Abt. 80c, 81c	Westdeutsches Bergland
9	D / NW	Duingenwald, Abt. 54c	Westdeutsches Bergland
10	D / NI	Walkenried, Abt. 106b ¹	Westdeutsches Bergland
11	D / NI	Samenplantage Berkel	Heide & Altmark
12	D / RP	Argenthal (Hunsrück), Abt. 13a	Westdeutsches Bergland
13	D / RP	Burg Eltz (Späteiche), Abt. 28c ¹	Westdeutsches Bergland
14	D / RP	Mutterstadt, Abt. I 6 ³ ; 7 ¹	Oberrrheingraben
15	D / HE	Nidderau, Stadt Langenselbold, Abt. 15a, 16	Westdeutsches Bergland
16	D / HE	Wolfgang, Abt. 76A, 77A, 88B, (Standard)	Westdeutsches Bergland
17	D / BY	Wasserburg (Laimbach), Abt. V 3a ⁰	Süddeutsches Hügel- und Bergland sowie Alpen
18	D / BY	Ebrach, Abt. XIII Eichholz (Standard)	Süddeutsches Hügel- und Bergland sowie Alpen
19	D / MV	Schwerin (Gemisch)	Ostsee-Küstenraum
20	D / MV	Hagenow (Gemisch)	Ostsee-Küstenraum
21	D / BB	Menz, Abt. 4 417a ¹	Ostdeutsches Tiefland
22	D / BB	Zehdenik, Abt. 285c ⁵ / d ¹	Ostdeutsches Tiefland
23	NL	Bremerberg (seltene Kategorie) 01 NL.ZS.8.2.03-01	Niederlande
24	NL	Elsendorp (seltene Kategorie, NL.S.3.3.21-01)	Niederlande
25	NL	Niederlande, III Wageningen	Niederlande
26	D / NW	Stadt Viersen, Abt. 36B, 38	Niedersächsischer Küstenraum & Rheinisch-Westfälische Bucht
27	D / HE	Hofgeismar, Abt. 164B, 165A	Westdeutsches Bergland
28	D / RP	Mündersbach (Westerwald), Abt. 5a ²	Westdeutsches Bergland
29	D / RP	Hagenbach, Abt. VII 11 ²	Oberrrheingraben
30	NL	Stadskanaal (seltene Kategorie), NL.S.4.01-01	Niederlande

Abkürzungen in Tab. 6.1 und Tab. 6.2:

Deutsche Bundesländer: BB, Brandenburg; BY, Bayern; HE, Hessen; MV, Mecklenburg- Vorpommern
 NI, Niedersachsen; NW, Nordrhein-Westfalen; RP, Rheinland-Pfalz; SH, Schleswig-Holstein;

Europäische Länder: A, Österreich; B, Belgien; D, Deutschland; F, Frankreich; GB, Großbritannien;
 H, Ungarn; N, Norwegen; NL, Niederlande PL, Polen; TR, Türkei

Hinweis zu **Tab. 6.1:** mit *Kursivschrift* sind auch die Herkünfte des Gesamtversuchs aufgeführt,
 die **nicht** in der Versuchsfläche Eppenbrunn enthalten sind.

Tab. 6.3: Übersicht über die isozymatisch untersuchten 15 Altbestände von Traubeneiche (*Quercus petraea*).

List of the adult stands of sessile oak (*Quercus petraea*) under isozymic study.

Wuchsgebiet	Wuchsbezirk	Forstamt	Bestand	Besitzer	Jahr der Zulassung	Höhe ü. NN (m)	Fläche (ha)	Alter 2003	Bemerkung
Pfälzerwald	Städtlicher Pfälzerwald (Wasgau)	Eppensbrunn	VII 7 b ¹	Staat	1974	360-430	11,2	120	
			IX 9 ²	Staat	1978	320-440	10,1	305	
			XVI 3 e	Staat	1984	370-387	15,0	184	
Pfälzerwald	Mittlerer Pfälzerwald	Elmstein	XXI 5 a ³ & 5 b ²	Staat	1985	505-550 415-515	5,0 3,1	177	Gesamtfläche 8,1 ha
			XIX 13 a ¹	Staat	1979	325-385	33,30	265	
			XX 6 a ² & 7 a ²	Staat	1978	340-420	9,4 3,2	293 312	Gesamtfläche 12,6 ha
Saar-Nahe-Berg- und Hügelland	Oberes Nahebergland	Idar-Oberstein	XIV 2 a ¹ & 2 b ² & 2 c ²	Staat	1974	460-460	10,4; 14,2; 8,7	195	Gesamtfläche 33,3 ha
			10 a	Staat	1999	430-475	7,0	118	
Hunsrück	Hoch- und Idarwald	Morbach	79 a	Staat	1988	520-560	4,8	187	
			11 a ¹	Staat	1986	260-330	5,4	174	
Ostefel	Moselfel	Kaisersesch	55 a	Staat	1996	390-465	7,8	148	
			121	Staat	1985	220-320	10,8	156	
Westefel	Westliche Hocheifel	Schneifel	146 a ¹	Staat	1992	540-560	7,1	128	
Gutland	Ferschweiler Plateau	Irrel	4 a ²	Staat	1985	300-325	6,1	110	
Westerwald	Niederwesterwald	Montabaur	37 a	Staat	1987	220-370	3,6	84	

Tab. 6.4: Übersicht über die isoenzymatisch untersuchten 12 Albestände von Stieleiche (*Quercus robur*).
List of the adult stands of *pedunculata* oak (*Quercus robur*) under isozymic study.

Wuchsgebiet	Wuchsbezirk	Forstamt	Bestand	Besitzart	Zulassung	Höhe ü. NN (m)	Fläche (ha)	Alter 2003	Bemerkung
Nördliches Ober rheinisches Tiefland	Vorderpfälzische Rheinebene	Hagenbach	XIV 2 a ¹	Staat	1988	129-130	17,9	82	
			XVII 4 a ¹	Staat	1984	130-130	19,5	154	
			XXI 8 ¹ & 9 b ²	Staat	1984	129-130	5,6 7,8	103	Gesamtfläche: 13,4 ha
Pfälzerwald	Rheinauen	Kandel	XXII 10 a ³	Staat	1976	132-133	13,6	175	
			VII 5 b ⁵	Staat	1986	96-97	2,5	99	
			VI 13 b ³	Staat	1989	230-300	5,8	175	
Pfälzerwald	Südlicher Pfälzerwald (Wasgau)	Dain	XXII 17 ² & 15 a ¹	Staat	1995	390-430	1,3 0,5	169	Gesamtfläche: 1,8 ha
			XXII 16 a ³ & 15 b ⁵	Staat	1995	395-415	4,8 0,5	169	Gesamtfläche: 5,3 ha
			243 a	Staat	1985	240-270	4,2	94	
Moschall	Mittleres Moseltal	Osburg	243 a	Staat	1985	240-270	4,2	94	
Mittelrheintal	Mittelrheinisches Becken	Mayen	28 b ⁴	Privatwald Graf zu Eltz	1985	230-265	7,7	144	
Westerwald	Niederrheinisches Becken	Linz	6 b ¹	Gde. Rheinbrühl	1993	270-310	3,9	132	
			4 c	Gde. Münders- bach	1986	300-320	4,9	146	

Auswirkungen räumlicher Verteilungen genetischer Varianten in Buchenbeständen auf dort geerntetes Saatgut

MARTIN ZIEHE & HANS H. HATTEMER

Keywords: Beech stand, *Fagus sylvatica*, enzyme gene loci, genotype clumping, spatial autocorrelation, seed collection.

Abstract

Title of the paper: Effects of spatial genetic structures in beech stands on the collected seed.

The interplay of gene flow and selection processes leads to a more or less structured geographic pattern of genetic variants in naturally regenerated tree populations. Due to restrictions in gene flow by effective pollen and even more so by seeds, the genetic variants in beech stands tend to occur in clumps. This clumping is supported by selection processes induced by the environmental conditions of the local microsite. The clumped occurrence of alleles and genotypes including multiple locus genotypes with high or low heterozygosity was observed at various enzyme gene loci. It is described by various methods such as visual mapping, correlograms, and distograms.

The distance classes and the degrees of autocorrelations help to infer on the origin of spatial genetic structures. If similarities exist between trees at distances beyond the reach of seed transport, their causal interpretation by local selection is adequate. If similarities exist between trees growing more closely to each other and within the reach of seed transport, family structures are more likely to apply.

The existence of spatial genetic structures may have various consequences for the frequency structure of genotypes in the population. It has also various direct implications for the methodology of the sampling of populations involved in genetic inventories, because all differentiated patches of trees should have equal chances to enter the samples. Given restricted gene flow, the seed collected in various parts of stands is expected to differ genetically. The genetic quality of the seed collected for commercial production of forest reproductive material strongly depends on procedures of seed collection accounting for spatial structures in the basic material.

Schlagwörter: Buchenbestand, *Fagus sylvatica*, Enzymgenloci, Genotyp, Klumpung, räumliche Autokorrelation, Saatgutgewinnung

Zusammenfassung

Das Zusammenwirken von Genfluss und Selektion führt dazu, dass die genetischen Varianten in natürlich verjüngten Beständen nach einem mehr oder weniger ausgeprägten geographischen Muster verteilt sind. Aufgrund beschränkter Reichweite des Genflusses durch effektiven Pollen und erst recht des Genflusses durch Samen treten in Buchenbeständen genetische Varianten vorzugsweise geklumpt auf. Selektion durch die ökologischen Gegebenheiten des Kleinstandortes verstärkt diese Klumpung. An verschiedenen Enzymgenloci wurde Klumpung von Allelen und Genotypen einschließlich von Multilocus-Genotypen unterschiedlichen Heterozygotiegrads beobachtet. Diese Verteilungen werden durch verschiedene Methoden wie die einfache kartenmäßige Darstellung sowie - nach Glättung - durch Verfahren geographischer Informationssysteme beschrieben. Die Analyse erfolgt an Hand von Korrelogrammen und Distogrammen.

Die Entfernungen zwischen autokorrelierten Populationsteilen und der Grad ihrer Ähnlichkeit sind eine Hilfe bei der ursächlichen Interpretation räumlicher genetischer Strukturen. Bestehen Ähnlichkeiten

zwischen Bäumen außerhalb der Reichweite des Samentransports, so ist ihre Ursache in örtlicher Selektion zu suchen. Bestehen dagegen Ähnlichkeiten zwischen Bäumen in geringerer Entfernung, so liegen eher Familienstrukturen vor - besonders dann, wenn die Entfernung zwischen diesen Bäumen die Reichweite des Samentransportes unterschreitet.

Die Existenz räumlicher genetischer Strukturen hat unter Umständen verschiedene Konsequenzen für die Häufigkeiten der Genotypen in der Population. Sie hat jedoch verschiedene unmittelbare Konsequenzen für die Methodik der Stichprobennahme in Populationen im Rahmen genetischer Inventuren; denn die differenzierten Bestandepartien sollten bei der Beprobung mit gleicher Wahrscheinlichkeit erfasst werden. Unter den Bedingungen beschränkter Genflusses ist zu erwarten, dass auch die in verschiedenen Bestandepartien geernteten Samen genetisch differenziert sind. Die genetische Qualität von Saatgut hängt dann sehr davon ab, ob das Ernteverfahren der räumlichen genetischen Struktur des Ausgangsmaterials angepasst ist.

1 Einleitung

Im Unterschied zu Populationen von Tieren sind die von Pflanzen in der Regel nicht so weitgehend durchmischt. Im Falle von Pflanzen darf man also nicht einfach von der Betrachtung der gesamten Population ausgehen und erwarten, die überhaupt vorkommenden genetischen Varianten in allen ihren Teilen mit gleicher Häufigkeit anzutreffen. Die Ursache hierfür ist in erster Linie die Ortsfestigkeit von Pflanzen. Für die vollständige Besetzung ihres eigenen Habitats und die Besetzung neuer Habitate ist für eine Pflanzenpopulation jedoch erforderlich, dass ihre Samen und anderen Diasporen über gewisse Entfernungen verbreitet werden. Mit dieser Verbreitung wird genetische Information in Form diploider Genotypen transportiert. Samentransport über größere Entfernungen trägt zur Durchmischung bei. Über je kürzere Distanzen die Samen verbreitet werden, desto weniger gründlich aber wird die Population durchmischt. Genetische Information wird auch in Form von Gameten mit dem Pollen transportiert. Auch diese Art von Genfluss begründet eine von dessen Reichweite abhängige mehr oder weniger deutliche Tendenz zur räumlichen Durchmischung der genetischen Varianten in der Population.

Die Reichweite des Genflusses sowohl durch Früchte bzw. Samen als auch Pollen ist begrenzt. Je nach Baumart und je nach den Umweltverhältnissen der Population überwiegen die Transportentfernungen entweder der Samen oder der Pollen. In Buchenbeständen (*Fagus sylvatica* L.) werden nach den Untersuchungen von STARKE (1996), WANG (2001) und DECARLI MUÑOZ (2003) die Bucheckern bei beobachteten Reichweiten zwar bis ca. 50m, in den weit überwiegenden Fällen aber nur bis 15m weit transportiert, effektiver Pollen meist bis 70m weit. Trotzdem geringe Mengen effektiven Externpollens nachweislich über größere Entfernungen herantransportiert werden, bewirkt die mäßige Effizienz des Genflusses bei dieser Baumart eine relativ starke Tendenz zur Entmischung der Population und in naturverjüngten Beständen damit zum leicht geklumpten Auftreten genetischer Varianten. Es ist auch zu erwarten, dass näher beieinander stehende Bäume in einem gewissen Grade verwandt sind.

Die Bindung der Pflanzen als ortsfester Organismen an ihren geographischen Ort bedeutet gleichzeitig eine mehr oder weniger feste Bindung an ihren ökologischen Standort. Dieser setzt bei Existenz geeigneter genetischer Varianten Selektionsprozesse in Gang. Je enger genetische Varianten an ihren Mikrostandort gebunden sind, desto mehr dürfte das Muster genetischer Variation das Variationsmuster der Umwelt widerspiegeln. Zwar wird dieses Muster durch den Genfluss immer wieder verwischt; nichtsdestoweniger zählt auch Anpassung zu den Ursachen räumlicher genetischer Strukturen (MÜLLER-STARCK 1993, TUROK 1996, ZIEHE *et al.* 1999, ZIEHE 2003). In den herkömmlich naturverjüngten Buchenbeständen dürfte sich diese Tendenz stärker auswirken, da sich die Umweltverhältnisse der Individuen aufeinander folgender Generationen hier besonders ähneln.

Rheinland-pfälzische Buchenbestände wurden im Rahmen von Untersuchungen über ihre genetische Variation und ihr Reproduktionssystem inventiert. Auf der Grundlage der Ergebnisse werden im vorliegenden Beitrag die Intensität und die Ausformung räumlicher genetischer Strukturen besonders in Altbeständen dargestellt. Dabei wird auf die Ursachen der Entstehung dieser Strukturen eingegangen. Schließlich werden die Auswirkungen dieser räumlichen Strukturen auf die Eignung von Methoden der genetischen Inventur und auf das Verfahren der Saatguternte betrachtet.

2 Material und Methoden

Als Material dienen 22 rheinland-pfälzische Buchenbestände (MAURER und TABEL 2000), in welchen im Zuge einiger Forschungsvorhaben bis zu 15 Enzymgenloci unter verschiedenen Aspekten untersucht wurden (STARKE *et al.* 1995, TUROK *et al.* 1998, ZIEHE *et al.* 1998, 2002). In den Beständen wurden jeweils etwa 200 Altbäume an Hand eines über den Bestand gelegten Gitters beprobt. Die Maschenweite des Gitters wurde je nach Dichtstand der Altbuchen enger oder weiter gewählt und betrug je nach Bestand zwischen 20 und 40m. Beprobt wurden die den Gitterpunkten nächststehenden Altbuchen. Die räumliche Verteilung der Buchen und ihrer später festgestellten Genotypen ist für einige Bestände in Karten festgehalten und hier genutzt worden; dabei wurden die Baumpositionen auf den Gitterpunkten angenommen, was kaum zu nennenswerten Ungenauigkeiten führen konnte (ZIEHE 2003). Die Genotypen der dazwischenstehenden Buchen wurden nicht erfasst.

An einigen der zur Untersuchung herangezogenen Enzymgenloci haben sich genetische Varianten als adaptiv relevant herausgestellt. Hierzu gehört das Allel LAP-A₄ (ggf. zusammengefasst mit A₅), welches sich bei der Keimung bzw. in der ersten Jungwuchsphase für die Viabilität als vorteilhaft erwiesen hat (MÜLLER-STARCK 1993, STARKE *et al.* 1996, ZIEHE *et al.* 1995, ZIEHE & HATTEMER 1998, ZIEHE *et al.* 1999). Ferner sind die Allele IDH-A₂ wegen des Zusammenhangs mit dem Befall durch die Buchenwollschildlaus (ZIEHE & HATTEMER 1998, ZIEHE *et al.* 1999) sowie PGM-A₂ wegen erhöhter Toleranz der Heterozygoten (MÜLLER-STARCK 1993, ZIEHE *et al.* 1999)

und spezifischer großräumiger Variation (KONNERT *et al.* 2000) von Interesse. Zu beachten war ferner das Allel 6PGDH-A₃, welches verschiedentlich mit Wachstumseigenschaften der Buche in Zusammenhang gebracht wurde.

Die räumlich-genetische Variation wurde auf verschiedene Arten und Weisen dargestellt:

- Die Verbreitungskarten von Allelen oder der Genotypen an einzelnen Genorten bzw. von Parametern der Multilocus-Genotypen wie dem Heterozygotiegrad lassen zunächst rein visuell räumliche Strukturen erkennen. Nach ihrer räumlichen Verarbeitung erlauben die Karten schließlich die weitere Auswertung unter verschiedenen Aspekten.
- Partien mit besonders häufigem bzw. besonders seltenem Auftreten bestimmter genetischer Varianten werden erst nach Glättung der Darstellung mittels Kriging besser sichtbar. Die räumlich-flächige Darstellung erfolgte mit dem geostatistischen Programm GS⁺ (Version Nr. 5.3.2 der Fa. Gamma Design Software, www.gammadesign.com), wobei je Interpolationsgitterpunkt 16 Nachbarn in die flächige Darstellung einbezogen wurden; der Suchradius deckt jeweils die gesamte Bestandesfläche ab. Auch die Quantildarstellungen der räumlichen Verteilung bestimmter genetischer Varianten wurden mit diesem Programm ausgeführt. Als Zielvariable wurde dabei die Dosierung von Allelvarianten der diploiden Buchen verwendet; sie nimmt den Wert 0 an, sofern in einer Buche das betrachtete Allel nicht und den Wert 1 bzw. 2, wenn das Allel in heterozygoter bzw. homozygoter Form vorliegt. In den unten wiedergegebenen Darstellungen ist die Zielvariable zu halbieren, wenn sich das Interesse auf die relative Häufigkeit der betreffenden Allelvariante richtet.
- Die Quantifizierung räumlicher Autokorrelationen (wie etwa durch die Statistik *I* nach MORAN 1950) erlaubt sodann die Schätzung von Parametern, welche die Ähnlichkeit genetischer Strukturen messen. Die Berechnung darauf gestützter Korrelogramme führt zu Informationen darüber, in welchem Größenbereich räumlicher Entfernung genetische Ähnlichkeiten zwischen den betreffenden Populationsteilen auftreten, und wie ausgeprägt sie sind. In analoger Weise liefern Distogramme, wie sie mit dem Programm SGS (Spatial genetic software nach DEGEN *et al.* 2001, www.kourou.cirad.fr/genetique/Software) berechnet werden, Informationen darüber, ob und wie stark und in welchem Entfernungsbereich Populationsteile genetisch differenziert sind, und ob diese Differenzierung (wie übrigens auch die zugehörige Schätzung der Ähnlichkeit durch das Korrelogramm) nach dem Ergebnis eines Permutationstests (1.000 Permutationen) signifikant ist.

In sechs dieser Bestände wurden neben den Altbäumen auch Stichproben von 300 bis 350 Eckern aus der Samenproduktion entnommen. Für drei unter diesen wurden Eckernstichproben nicht nur aus dem Ergebnis der üblichen Netzernte (E1) gezogen, sondern auch am Boden unter den Altbäumen aufgelesen (E2), welche den Altbestand

(A) repräsentieren (ZIEHE *et al.* 1998). In diesen Beständen sind also Vergleiche von Altbäumen und ihren Samen möglich.

3 Räumliche genetische Strukturen in rheinland-pfälzischen Buchenbeständen

In einem Bestand des Forstamtes Neuerburg wurden die Bäume zunächst mit ihren Heterozygotiegraden an 11 Enzymgenloci kartiert. Aufgrund von Sturmschäden besitzt die Fläche keine kompakte und zusammenhängende Form (Abb. 1). Im Nordwesten ist zwar eine gewisse Häufung höherer Heterozygotiegrade – wenn auch nur mehr oder weniger deutlich – zu erkennen; eine auf MORAN's Parameter I beruhende Einschätzung der Autokorrelationen im Genbestand dieser Enzymgenloci (Abb. 2) ergab allerdings, dass alle Korrelationsparameter innerhalb des Konfidenzbereichs liegen. Die visuelle Einschätzung nach Art der Abb. 1 hält auch einer Analyse durch das Distogramm des Allelvorrates der Bäume in Abb. 2 nicht stand: In beiden Fällen der Abb. 2 bleibt die Kombination der Allele zu Genotypen unberücksichtigt; das Interesse gilt den Allelen selbst. In mehreren Distanzklassen ist die Differenzierung zwar deutlich, jedoch von den Entfernungen zwischen den Bestandespartien offenbar weitgehend unabhängig und die Aggregationen sind nicht signifikant. In diesen Darstellungen findet das in Abb. 1 wenigstens im Ansatz erkennbare räumliche Muster der Verteilung des Heterozygotiegrades also keinen Niederschlag. Diese Situation wird uns auch bei der Betrachtung eines anderen Bestandes begegnen.

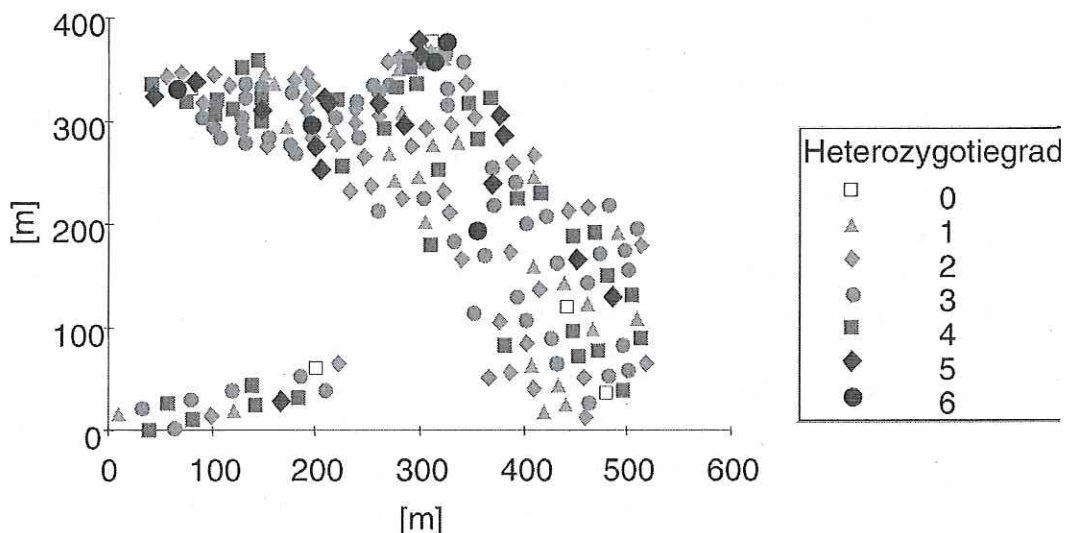


Abb. 1: Verteilung des Heterozygotiegrades über 11 Enzymgenloci unter den beprobten Altbäumen eines Bestandes im Forstamt Neuerburg.

Fig. 1: *Spatial distribution of the degree of heterozygosity over 11 enzyme gene loci among the adult beeches sampled in the stand Neuerburg.*

Etwas auffälliger als die Variation des gesamten Allelvorrates und des Heterozygotiegrades ist in diesem Bestand indessen die des Auftretens des Allels IDH-A₂, welche in Abb. 3 dargestellt ist. Dieses Allel nimmt von einem Bereich mit fast 50% Häufigkeit (halber Wert der in der Abb. 3 dargestellten Dosierung je Genotyp) im Nordwesten gegen den südöstlichen Rand der beprobten Fläche hin auf unter 10% ab. Die Bäume in dem abgetrennten kleinen Bestandesteil weisen fast übereinstimmend eine relative Häufigkeit mit rund 30% des Allels auf.

Das Korrelogramm dieses Bestandes in Abb. 3 (unten) weist zwar eine abnehmende Ähnlichkeit mit zunehmender Entfernung nach, was teilweise Bestätigung im Distogramm findet; alle Schätzungen liegen jedoch im Konfidenzbereich, d.h. diese Arten der Analyse fördern keinen Nachweis der in Abb. 3 (oben) an der Karte erkennbaren räumlichen Struktur zu Tage.

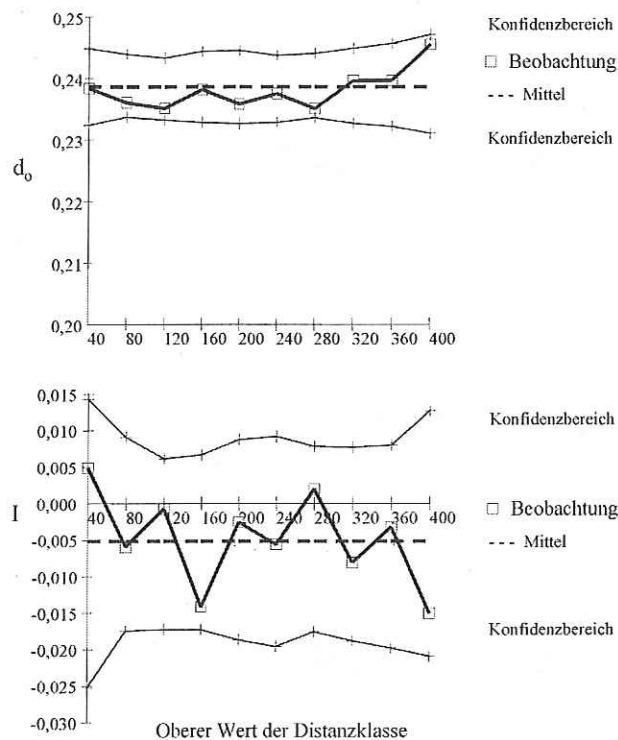


Abb. 2: Korrelogramm und Distogramm des Allelvorrates an 11 Enzymgenloci unter den beprobten Altbäumen eines Bestandes im Forstamt Neuerburg.

Fig. 2: Correlogram and distogram for the gene pool at 11 enzyme gene loci among the sampled adult trees of the stand Neuerburg.

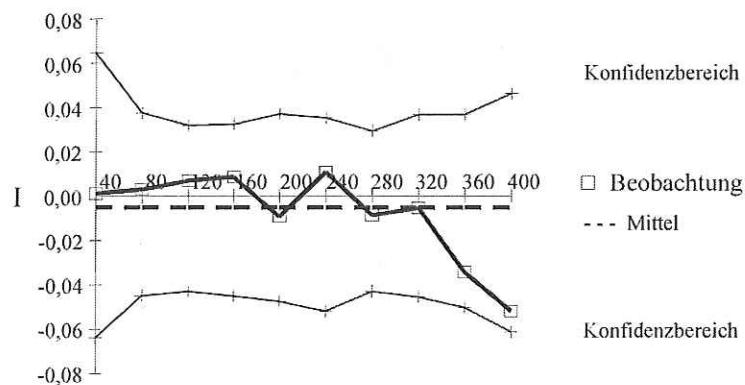
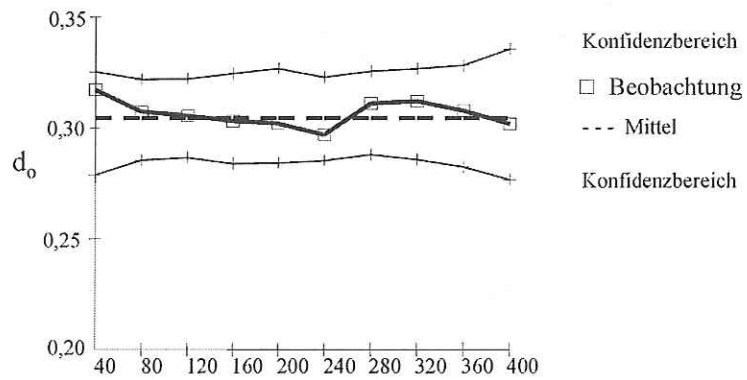
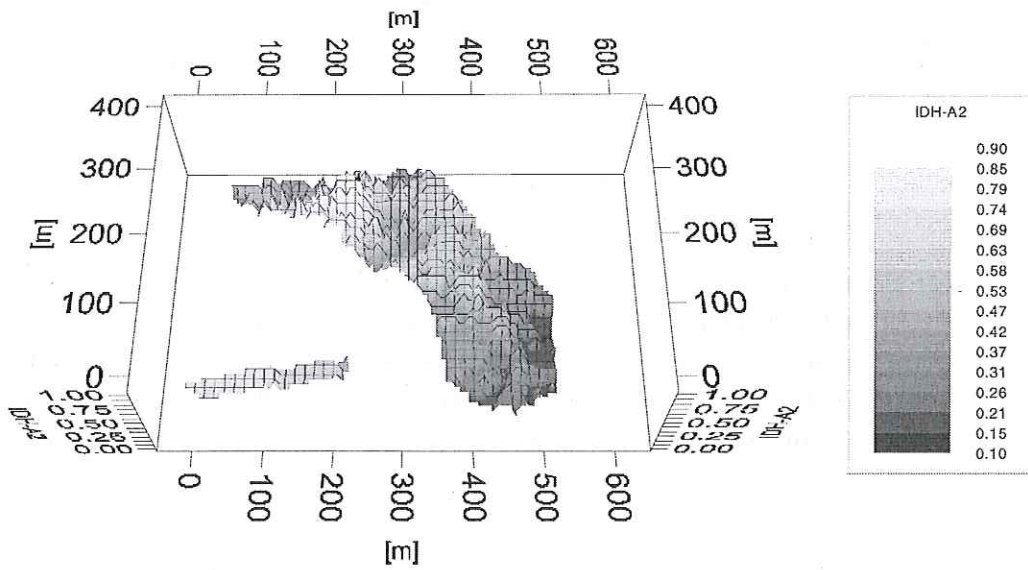


Abb. 3: Räumliche Verteilung des Allels IDH-A₂ im Bestand des Forstamtes Neuerburg.
 Oben: Kartierung nach Glättung. Unten: Correlogramm und Distogramm.
Fig. 3: Spatial distribution of the allele IDH-A₂ in the stand Neuerburg.
 Top: map after kriging. Bottom: Correlogram and distogram.

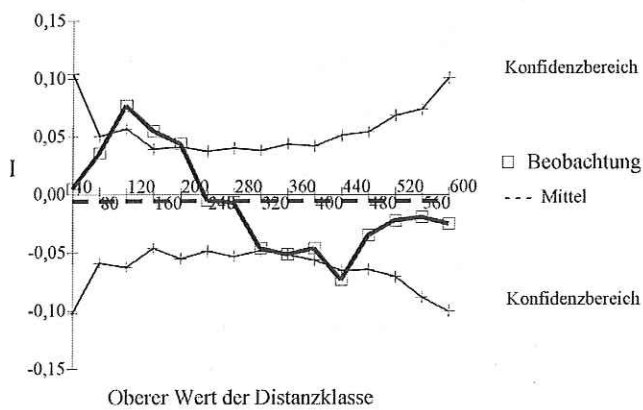
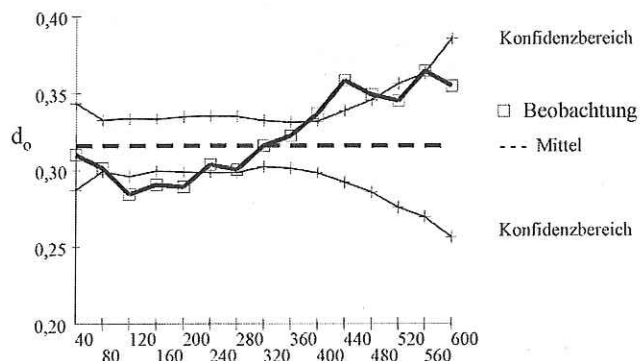
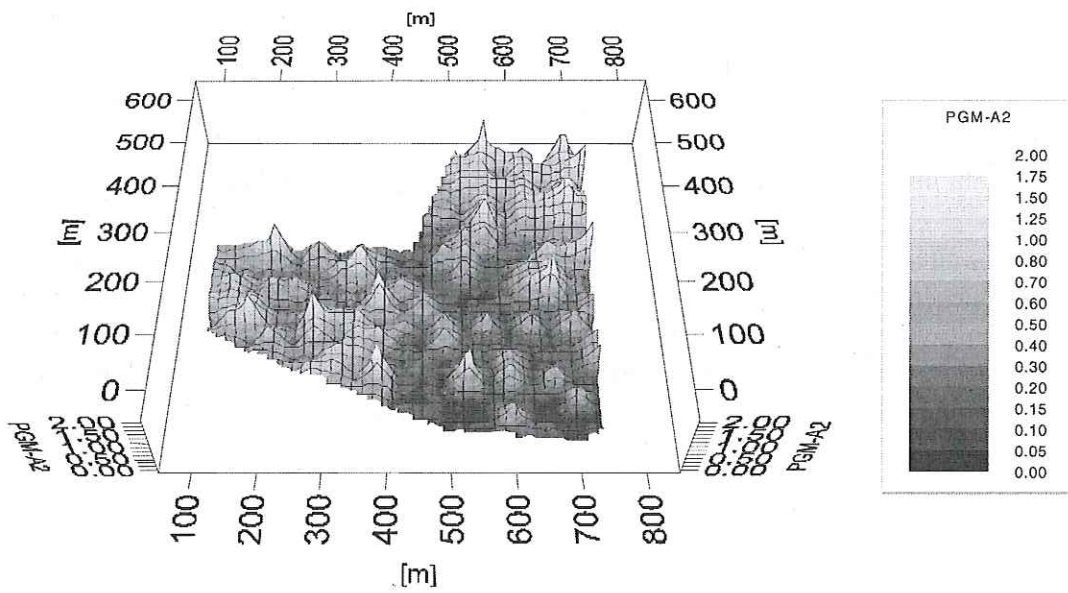


Abb. 4: Verteilung des adaptiv relevanten Allels PGM-A₂ im Forstamt Elmstein. Oben: Karte nach Glättung. Unten: Korrelogramm und Distogramm.

Fig. 4: Spatial distribution of the allele PGM-A₂ in the stand Elmstein. Top: map after kriging. Bottom: correlogram and distogram.

In einem Generhaltungsbestand im Forstamt Elmstein liegen völlig andere räumliche Verteilungen vor, wie die Abb. 4 (oben) für das Allel PGM-A₂ zeigt. Man erkennt im Südosten einen Bereich mit etwas geringeren, im Westen und Norden jedoch Bereiche mit etwas größeren Häufigkeiten des Allels. Über den ganzen Bestand sind kleinmaßstäbliche Häufungen des Allels verteilt, die für das breite Konfidenzband sowohl im Korrelogramm als auch im Distogramm verantwortlich sein dürften.

Die weitere Auswertung (s. Abb. 4 unten) ergab jedoch signifikante Strukturen, wobei die gegenseitige Entsprechung der beiden Darstellungsweisen klar zum Ausdruck kommt: Ähnlichkeiten (positive Autokorrelationen und geringe genetische Abstände) im Bereich von 120 bis 200m bzw. Unähnlichkeiten (eine negative Autokorrelation und größere genetische Abstände) im Bereich von >400m.

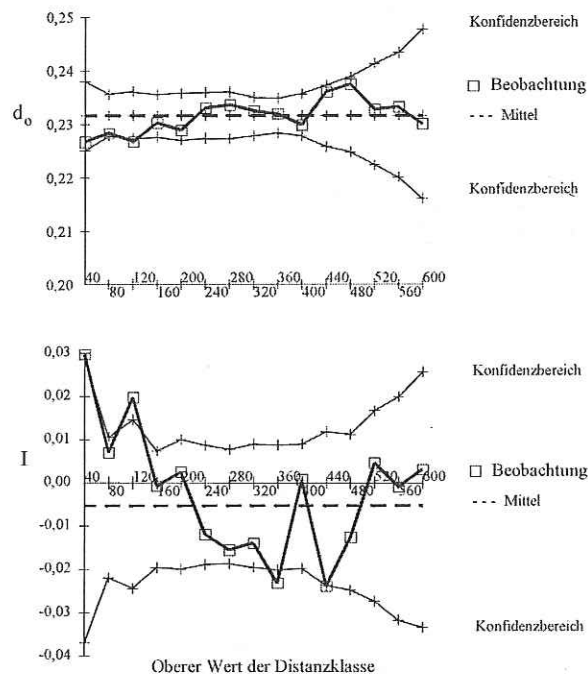


Abb. 5: Korrelogramm und Distogramm des Allelvorrats an 11 Enzymgenloci in einem Bestand des Forstamtes Elmstein.

Fig. 5: Correlogram and distigram for the gene pool at 11 enzyme gene loci for the stand Elmstein.

Die zusammengefasste Betrachtung der Allelbesetzung aller Genloci in Abb. 5 zeigt (wie schon Abb. 2), dass sich bei der Mittelbildung die an einzelnen Genloci bestehenden genetischen Abstände teilweise ausglich, so dass eine Klumpung also nicht feststellbar ist. Das Korrelogramm weist jedoch im Nahbereich klar signifikante positive Autokorrelationen aus, was Familienstrukturen andeutet. Andererseits treten im Distanzbereich von mehreren hundert Metern durch negative Autokorrelationen belegte

Verschiedenheiten im Auftreten der Allele auf, was die Wirkung von Selektion vermuten lässt.

Als ein letztes Einzelbeispiel sei die Karte eines Bestandes im Forstamt Johanniskreuz präsentiert. Wie Abb. 6 erkennen lässt, ist dort die Häufigkeit der Genotypen am Genlocus IDH-A, infolgedessen auch die Häufigkeit bestimmter Allele, in unterschiedlich ausgerichteten Hangbereichen deutlich verschieden. Ähnliches, wenngleich weniger deutlich ausgeprägt, gilt übrigens auch für den Genlocus PGM-A in jenem Bestand.

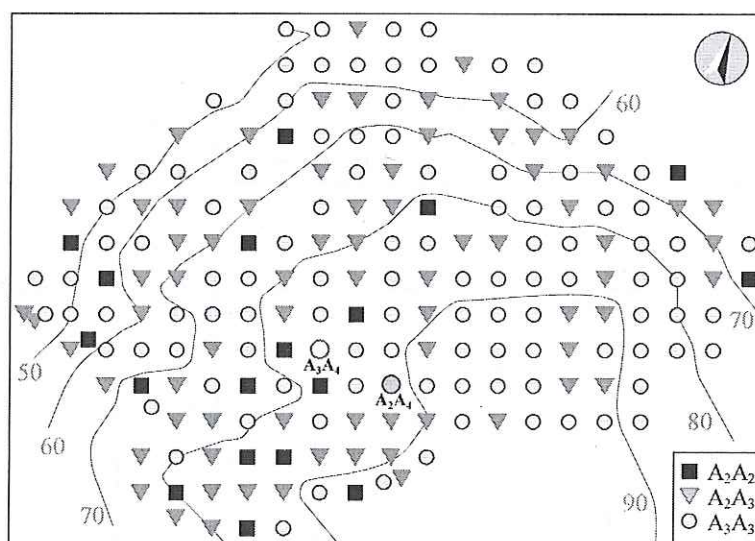


Abb. 6: Position der Genotypen am Genlocus IDH-A in einem Bestand des Forstamtes Johanniskreuz (nach ZIEHE *et al.* 2002).

Fig. 6: Positions of the different genotypes at the gene locus IDH-A in the stand Johanniskreuz (from ZIEHE *et al.* 2002).

In Tab. 1 sind – nach Genloci getrennt – alle Fälle signifikanter (außerhalb des 95%-Konfidenzintervalls gelegener) Parameter für Aggregationen zusammengestellt. Man erkennt deutlich die Unterschiede zwischen den Beständen. In den beiden Generhaltungsbeständen Elmstein und Schönau fällt beim Allelvorrat an den 11 Enzymgenloci übereinstimmend eine Familienstruktur auf; da hier aber die Distanz von 40m nur geringfügig größer ist als es schon die Weite des Rasters der Probennahme war, muss man hier von Effekten lediglich unter direkt benachbarten Beobachtungen ausgehen, was in der Regel nicht direkt benachbarte Altbuchen beinhaltet.

Soweit es sich bei all diesen Aggregationen um Familienstrukturen handelt, können sie auf die Modalitäten der Entstehung der Bestände zurückzuführen sein; beispielsweise dürfte sich geringe Dichte der Vorbestände zum Zeitpunkt der Verjüngung in Richtung auf heute deutlicher erkennbare Familienstrukturen ausgewirkt haben. Zwar wäre zu

vermuten, dass geringe Dichte die Turbulenz der Atmosphäre und damit die Transportweiten effektiven Pollens erhöht haben, dass sich jedoch beim Abfallen der Früchte die Nachkommenschaften benachbarter Bäume in nur verhältnismäßig geringerem Umfange vermischen konnten.

Tab. 1: Zusammenfassung der Befunde über signifikante Strukturierung von Bestandteilen in verschiedenen Distanzklassen; „ähnlich“ kennzeichnet die Aggregation ähnlicher oder sogar gleicher genetischer Varianten (räumliche Autokorrelation), „versch.“ das Auftreten verschiedener Varianten.

Summary of significant spatial structures for different distance classes; „similar“ indicates similar or identical genetic information (spatial autocorrelation), „different“ genetic differences for the corresponding distance class

	II Genloci		LAP-A		IDH-A		6PGDH-A		PGM-A	
	ähnlich	versch.	ähnlich	versch.	ähnlich	versch.	ähnlich	versch.	ähnlich	versch.
Bit- burg					480-520			0-40		
Elm- stein	0-40 80-120	320-360 400-440	0-40	200-240	360-400	440-480	0-40 480-520 520-560	400-440	80-120 140-160 160-200	360-400 400-440 440-480 520-560
Johan- nis- kreuz	160-200		160-200	400-440 480-520	40-80 80-120 120-160	360-400 440-480				
Mor- bach							200-240			80-120
Neuer- burg			0-40	200-240						360-400
Schönau	0-40 200-240	80-120								360-400 480-520

Sofern die Aggregationen größere Distanzen umspannen, ist die Interpretation durch Selektion angezeigt. Diese Interpretation basiert nun nicht auf der Beobachtung genotypisch unterschiedlicher Viabilität, sondern sie ergibt sich vielmehr indirekt aus dem Mangel an anderen Möglichkeiten der kausalen Erklärung. Es wäre angesichts verbleibender Unsicherheiten wissenswert, ob sich Klumpungen in diesem

Entfernungsbereich auch in größeren künstlich begründeten Beständen auf heterogenem Standort vorfinden. Von diesen müsste natürlich bekannt sein, dass einheitliches, gut durchmischtes Vermehrungsgut verwendet wurde. Auch wären Klumpungen dort schwächer zu erwarten, da sie ihre Entstehung Prozessen während eines einzigen Baumlebens verdanken.

Ganz allgemein aber treten diese Klumpungen in den untersuchten Beständen aber so häufig auf, dass man gut beraten ist, in Buchenaltbeständen aus Naturverjüngung ganz grundsätzlich von der Existenz räumlicher genetischer Strukturen auszugehen.

4 Diskussion

Die gegenüber der kurzen Reichweite des Genflusses durch Samen etwas größere Transportentfernung effektiver Pollen ermöglicht auch Paarungen zwischen genetisch differenzierten Partien eines Bestandes. Dieser Sachverhalt führt zu einem Wahlund-Effekt (WAHLUND 1928), d.h. einem Heterozygotendefizit, der umso ausgeprägter ist, je stärker die Paarungspartner in den betreffenden Partien eines Bestandes differenziert sind. Bei der Reproduktion können dann nicht mehr alle Kombinationen verschiedener Allele ungehindert entstehen. Noch genauer als mit den hier verwendeten Enzymgenloci ist dieser Effekt an Hand hochvariabler molekulargenetischer Marker nachzuweisen. So haben VORNAM *et al.* (2004) in einem Buchenbestand des Sollings bei mehreren verschiedenen Mikrosatelliten unerwartet starke Heterozygotendefizite gefunden, die je nach Genort deutlich variieren und daher kaum Ausdruck von Inzuchteffekten darstellen. Demgegenüber ist ein solches Heterozygotendefizit bei Baumarten mit weitreichendem Genfluss nicht zu erwarten, wie ISAGI *et al.* (2000) an einer insektenbestäubten Magnolienart mit tierverbreiteten Samen auch nachwiesen. Ebenfalls an hochvariablen molekulargenetischen Markern hat DECARLI MUÑOZ (2003) gezeigt, dass räumliche genetische Strukturen der Buche in Mischbeständen mit Fichte besonders deutlich ausgeprägt sind; die Kronen dieser Baumart setzen der Verbreitung effektiven Buchenpollens offenbar gewisse Hindernisse entgegen, vermindern die Luftbewegung - und entlassen ihrerseits keinen effektiven Pollen.

Eine Besonderheit der Mikrosatelliten ist gleich nachzutragen: Diese tandemartig wiederholte genetische Information wird nicht transkribiert, daher auch nicht exprimiert und ist folgerichtig *a priori* als selektiv neutral einzustufen. Das Verteilungsmuster von Trägern bestimmter Mikrosatelliten in einem Bestand spiegelt daher einzig und allein die Wirkung beschränkten Genflusses wider – wenn dieses Muster nach Bestandesentwicklung und zahlreichen Durchforstungseingriffen auch nicht mehr oder so deutlich ausgeprägt sein mag wie im Stadium des Jungwuchses. Eine Bedeutung genetischer Inventuren auch von Mikrosatelliten für die Methodik der Generhaltung ergibt sich jedoch aus der Tatsache, dass sie mit adaptiv relevanten Genen gekoppelt sein können (VORNAM *et al.* 2004).

Die an hochvariablen Markern feststellbaren, an einem Heterozygotendefizit zu erkennenden, Folgen nicht-zufällsmäßiger Paarung zeigen natürlich eine Störung von Prozessen an, die ein panmiktisches Gleichgewicht und damit an den betreffenden Genorten Konstanz der genotypischen Struktur aufeinanderfolgender Generationen einer Population gewährleisten könnten. Die messbare Abweichung empirischer genotypischer Strukturen von den unter Panmixie erwarteten ist daher zunächst eine Funktion der an einem Genort vorliegenden Variation. Die in der Tab. I zusammengestellten Befunde sind nun allesamt an Hand von Inventuren einer Gruppe von Enzymgenloci gewonnen worden. Nur an adaptiv relevanten Genloci aber sind anpassungsbedingte Aggregationen genetischer Varianten überhaupt zu erwarten. Andererseits müssen wir annehmen, dass mittels dieser Genloci wegen ihrer geringeren Variation gerade die Untergrenze des Grades der Differenzierung von Teilen naturverjüngter Buchenbestände eingeschätzt wurde. Denn an diesen Genloci wird die auf begrenztem Genfluss basierende Komponente räumlicher Strukturen wegen geringer Variation nur unvollkommen sichtbar, wenn sie auch andererseits unsere vorerst einzige Informationsquelle über stattgefundene kleinstandörtliche Anpassung darstellen.

Nichtsdestoweniger zählen auch räumliche genetische Strukturen im Zusammenhang mit begrenzter Transportweite effektiven Pollens zu den Ursachen dafür, dass Bestände und ihre Nachkommen genetisch differenziert sind, so dass Saatgut eines Bestandes einem anderen Altbestand genetisch durchaus ähnlicher sein kann als dem eigenen Erntebestand selbst. Wie HATTEMER *et al.* (2000b) fanden, sind die Samen (E1) in drei Beständen in den Forstämtern Bitburg, Manderscheid und Neuerburg von ihren Erntebeständen verschieden. Besonders wird dies für einen Bestand im Forstamt Schönau deutlich; dessen Samen unterscheiden sich sehr vom Altbestand, wenn sie auch diesem immer noch ähnlicher sind als einem anderen Bestand (s. Abb. 7). Einen sehr deutlichen genetischen Strukturunterschied zeigen jedoch die Samen (E1) aus einem Erntebestand im Forstamt Neuerburg.

In den drei Beständen, in welchen Samen auf zweierlei Weisen geerntet wurden, unterschieden sich die beiden Parteien in ihrem Genvorrat untereinander ebenso merklich wie E1 von A. Dass ferner der genetische Abstand von E2 zu A geringer war als der von E1 zu A, lässt darauf schließen, dass die unter den Probebäumen aufgelesenen Samen etwas mehr von deren Genvorrat mitbekommen haben, dass aber auch die am Raster orientierte Probennahme den Effekt unausgewogener Repräsentanz genetischer Aggregate weitgehend vermied.

Ohne Genfluss durch Pollen wären gerade in Buchenbeständen die Familienstrukturen (DOUNAVI 2000) besonders ausgeprägt. Das Nebeneinander signifikanter Autokorrelationen über sowohl größere als auch geringere Entfernungen lässt aber vermuten, dass der Genfluss durch Pollen kein sehr starkes Gegengewicht zur Entstehung von Familienstrukturen darstellt. Auch ein größere Distanzen umspannendes Anordnungsmuster (GREGORIUS *et al.* 1979) von Genotypen an bestimmten adaptiven Enzymgenloci in einem Buchenbestand, das seine Entstehung kleinstandörtlichen Anpassungsprozessen verdankt, wird also durch Genfluss wohl nicht allzu stark gestört,

d.h. der Genfluss kompensiert selektiv bedingte Strukturierungen nur in geringem Umfang.

Als Ursache signifikanter Autokorrelationen über Distanzen von mehreren hundert Metern hinweg sind jedoch zwingend Anpassungsprozesse zu postulieren. Damit ergibt sich aus dieser Art räumlicher genetischer Strukturen über die im Abschnitt Material und Methoden angeführten Belege hinaus ein weiterer, wenn auch indirekter, Beleg für die adaptive Relevanz der hier untersuchten Enzymgenloci (vgl. auch ZIEHE und HATTEMER 1998, ZIEHE *et al.* 1999).

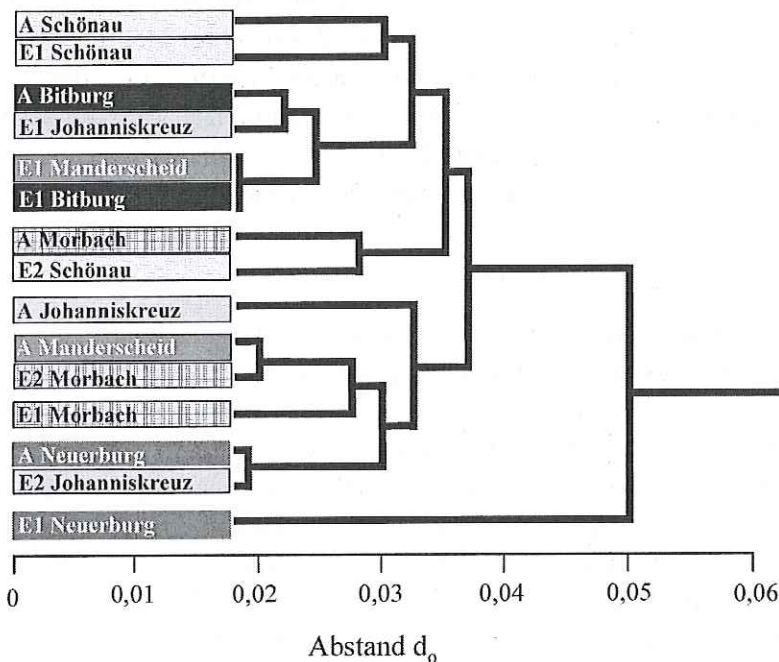


Abb. 7: Dendrogramm des Allelbestandes von Altbäumen (A), Eckern aus Netzernte (E1) und solchen aus Einsammlung von Hand unter den beprobten Altbäumen (E2) in einigen rheinland-pfälzischen Buchenbeständen (aus HATTEMER *et al.* 2000a).

Fig. 7: Dendrogram for the gene pool among adult trees (A), beech nuts from nets (E1) and beech nuts collected below sampled trees in some beech stands (from HATTEMER *et al.* 2000a).

Die in der Literatur berichteten, teilweise sehr starken, Selektionseffekte in der frühesten Jugendphase der Buche treten in einem Alter ein, in welchem im Zuge der Naturverjüngung die Population gerade stark reduziert wird und Selektionsprozessen daher breiten Raum lässt. Tab. 1 ist zu entnehmen, dass in einem Entfernungsbereich, der über den von Familienstrukturen deutlich hinausgeht (DOUNAVI 2000), zwar nie alle Genloci gleichzeitig, stets aber wenigstens ein einziger, Aggregationen genetischer Varianten zeigt. Dies ist mit der Interpretation durch Selektion insofern verträglich, als der adaptive Wert von Genen eben umweltabhängig ist. Unter den genannten Umständen der Entstehung dieser Bestände ist eine andere Ursache für die vorhandenen Aggregationen schwerlich zu finden.

5 Schlussfolgerungen

Wie aber ein bestimmtes Muster auch immer entstanden sein mag, so sind aus den dargestellten Befunden Folgerungen für sowohl die Methodik der Forschung und der Generhaltung als auch für das Verfahren der Saatguternte zu ziehen. Dem Beispiel von JANSSEN (2000) folgend, werden einige sehr allgemeine Empfehlungen zielorientiert gegeben.

1.) *Genetische Inventur von Beständen*

Bei der Inventur von Beständen zur Auswahl genetischer Ressourcen kommt es entscheidend auf die Erfassung der meisten mit mindestens mäßigen Häufigkeiten vertretenen Varianten und die verlässliche Schätzung ihrer Häufigkeiten an. Wie man sich an Hand der oben präsentierten Karten leicht vorstellen kann, ist die Stichprobennahme also in geeigneter Weise auf den ganzen Bestand auszudehnen. Die Orientierung an einem Gitter nach Art der hier beschriebenen Untersuchungen ist etwa der Beprobung aller Bäume auf einer Teilfläche vorzuziehen.

2.) *Genetische Inventur von Populationen*

In dem Streben nach einer soliden Methode der Stichprobennahme hat man bisher nur Überlegungen zum Stichprobenumfang angestellt (MURILLO GAMBOA 1997), die übrige Planung aber stark vernachlässigt. Im Zusammenhang mit Untersuchungen des Reproduktionssystems von Populationen werden neben Altbeständen auch deren Samen beprobt, die im allgemeinen von den Bäumen geerntet werden. Weisen aus Naturverjüngung hervorgegangene Bestände eine räumliche Struktur auf, so dürfte dies auch für die von den Bäumen geernteten Samen gelten. Erstens steuern die Samenernter je mindestens die Hälfte zur genetischen Information ihrer Samen bei. Zweitens werden die verschiedenen Samenernter von individuell verschieden zusammengesetzten effektiven Pollenwolken befruchtet, d.h. die genetische Struktur der einen Baum befruchtenden Pollenwolke weicht von der Population ab (STARKE und MÜLLER-STARCK 1992, HATTEMER *et al.* 2000a). Die Ursache dieser Abweichung von der Zufallspaarung geht vermutlich auf die beschränkte Anzahl effektiver Paarungspartner – vorzugsweise Nachbarn – zurück. In Buchenbeständen unterscheiden sich ferner die unter Samenbäumen vom Boden aufgelesenen Bucheckern ganz erheblich, teilweise (so in Mischbeständen) sogar je nach ihrer Exposition zu Nachbarbäumen bestimmten Genotyps (DECARLI MUÑOZ 2003). Drittens und letztens tragen bestehende genetische Aggregationen unter den Samenerntern zu dem Phänomen räumlich heterogener Zusammensetzung der erzeugten Samen bei.

Für Pflanzbestände ist zu erwarten, dass sich die Nachkommenschaften der einzelnen Bäume dort etwas weniger unterscheiden, da die Gruppen ihrer Nachbarn vermutlich weniger stark differenziert sind – die Folgen beschränkten Samentransports für die Strukturierung der Altbestände entfallen hier. Deutliche Differenzierung scheint jedoch auch hier die Regel zu sein, so dass diesem Umstand im Interesse der Repräsentativität bei der Stichprobennahme Rechnung getragen werden sollte. Auch bei der Beprobung

der Samenproduktion von Buchenbeständen hat das Rasterstichprobenverfahren deutliche Vorteile, wie eine durch TABEL angeregte Studie ergeben hat (ZIEHE *et al.* 1998, HATTEMER *et al.* 2000b).

Die Planung ist erschwert durch die zahlreichen Einflussfaktoren des Pollentransports bei anemophilen Baumarten wie der Größe, Umrissform und Dichte des Bestandes, dessen physische Struktur, die Topographie des Geländes und die Luftbewegungen während der Blüte. Denn alle diese Faktoren wirken sich über die räumliche Struktur der Samenernter hinaus auf die Differenzierung der von einzelnen Bäumen geernteten Samen aus. Vor der Probennahme eine Pilotstudie der räumlichen Heterogenität genetischer Strukturen anzustellen, verbietet sich allerdings aus Gründen des damit verbundenen Aufwandes.

3.) Beerntung zum Zweck der Saatgutbeschaffung

Bei der Saatgutgewinnung sollten alle oben erwähnten Gesichtspunkte berücksichtigt werden; denn die Tragweite von Mängeln der Repräsentativität der Beerntung ist hier erheblich. Gemäß §1 FoVG verfolgt der Gesetzgeber mit dem Forstvermehrungsgutgesetz in erster Linie den Zweck, den Wald in seiner genetischen Vielfalt zu erhalten und sogar noch zu verbessern. Dieses Ziel wird nicht erreicht, wenn die Einzelbäume der beernteten Bestände nicht je nach dem Umfang ihrer (Samen-) Produktion zur gesamten Erntemenge beitragen. Für die Buche, deren Früchte vom Boden geerntet werden, hat JANSSEN (2000) gezeigt, dass sich die gängigen bzw. weitere denkbare Verfahren durch die genetische Zusammensetzung der Erntemenge unterscheiden, und er hat eine klare Empfehlung für die Verfahren ausgesprochen, bei denen eine große Zahl über die ganze Bestandesfläche verteilter Bäume Samen zur Erntemenge beisteuert. Diese Empfehlung erhält Nachdruck durch die Feststellung, dass es innerhalb der Bestände unterschiedlich angepasste Bereiche gibt. Spart man also bei der Ernte wegen hinderlicher Bodenvegetation oder Jungwuchs eine Ecke des Bestandes aus, so kann dadurch die genetische Information eines lokal angepassten Bereichs verloren gehen (vgl. VON WERDER 2000).

Wenn es schon allgemeine Praxis darstellt, einmal ausgewählte und für die Saatgutgewinnung zugelassene Bestände wiederholt zu beernten, so sollte man wenigstens davon Abstand nehmen, Erntenetze immer wieder unter die selben wenigen starken Bäume zu legen. Man mag sich von diesem Vorgehen einen gewissen züchterischen Effekt versprechen; auch erzeugen besonders starke Buchen sicher mehr Bucheckern als andere. Sachdienlich im Sinne der Erhaltung genetischer Vielfalt ist dieses Vorgehen jedoch nicht.

Mindestens im Fall der Buche sind vom Altbestand auf das nach herkömmlichen Verfahren geerntete Saatgut übertragene Aggregationen auch im Zusammenhang mit genetischer Zertifizierung zu beachten. Anders als bei der Aufbereitung von Koniferensaatgut ist bei der Lagerung von Bucheckern keine so gründliche Durchmischung zu erwarten, so dass der Sorgfalt bei der Ziehung repräsentativer

Referenzproben (KONNERT & HUSSENDÖRFER 2002) ganz erhebliche Bedeutung zukommt.

6 Literaturverzeichnis

- DEGEN, B.; PETIT, R. & KREMER, A. (2001): SGS – Spatial genetic software: a computer program for analysis of spatial genetic and phenotypic structures of individuals and populations. *Journal of Heredity*, 92, pp.447-449.
- DECARLI MUÑOZ, N. (2003): Räumliche Verteilungen der genetischen Ausstattung von Eckern und Jungwuchs der Buche (*Fagus sylvatica* L.) in Abhängigkeit von Bestandesstrukturen. Forstwissenschaftliche Dissertation, Universität Göttingen. Göttingen: Cuvillier Verlag.
- DOUNAVI, K.D. (2000): Familienstrukturen in Buchenbeständen (*Fagus sylvatica* L.). Forstwissenschaftliche Dissertation, Universität Göttingen.
<http://webdoc.sub.gwdg.de/diss/2000/dounavi>
- GREGORIUS, H.-R.; BERGMANN, F.; MÜLLER-STARCK, G. & HATTEMER, H.H. (1979): Genetische Implikationen waldbaulicher und züchterischer Maßnahmen. *Allgemeine Forst- und Jagdzeitung*, 150.Jg.,S. 30-41.
- HATTEMER, H.H.; ZIEHE, M.; FINKELDEY, R. & FROMM, M. (2000a): Genetic diversity and differentiation of individual effective pollen clouds in trees. In: G. MÜLLER-STARCK & R. SCHUBERT (eds.): Genetic Response of Forest Systems to Changing Environmental Conditions. Kluwer Academic Publishers Dordrecht, pp.223-237.
- HATTEMER, H.H.; ZIEHE, M.; GEHLE, T. & FROMM, M. (2000b): Genetische Aspekte der Erhaltungsbiologie von Holzpflanzen. *Forest Snow and Landscape Research*, 75(1/2), pp.9-28.
- ISAGI, Y.; KANAZASHI, T.; SUZUKI, W.; TANAKA, H. & ABE, T. (2000): Microsatellite analysis of the regeneration process of *Magnolia obovata* Thunb. *Heredity*, 84, pp.143-151.
- JANSSEN, A. (2000): Der Einfluss von Ernteverfahren auf die genetische Struktur von Saatgut eines Buchenbestandes. Forschungsberichte der Hessischen Landesanstalt für Forsteinrichtung, Waldforschung und Waldökologie Hann. Münden, Nr. 27, 142 Seiten.
- KONNERT, M. & HUSSENDÖRFER, E. (2002): Herkunftssicherung bei forstlichem Vermehrungsgut durch Referenzproben. *Allgemeine Forst- und Jagdzeitung*, 173.Jg., S.97-104.
- KONNERT, M.; ZIEHE, M.; TRÖBER, U.; MAURER, W.; JANSSEN, A.; SANDER, T.; HUSSENDÖRFER, E. & HERTEL, H. (2000): Genetische Variation der Buche (*Fagus sylvatica* L.) in Deutschland: Gemeinsame Auswertung genetischer Inventuren über verschiedene Bundesländer. *Forst und Holz*, 55, S.403-408.

- MAURER, W. & TABEL, U. (2000):** Einrichtung und Bewirtschaftung forstlicher Generhaltungsbestände am Beispiel der Buche (*Fagus sylvatica* L.) in Rheinland-Pfalz (Deutschland). *Forest Snow and Landscape Research*, 75(1/2), pp.219-231.
- MORAN, P.A.P. (1950):** Notes on continuous stochastic phenomena. *Biometrika*, 37, pp.17-23.
- MÜLLER-STARCK, G. (1993):** Auswirkungen von Umweltbelastungen auf genetische Strukturen von Waldbeständen am Beispiel der Buche (*Fagus sylvatica* L.). Schriften aus der Forstlichen Fakultät der Universität Göttingen und der Niedersächsischen Forstlichen Versuchsanstalt, Band 112. J.D. Sauerländer's Verlag Frankfurt am Main, 163 Seiten.
- MURILLO GAMBOA, O. (1997):** Genetische Untersuchungen an natürlichen Populationen von *Alnus acuminata* ssp. *arguta* (SCHLECTENDAL) FURLOW in Costa Ricas und Panamá. Forstwissenschaftliche Dissertation, Universität Göttingen. Göttingen: Cuvillier Verlag.
- STARKE, R. (1996):** Die Reproduktion der Buche (*Fagus sylvatica* L.) unter verschiedenen waldbaulichen Gegebenheiten. In: G. MÜLLER-STARCK (Hrsg.): Biodiversität und nachhaltige Forstwirtschaft ecomed-Verlagsgesellschaft Landsberg, S. 300-317.
- STARKE, R., HATTEMER, H.H., ZIEHE, M., VORNAM, B., TUROK, J., HERZOG, S., MAURER, W. & TABEL, U. (1995):** Genetische Variation an Enzym-Genloci der Buche. *Allgemeine Forst- und Jagdzeitung*, 166.Jg., S.161-167.
- STARKE, R. & MÜLLER-STARCK, G. (1992):** Genetische Untersuchungen über die Reproduktion in zwei Beständen der Buche (*Fagus sylvatica* L.). In: Biochemische Untersuchungen zur Genetik von Waldbaumpopulationen. Schriftenreihe der Landesanstalt für Forstwirtschaft Nordrhein-Westfalen, S.57-67.
- STARKE, R., ZIEHE, M. & MÜLLER-STARCK, G. (1996):** Viability selection in juvenile populations of European beech (*Fagus sylvatica* L.). *Forest Genetics*, 3, pp.217-225.
- TUROK, J. (1996):** Genetische Untersuchungen bei der Buche. Genetische Anpassungsprozesse und die Erhaltung von Genressourcen in Buchenwäldern (*Fagus sylvatica* L.). Schriftenreihe der Landesanstalt für Ökologie, Bodenordnung und Forsten, Landesamt für Agrarordnung Nordrhein-Westfalen, Band 8, 136 Seiten.
- TUROK, J.; HATTEMER, H.H.; ZIEHE, M. & STARKE, R. (1998):** Genotypische Differenzierung rheinland-pfälzischer Buchenbestände an Enzym-Genloci. *Allgemeine Forst- und Jagdzeitung*, 167.Jg., S.122-126.
- VORNAM, B.; DECARLI, N. & GAILING, O. (2004):** Genetic diversity and spatial distribution of the genetic variation in a natural beech stand (*Fagus sylvatica* L.) based on microsatellite markers. *Conservation Genetics*, im Druck.
- WAHLUND, S. (1928):** Zusammensetzung von Populationen und Korrelationserscheinungen vom Standpunkt der Vererbungslehre aus betrachtet. *Hereditas*, 11, pp.65-106.
- WANG, K. (2001):** Gene flow and mating system in European beech (*Fagus sylvatica* L.). Forstwissenschaftliche Dissertation, Universität Göttingen. Göttingen: Cuvillier Verlag.

- WERDER, H. VON (2000):** Zertifizierung genetischer Eigenschaften forstlichen Saat- und Pflanzgutes auf der Basis etablierter Methoden der Populationsgenetik. Forstwissenschaftliche Dissertation, Universität Göttingen.
<http://webdoc.sub.gwdg.de/diss/2000/vwerder/inhalt.htm>
- ZIEHE, M. (2003):** Räumlich-geografische Muster genetischer Variation in Buchenbeständen in Rheinland-Pfalz. Sachbericht über das Forschungsvorhaben FAWF-1235/7V-2002.
- ZIEHE, M. GREGORIUS, H.-R. & HERZOG, S. (1995):** Populationsgröße, Variation und Anpassung – Betrachtungen zu Risiken für die forstliche Praxis bei der Bestandesbegründung. *In: W. MAURER & U. TABEL (Hrsg.): Genetik und Waldbau unter besonderer Berücksichtigung der heimischen Eichenarten* Mitteilungen aus der Forstlichen Versuchsanstalt Rheinland-Pfalz, Trippstadt, Nr. 34, S.180-201.
- ZIEHE, M. & HATTEMER, H.H. (1998):** The significance of heterozygosity in tree breeding and gene conservation. *Forest Tree Improvement*, no.26, pp.3-25.
- ZIEHE, M.; HATTEMER, H.H.; MÜLLER-STARCK, R. & MÜLLER-STARCK, G. (1999):** Genetic structures as indicators of adaptational potentials. *In: CS. MÁTYÁS (ed.): Forest Genetics and Sustainability* Kluwer Academic Publishers Dordrecht, pp. 75-89
- ZIEHE, M., STARKE, R., HATTEMER, H.H. & TUROK, J. (1998):** Genotypische Strukturen in Buchen-Altbeständen und ihren Samen. *Allgemeine Forst- und Jagdzeitung*, 169Jg., S.91-99.
- ZIEHE, M., VORNAM, B., MÜLLER-STARCK, R.; TUROK, J.; HATTEMER, H.H.; MAURER, W. & TABEL, U. (2002):** Genetische Strukturen der Buche in Rheinland-Pfalz. *In: W.D. MAUER (Hrsg.): Vom genetischen Fingerabdruck zum gesicherten Vermehrungsgut: Untersuchungen zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in Rheinland-Pfalz* Mitteilungen aus der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz Nr. 49/02, S.99-118.

Anschrift der Autoren:

PD DR. MARTIN ZIEHE & PROF. DR. EM. HANS H. HATTEMER

Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung der

Georg-August-Universität Göttingen

Büsgenweg 2

37077-Göttingen

e-mail: mziehe@gwdg.de
hhattem@gwdg.de

Forstliche Generhaltungsmaßnahmen in Rheinland-Pfalz^{*} – eine aktuelle Übersicht –

UWE TABEL

Keywords: Rhineland-Palatinate, forest gene resources, conservation, *in situ*, *ex situ*, research

Abstract

Title of the paper: Measures of conserving forest gene resources in the German Federal State of Rhineland-Palatinate – an overview of the current status.

Putting into practice its conservation activities by respecting its area-specific peculiarities, the German Federal State of Rhineland-Palatinate has been acting since then within the framework of the "Concept for the Conservation and Sustainable Utilization of Forest genetic Resources in the Federal Republic of Germany" which was implemented in 1987 and revised in 2000. The principal base for all preservation measures is the inventory of the occurrences of the specific species present for which internal and external sources of information is used. Conserving the genetic resources of the more abundant tree and woody shrub species, *in situ* measures have highest priority, whereas *ex situ* measures are chosen for the conservation of rare species. Main emphasis of the *in situ* measures is put on the designation of gene conservation stands, while so-called seed crop stands are designated for woody shrub species. *ex situ* measures applied for the rare species include primarily the establishment of conservation seed orchards resp. conservation seed plantings prior to seed crop harvesting and subsequent measures.

An essential part of these measures for forest gene conservation is supported by concomitant specific scientific research. It includes the progeny and/or provenance research performed as comparative provenance field test, which is complemented in part by biochemical-genetic investigations carried out in a laboratory. In the lab of our research institute and being supported by external specialists (private persons or different research institutions), these genetic methods are applied (1) for evaluating genetic parameters and simultaneous identification of clones in conservation seed orchards; (2) for genetic monitorings in connection with nature forest reserve research; (3) for the genetic valuation of different thinning variants as well as (4) for controlling subsequently provenances. Morphological and phenological investigation methods are applied for specific problems.

Schlagwörter: Rheinland-Pfalz, forstliche Genressourcen, Erhaltung, *in situ*, *ex situ*, Forschung

Zusammenfassung

Rheinland-Pfalz bewegt sich mit seinen Erhaltungsaktivitäten unter Beachtung seiner landesspezifischen Besonderheiten im Rahmen des 1987 erstellten und 2000 überarbeiteten „Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland“. Die artspezifische Vorkommensermittlung ist die Grundlage aller Erhaltungsmaßnahmen, wofür interne wie externe Informationsquellen genutzt werden. Für die Erhaltung der genetischen Ressourcen der häufigeren Baum- bzw. Straucharten werden vorrangig *in situ*-Maßnahmen, für die Erhaltung seltener Arten *ex situ*-Maßnahmen gewählt. Der Schwerpunkt der *in situ*-Maßnahmen liegt für die Baumarten in der Ausweisung von Generhaltungsbeständen, für die Straucharten in der Ausweisung von sogenannten

^{*}Mitteilungen aus der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Nr. 52/04, S.121-142.

Erntebeständen. Als *ex situ*-Maßnahmen für seltene Arten sind es Erhaltungssamenplantagen bzw. Erhaltungssamengärten, die neben der Saatguternte und den Folgemaßnahmen Vorrang genießen.

Ein wesentlicher Teil der Maßnahmen zur forstlichen Generhaltung wird durch spezielle Untersuchungen wissenschaftlich begleitet. Dazu gehört die Nachkommenschafts- bzw. Herkunftsforschung als Herkunftsvergleich im Freiland, welcher z. T. durch biochemisch-genetische Methoden ergänzt wird. Im hauseigenen Isoenzymlabor und mit Hilfe von Werkvertrags- und Forschungsauftragspartnern finden biochemisch-genetische Untersuchungsmethoden Anwendung zur Evaluierung genetischer Parameter und gleichzeitigen Klonidentifizierungen in den Erhaltungssamenplantagen, für genetische Monitorings im Verbund mit der Naturwaldreservatforschung, zur genetischen Bewertung verschiedener Durchforstungsvarianten sowie zur nachträglichen Herkunftskontrolle. Morphologische und phänologische Untersuchungsmethoden werden bei speziellen Fragestellungen angewendet.

1 Einleitung

Im Jahre 1985 wurde die Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Erhaltung forstlicher Genressourcen“ ins Leben gerufen. Ihre erste Aufgabe bestand darin, ein Konzept für Erhaltungsmaßnahmen zu erarbeiten, welches 1987 fertiggestellt (ANONYMUS 1989), zwischenzeitlich revidiert (BEHM *et al.* 1997) und 2000 als „Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland“ (PAUL *et al.* 2000) grundlegend überarbeitet wurde. Dieses Konzept bildet den Rahmen für die Erhaltungsprogramme der Länder (TABEL 1997). Es liegt in der Natur der Sache, dass es länder- bzw. regionalspezifische Besonderheiten und Schwerpunkte gibt, die sich in der Regel aus der unterschiedlichen Geschichte der Waldentwicklungen ableiten.

Im Grunde hat es im Zuge der nachhaltigen Forstwirtschaft schon lange vor dem vorne genannten Konzept eine Reihe von erhaltungsrelevanten Aktivitäten gegeben. Aus der Sicht von Rheinland-Pfalz gehören dazu beispielsweise

- die Vorgaben über Mindestbaumzahlen bei der Samenernte im Rahmen rechtlicher Regelungen;
- die Naturverjüngung und herkunftskontrollierte Bestandesbegründung im Rahmen der forstlichen Praxis;
- die Etablierung von Samenplantagen für seltene Baumarten u.a.m..

Aber erst mit der Gründung der rheinland-pfälzischen forstlichen Versuchsanstalt (heute: „Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft“ (FAWF) mit der Abteilung „Genressourcen und Forstpflanzenerzeugung“) werden seit dem Jahre 1986 in unserem Lande konzentrierte Erhaltungsprogramme verfolgt (TABEL 1987; MAURER & TABEL 1995, 2002).

2 Vorkommensermittlung

Eine Grundlage aller Maßnahmen ist die Ermittlung der Vorkommen der zu bearbeitenden Baum- und Straucharten. Die *Forsteinrichtung* dient bezüglich der

häufigeren Baumarten als die wichtigste Informationsquelle und kann angesichts ihrer EDV-Vernetzung mit relativ geringem Aufwand genutzt werden. Je nach vorgesehener Maßnahme kann über Kriterien wie Baumart, Bestandesgröße, Baumartengesellschaft, Baumartenanteilfläche, Altersklasse, Höhenlage, Standort etc. gezielt ausgesucht werden. Hinsichtlich seltener Arten bieten sich *Abfragen bei Forstämtern* an, die zum Teil sinnvoll mit *eigenen Ermittlungen* gekoppelt sind. Vielfach haben wir auf diese Weise Kollegen vor Ort besonders interessiert und zu sehr effektiver Mithilfe motiviert. Ein nachhaltiger Effekt unserer Erhaltungsmaßnahmen ist nur dann gewährleistet, wenn die forstliche Praxis motiviert und mit eingebunden ist. Zudem sind *Biotopkartierungen* und spezielle *vegetationskundliche Erfassungen* hilfreich, ebenso wie die Zusammenarbeit mit anderen *kompetenten Personen* und *Institutionen*. Gegebenenfalls liefern auch *forsthistorische Arbeiten* und andere *wissenschaftliche Unterlagen* gute Informationen. Insbesondere bei Straucharten und seltenen Baumarten hat es sich bewährt, engagierte Werkvertragspartner für die Vorkommensermittlung mit einzusetzen (vgl. hierzu MAURER *et al* 2003).

Jede Inventur zieht die übersichtliche Dokumentation möglichst aller maßnahmenrelevanten Daten nach sich. Ausgewählte Einzelbäume werden im Hinblick auf ihre Verwendung in Erhaltungssamenplantagen recht detailliert beschrieben und in einem individuellen Aufnahmeblatt („Passport“) dokumentiert (vgl. hierzu MAURER *et al.* 2002). Damit ist gleichzeitig eine Entscheidungshilfe für die endgültige Auswahl im Falle hinreichender Alternativen geschaffen.

3 Vermehrungsgut im Dienste der Erhaltung

Die zentrale Bedeutung der Saatgutbereitstellung im Rahmen der Generhaltung behandelt ALBRECHT BEHM in seinem Vortrag anlässlich dieses Fachkolloquiums (BEHM 2004). Deshalb soll hier nur auf einige Besonderheiten von Rheinland-Pfalz eingegangen werden.

Die Staatliche Samenklenge Elmstein ist gerade 90 Jahre alt und war bisher dem örtlichen Forstamt angegliedert. Die Ernte, Aufbereitung, Lagerung, Vorbehandlung und Bereitstellung forstlichen Saatgutes gehörte stets zu ihren ureigensten Aufgaben. In der Erfüllung gesetzlicher Mindestanforderungen beim Umgang mit forstlichem Saatgut liegen bereits generhaltungswirksame Leistungen. Seit 1986 ist die Klenge *de facto* in die Maßnahmen zur Erhaltung forstlicher Genressourcen mit eingebunden. Die Integration wurde durch die Personalunion des Forstamtsleiters (somit auch Leiters der Samenklenge) und des Leiters der Abteilung „Genressourcen und Forstpflanzen-erzeugung“ bei der FAWF natürlich erheblich erleichtert.

Ein Schwerpunkt lag in den letzten zwei Jahrzehnten bei den seltenen Baumarten, wobei in letzter Zeit Straucharten hinzukamen. Die Saatguternte in möglichst vielen der baumzahlarmen Vorkommen einer Art und die anschließende Saatgutbereitstellung für

die Praxis darf als erster Schritt der Mehrung der genetischen Vielfalt bewertet werden. Als flankierende Maßnahme wurde die Sämlingsanzucht und –bereitstellung auch von der Klengle selbst betrieben, um auf diese Weise die Berücksichtigung der seltenen Arten in der forstlichen Praxis – aber auch bei anderen Nutzern – rascher voranzubringen. Das Beispiel der Sämlingsabgabe während gut zehn Jahren ist in Abb. 1 dargestellt.

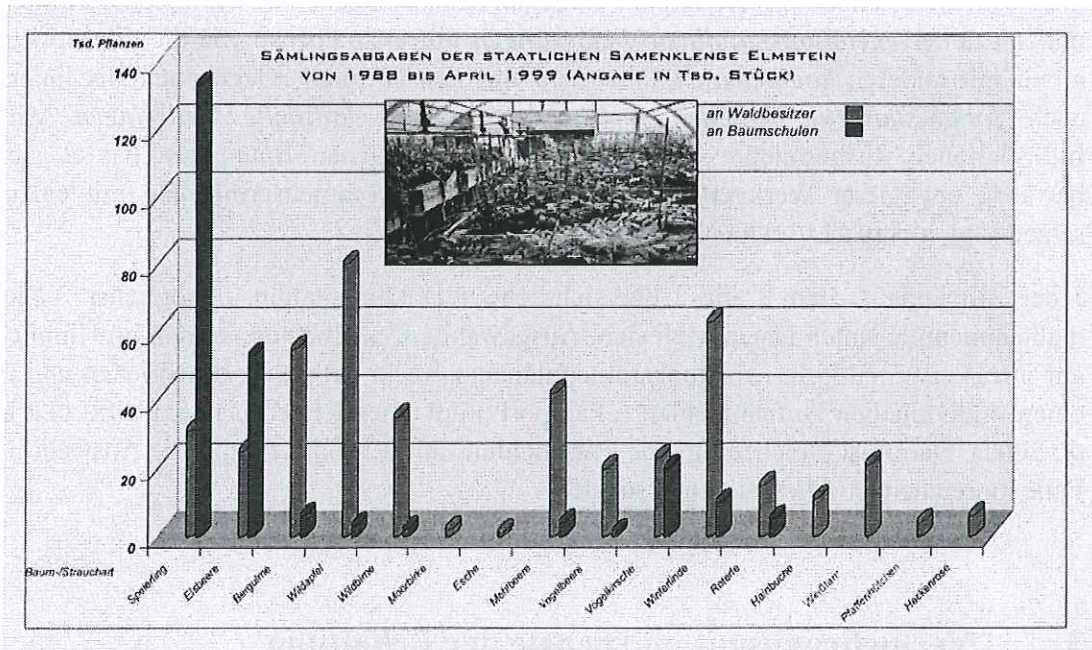


Abb. 1: Sämlingsabgaben der Staatlichen Samenklengle Elmstein im Zeitraum 1988 bis April 1999.
Fig. 1: Distribution of seedlings of the State Seed Extraction Elmstein during 1988 and April 1999.

Wesentlich ist die Mitarbeit der Klengle bei den individuellen Beerntungen, Saatgutaufbereitungen und Sämlingsanzuchten für Sämlings-Erhaltungssamenplantagen (z.B. Vogelbeere und seltene Straucharten), wobei aus einer Baum- bzw. Strauchpartie jeweils die vitalsten Sämlinge weitere Verwendung finden.

Nach der jüngsten Organisationsreform der Landesforstverwaltung mit dem Stichtag 1. Januar 2004 wird die Klengle der Abteilung „Genressourcen und Forstpflanzen-erzeugung“ der FAWF zugeordnet.

Auch die Stecklingsvermehrungsanlage Rothenbergerhof des bisherigen Forstamtes Kastellaun steht im Dienste der Generhaltungsmaßnahmen. Die Anlage war einst zum Zwecke der Pflanzenanzucht aus umfangreichen und geprüften Fichtenklongemischen vor allem für den nördlichen Bereich von Rheinland-Pfalz gedacht. Im Grunde war auch dies eine Maßnahme zur Erhaltung standortsgerechter, wertvoller Herkünfte. Zwischenzeitlich ist eine Umorientierung erfolgt.

Insbesondere die hinsichtlich der Stecklingsanzucht weniger problematischen Straucharten werden hier bearbeitet. Die Stecklinge sind in den Fällen die Basis für Klon-Erhaltungssamengärten. Gleichzeitig wird vegetativ erzeugtes Pflanzenmaterial auch der forstlichen Praxis und anderen Interessenten (Straßenbauverwaltung, Landespflege etc.) zur Verfügung gestellt.

4 Erhaltungssamenplantagen

Der Schwerpunkt der Maßnahmen *ex situ* zur Erhaltung forstlicher Genressourcen lag eindeutig bei den Erhaltungssamenplantagen für die sogenannten seltenen Baumarten (MAURER & TABEL 2003). Dazu werden jene Arten gezählt, die mit weniger als 1% in den rheinland-pfälzischen Wäldern vertreten sind. Ihre Verbreitung als ältere Vorkommen beschränkt sich vornehmlich auf Kleinbestände bis isolierte Einzelbäume. Die häufige „Verinselung“ lässt nur beschränkten bis gar keinen Genaustausch zu, so dass Inzucht und deren Folgen die Art in Gefahr bringen. Die Erhaltungssamenplantage ist eine biotechnische Maßnahme, durch die eine relativ große Anzahl individueller Genotypen zu Fortpflanzungseinheiten zusammengeführt werden, deren Nachkommen mit höherer genetischer Vielfalt und dementsprechend höherer Anpassungsfähigkeit ausgestattet sind.

In Rheinland-Pfalz stehen wir vor der günstigen Situation, dass das Land in den 1970er und folgenden Jahren einige Tausend Hektar ehemals landwirtschaftlich genutzter Flächen mit dem Schwerpunkt im nordpfälzischen Raum aufgekauft hat. Insofern ergab sich kein nennenswerter Mangel an geeigneten Samenplantagenflächen und so entstand auch das Samenplantagenzentrum im Raume Kusel. Der Flächenauswahl ging eine standörtliche Feinkartierung voran.

In den meisten Fällen handelt es sich um Klon-Samenplantagen (aus Pfropfungen), zu geringerem Teil um Sämlings-Samenplantagen. Nach Möglichkeit sollten wenigstens 50 Klone bzw. Familien in einer Anlage vertreten sein, was mit wenigen Ausnahmen auch realisiert werden konnte. Wenigstens sechs Wiederholungen mit stets anderen Nachbarschaftsverhältnissen je Klon bzw. Familie werden angestrebt, so dass nach einer etwaigen Baumzahlverminderung im höheren Alter mit entsprechend entwickelten Kronen noch drei Wiederholungen verbleiben können. In diesem Zusammenhang erscheint der zunächst gewählte Pflanzverband von 4 m x 5 m zu gering; die Mehrzahl der Samenplantagen ist im Verband 7 m x 7 m angelegt.

Für vier Baumarten [Bergahorn (*Acer pseudoplatanus*), Esche (*Fraxinus excelsior*), Schwarzerle (*Alnus glutinosa*) und Vogelkirsche (*Prunus avium*)] wurde je eine Plantage aus Mutterbäumen vom planaren bis kollinen Bereich (≤ 400 m) und vom submontanen bis montanen Bereich (> 400 m) etabliert. Für wenige Baumarten wurden 2 bis 3 Flächen angelegt, z.T. aus Gründen der doppelten Sicherung, z.T. wegen Platzmangel angesichts besonderer Standortsansprüche.

Tab. 1: Übersicht über die Generhaltungs-Samenplantagen in Rheinland-Pfalz (Stand: Oktober 2003)
List of the gene conservation seed orchards established in Rhineland-Palatinate (up to October 2003).

Baumart	Forstamt	Fläche (ha)	Klon- / Familien- zahl	Jahr der Anlage	Begleituntersuchungen			
					gene- tisch	morpho- logisch	phäno- logisch	
Winterlinde <i>Tilia cordata</i>	Bad Dürkheim	1,5	80	1985	X	X	X	
	Waldmohr	4,0	60	1993	X			
Wildapfel <i>Malus sylvestris</i>	Kusel	3,9	86	1990	X	X	X	
Vogelkirsche: <i>Prunus avium</i>								
≤ 400 m	Lauterecken	3,7	148	1990	X		X	
> 400 m	Saarburg	4,6	93	1991	X		X	
Speierling <i>Sorbus domestica</i>	Lauterecken	1,5	58	1990				
Bergahorn: <i>Acer</i>								
≤ 400 m	<i>pseudoplatanus</i> Kusel	3,4	75	1991	X			
> 400 m	Kusel	2,7	54	1992	X			
Esche: <i>Fraxinus excelsior</i>								
≤ 400 m	Kusel	5,1	76	1991/ 1993	in Bear- beitung			
> 400 m	Landstuhl	2,5	51	1992				
Wildbirne <i>Pyrus pyraeaster</i>	Winnweiler	2,7	99	1991		X	X	
Feldulme <i>Ulmus minor</i>	Waldmohr	2,5	23	1991		X		
Spitzahorn <i>Acer platanoides</i>	Kusel	2,6	52	1992				
Pazifische Edeltanne	<i>Abies procera</i> Kastellaun	1,9	38	1993				
	Kusel	1,9	38	2001				
Elsbeere <i>Sorbus torminalis</i>	Kusel	2,4	49	1993				
Schwarzerle: <i>Alnus glutinosa</i>								
> 400 m	Morbach	3,4	97	1994	X			
≤ 400 m	Kusel	2,9	100	1995	X			
Bergulme <i>Ulmus glabra</i>	Landstuhl	3,4	47	1994	X	X		
Hainbuche <i>Carpinus betulus</i>	Kusel	3,2	107	1997				
Sommerlinde <i>Tilia platyphyllos</i>	Kusel	2,5	59	1997		X		
Feldahorn <i>Acer campestre</i>	Kusel	2,5	80	1998				
Weißtanne: <i>Abies alba</i>								
„Eliteplantage“	Kusel	3,0	110	1999	X			
„Klonarchiv“	Kusel	3,0	162	2000	X			
Mehlbeere <i>Sorbus aria</i>	Kusel	1,6	53	1999				
Flatterulme <i>Ulmus laevis</i>	Kusel	1,1	61	1999		X		
	Kusel	1,1	61	1999		X		
Europ. Lärche <i>Larix decidua</i>	Kusel	2,1	70	2001	X			
Eberesche <i>Sorbus aucuparia</i>	Kusel	1,8	62	2001				
Feldulme <i>Ulmus minor</i>	Waldmohr	1,6	66	2002				
Feldulme <i>Ulmus minor</i>	Kusel	0,7	66	2003				
Moorbirke <i>Betula pubescens</i>	Kusel	3,2	110	2003				
Anzahl Baumarten:	22	Gesamtfläche: 84,0 ha						

Bei zwei Baumarten handelt es sich im Erhaltungssamenplantagen für zwei herausragende Bestände, nämlich der Pazifischen Edeltanne (*Abies procera* Rehd.) (zwischenzeitlich vom Sturm geworfener Spitzenbestand im Forstamt Diez) und der Europäischen Lärche (*Larix decidua* MILL.; Sonderherkunft „Tiroler Lärche“ im vormaligen Forstamt Pirmasens).

In der Tab. 1 sind die 32 Flächen mit 22 Baumarten auf insgesamt 84 ha zusammengestellt. Es sei hier schon vorweggenommen, dass alle Samenplantagen einer genetischen Evaluierung unterzogen werden. Wie aus Tab. 1 zu ersehen, ist das z. T. neben morphologischen und phänologischen Begleituntersuchungen bereits vollzogen. Die älteren Anlagen lassen bereits eine Saatguternte zu. Es versteht sich von selbst, dass in den Herkunftsempfehlungen des Landes alle Erhaltungssamenplantagen in der vordersten Linie stehen.

5 Stecklings-Mutterquartiere

Die Schwarzpappel (*Populus nigra* L.), eine der typischsten Begleitbaumarten ursprünglicher Flusslandschaften, ist durch die Flussregulierungen und des dadurch ausbleibenden, für ihre Verjüngungsstrategie so wichtigen Schwemmsandes im höchsten Maße gefährdet. Sozusagen als *ad-hoc*-Maßnahme wurden 77 noch im Rhein- und Moselgebiet gefundene Altbäume vegetativ vermehrt und im Auwaldpflanzgarten des Forstamtes Bellheim als Mutterquartier für nachfolgende Stecklinge ausgepflanzt (HEINTZEN & TABEL 1998). Die Erstvermehrung über Stecklinge erwies sich angesichts des schlechten Zweigmaterials der Altbäume als problematisch. Deshalb wurde ein Großteil gepfropft, was zwar aufwendiger, aber erfolgreicher war. Heute verfügen wir über ein Stecklingsquartier aus dem 77-Klon-Gemisch mit kräftigen Zweigen, welches bislang aber leider aus bekannten Gründen nicht zufriedenstellend genutzt wird.

Im gleichen Pflanzgarten befindet sich außerdem Weiden-Quartiere [Silberweide (*Salix alba*), Knackweide (*S. fragilis*), Purpurweide (*S. purpurea*)] aus insgesamt 150 Klonen, dessen Potenzial gleichermaßen nicht ausgeschöpft wird.

6 Generhaltungsbestände

Die Ausweisung von Generhaltungsbeständen ist die klassische *in situ*-Maßnahme für häufig vorkommende Baumarten. Als Ausweisungskriterien werden regionale Angepasstheit, hohe genetische Vielfalt, regionale Repräsentativität und im Sonderfall auch Marginalvorkommen angesehen. Die Generhaltungsbestände werden grundsätzlich als Versuchsflächen der FAWF geführt. Die entscheidende Konsequenz für solche Bestände ist, dass ihre Verjüngung ausschließlich mit Material aus diesem Bestand erfolgen darf. Im Übrigen teilt die örtliche Forstverwaltung der FAWF alle besonderen Ereignisse sowie Pflege- und Nutzungsmaßnahmen in dem Bestand zeitnahe mit, damit ggf. korrigierend gehandelt werden kann.

Tab. 2: Genetische Inventur bei ausgesuchten Buchenbeständen auf Standorten in Rheinland-Pfalz.

Genetic inventory of selected beech (Fagus sylvatica) stands in Rheinland-Palatinate.

(1) Austriebsomnituren 1994 und 1995: A 94 (0/A95 (nn) mit den jeweiligen durchschnittlichen Jahres-Rangplätzen in Klammern. «2.1.» bedeutet schnellster Abschluss der Blattausbildung. «1.» bedeutet langsamster Abschluss unter den Bedingungen des Kamp Antonhof.

(2) Mit Ausnahme des Bestandes N4, der zum Gemeindefeld Nittel gehört, liegen alle anderen Bestände im Staatswald

Wuchsgebiet	Forstamt	Bestand	Höhenlage [m] min., max., (mittel) über NN	Höhenstufe	Auswahl gemäß isoenzymatischer Untersuchung	Auswahl gemäß phäno- logischer Untersuchung (1)
Gutland	Saarburg	N4 (2)	230 333 (281)	kollin	repräsentativ für das gesamte Land Rheinland-Pfalz	A94 (15) / 95 (11): 15
Pfälzerwald	Schönau	VIII 1b ²	240 360 (300)	kollin	repräsentativ für das Wuchsgebiet Pfälzerwald	A94 (13) / 95 (10): 13
Westerwald	Montabaur	51 a ¹⁺²	280 345 (312)	kollin	repräsentativ für das gesamte Land Rheinland-Pfalz	A94 (2) / 95 (4): 3
Saarl. Pfälz. Muschel- kalkgebiet	Zweibrücken	XXI 2b/c; 3; 4; 5	350 420 (385)	kollin	repräsentativ für das gesamte Land Rheinland-Pfalz	A94 (3) / 95 (2): 1
Pfälzerwald	Elmstein	XIV 5b/c ²	350 435 (400)	kollin	repräsentativ für den Pfälzerwald	A94 (1) / 95 (3): 3
Ostefel	Manderscheid	190a/b	369 406 (387)	kollin	repräsentativ für das gesamte Land Rheinland-Pfalz	A94 (12) / 95 (7): 11
Westerwald	Neuhäusel	165a, b 166b, c 168a, 169a, c	380 490 (435)	submontan	beide Bestandeskomplexe mit überdurchschnittlich hohen Werten bezüglich des Heterozygotiegrads, der Genpool-Diversität, der Gesamtdifferenzierung und der hypothetisch gametischen Diversität;	nicht durchgeführt
Westerwald	Hachenburg	211 b ¹ , 212 a ²	415 465 (440)	submontan	sie unterscheiden sich deutlich vom Bestand Salmwald	nicht durchgeführt
Westefel	Salmwald	137b	480 530 (505)	submontan	repräsentativ für das Wuchsgebiet Westefel	A94 (16) / 95 (9): 14
Westerwald	Rennerod	37, 38	510 590 (550)	montan	relativ hohe Anzahl an seltenen Allelen	A94 (20) / 95 (20): 20
Hoch- und Idarwald	Hermeskeil	94a	600 670 (635)	montan	marginales Vorkommen	A94 (18) / 95 (17): 18
Hoch- und Idarwald	Morbach	18a ²	620 685 (652)	montan	marginales Vorkommen	A94 (21) / 95 (21): 21

In Rheinland-Pfalz begannen wir mit der Buche (*Fagus sylvatica* L.). Für die genetische Voruntersuchung per Isoenzymanalyse wurden Bestände landesweit ausgewählt (TABEL & MAURER 1992). Auswahlkriterien waren die Bestandesmindestgröße von 10 ha, Mindestalter 100 Jahre, nach Möglichkeit Zulassung zur Beerntung der Kategorie „Ausgewähltes Vermehrungsgut“ und möglichst im Besitz des Landes. So wurden schließlich 24 Bestände in die Untersuchung einbezogen, von denen 12 als Generhaltungsbestände durch das Ministerium für Umwelt und Forsten Rheinland-Pfalz ausgewiesen wurden und den Versuchsflächenstatus bekamen (s. Tab. 2). Sechs Bestände kommen aus der kollinen Stufe und zeichnen sich durch ihre Repräsentanz für das Land bzw. für das Wuchsgebiet Pfälzerwald aus. Drei Bestände stehen in der submontanen Stufe, wobei einer das Wuchsgebiet Westeifel repräsentiert und zwei Bestände mit überdurchschnittlich hohen Werten bezüglich des Heterozygotiegrades, der Genpooldiversität und der hypothetisch gametischen Diversität aufwarten. Drei Bestände kommen aus dem Marginalbereich der montanen Stufe, wobei einer sich durch eine besonders hohe Anzahl „seltener Allele“ auszeichnet (MAURER & TABEL 2000).

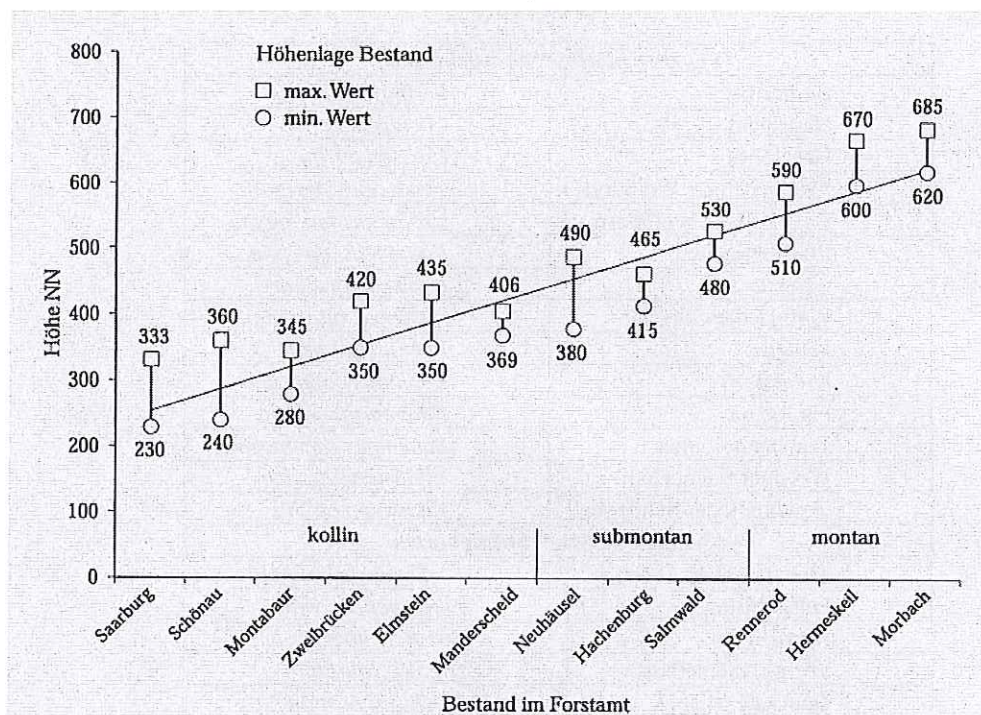


Abb. 2: Übersicht über die Höhenlage der ausgewiesenen Buchen-Generhaltungsbestände.

Fig. 2: Altitudinal location of the designated beech (*Fagus sylvatica*) gene conservation stands.

Die Abb. 2 gibt einen Einblick in die Höhenstufengliederung und forstamtliche Zuordnung der Generhaltungsbestände.

In ähnlicher Weise ist der Weg für die Traubeneiche (*Quercus petraea* Matt.) und Stieleiche (*Quercus robur* L.) bereitet, so dass die Ausweisung der Generhaltungsbestände über das Ministerium für Umwelt und Forsten auf den Weg gebracht werden kann.

7 Straucharten

Die Sorge um die Angepasstheit und Anpassungsfähigkeit unserer Straucharten hat auch in Rheinland-Pfalz zu nennenswerten Erhaltungsaktivitäten geführt. Es geht in erster Linie darum, der Florenverfälschung der heimischen Arten, die angesichts der umfangreichen Anpflanzungen im Wege der Straßenbegrünung und anderer Landschaftsgestaltungsmaßnahmen schon ziemlich weit fortgeschritten ist, entgegenzuwirken.

Tab. 3: Straucharten in Rheinland-Pfalz, als „eher häufig“ und „eher selten“ eingestuft.
Woody shrub species occurring in Rhineland-Palatinate classified to be „rather frequent“ and „rather seldom“.

(1) „eher häufige“ Straucharten	
Berberitze	<i>Berberis vulgaris</i>
Hartriegel	<i>Cornus mas</i>
Haselnuss	<i>Corylus avellana</i>
Zweigriffliher Weißdorn	<i>Crataegus laevigata</i>
Eingriffliher Weißdorn	<i>Crataegus monogyna</i>
Pfaffenhütchen	<i>Euonymus europaea</i>
Liguster	<i>Ligustrum vulgare</i>
Rote Heckenkirsche	<i>Lonicera xylosteum</i>
Schlehe	<i>Prunus spinosa</i>
Kreuzdorn	<i>Rhamnus catharicus</i>
Faulbaum	<i>Rhamnus frangula</i>
Traubenholunder	<i>Sambucus racemosa</i>
Wolliger Schneeball	<i>Viburnum lantana</i>
Gewöhnlicher Schneeball	<i>Viburnum opulus</i>
(2) „eher seltene“ Straucharten	
Französischer Ahorn	<i>Acer monspessulanum</i>
Felsenbirne	<i>Amelanchier ovalis</i>
Buchsbaum	<i>Buxus sempervirens</i>
Lorbeer-Seidelbast	<i>Daphne laureola</i>
Deutsche Mispel	<i>Mespilus germanica</i>
Schwarze Johannisbeere	<i>Ribes nigrum</i>
Echte Weinrebe	<i>Vitis vinifera</i>

Aus ökonomischen Gründen kommt das Vermehrungsgut zu größtem Teil aus sogenannten Billigländern, d.h. aus hier ökologisch fremden Umweltbedingungen mit allen möglichen Folgen aus der Nichtangepasstheit und fortlaufenden Verfälschung während der generativen Reproduktion.

Zu diesem Thema haben eine Reihe von Gesprächen und Kolloquien mit anderen potenziellen Nutzern (aus Straßen- und Kreisverwaltungen, Ministerien, privaten Baumschulen u.a.m.) stattgefunden. Im Grundsatz wird die Handlungsnotwendigkeit anerkannt, wobei wir mit unseren Einrichtungen und gewachsenem Fachwissen in der besonderen Verantwortung stehen. Ein entscheidender Punkt ist die hinreichende Bereitstellung von heimischem, ökologisch angepasstem Vermehrungsgut (vgl. hierzu MAURER 2003).

Die Ermittlung der Vorkommen gestaltete sich insofern etwas komplizierter, als die meisten Forstleute dazu einen wesentlich begrenzteren Bezug haben, die Informationen selbst erarbeitet und z.T. von externen Quellen geholt werden mussten. Dennoch ist es unter Hinzuziehung engagierter Werkvertragspartner gelungen, eine recht umfassende Vorkommensinventur von Wildformen heimischer Straucharten zu erstellen und auf dieser Grundlage, wie wir meinen, ein zielführendes Konzept für weitere Maßnahmen zu entwickeln (MAURER *et al.* 2003).

Aufgrund ihrer zahlreichen Vorkommen mit individuenreichen Beständen wurde die Kategorie der 15 „*eher häufige Straucharten*“ ausgewiesen (Tab. 3). Nach Kriterien der Bestandesgröße und technischen Beerntbarkeit wurden intern Beerntungseinheiten registriert, welche die Grundlage zu Empfehlungen für Saatguternteaktivitäten geben. Ohne einer bundesweiten Herkunftsgebietsgliederung in irgendeiner Weise vorgreifen zu wollen, haben wir für Rheinland-Pfalz „vorläufige Standortgruppen“ gebildet und die Erntebestände entsprechend zugeordnet. Dabei handelt es sich um 4 Einheiten, nämlich (1) das Wuchsgebiet Pfälzerwald und Haardt, (2) niederschlagsbegünstigte Höhenlagen (submontan/montan), (3) wärmebegünstigte und niederschlagsarme Regionen (planar/kollin) und (4) übrige Regionen (s. Tab. 4).

Die Kategorie „*eher seltene Straucharten*“ umfasst hier nur sechs Arten, nämlich den Französischen Ahorn (*Acer monspessulanum* L.), die Felsenbirne (*Amelanchier ovalis* MEDIK.), den Buchsbaum (*Buxus sempervirens* L.), die Deutsche Mispel (*Mespilus germanica* L.), die Schwarze Johannisbeere (*Ribes nigrum* L.) und die Echte Weinrebe (*Vitis vinifera* L.) (s. Tab. 3).

Zum Teil ist für diese Arten die kontrolliert-individuelle generative bzw. vegetative Vermehrung begonnen worden und bedarf der vorrangigen Fortführung. In Anlehnung an die seltenen Baumarten sollen damit Erhaltungssamengärten begründet werden, dies mit zahlreicher Genotypenbeteiligung und dem oben genannten Ziel der höheren genetischen Vielfalt und besseren Anpassungsfähigkeit der Nachkommen.

Tab. 4: Wuchsgebietsgruppen (WGG) für die in Rheinland-Pfalz eher häufiger vorkommenden Straucharten (übernommen aus MAURER *et al.* 2003).
Groups of growth areas (WGG) specified for the woody shrub species being present rather frequently in Rhineland-Palatinate (taken from MAURER et al. 2003).

WGG-Nr.	<i>Wuchsgebietsgruppe (WGG) mit Wuchsgebieten (WG) und Wuchsbezirken (inkl. Wuchsgebietsnummerierung)</i>
1	<p align="center"><i>Pfälzerwald einschließlich Haardttrand</i></p> <p><i>WG Pfälzerwald:</i> 35-21 und 35-22 Haardt; 36 Südlicher Pfälzerwald; 37 Mittlerer Pfälzerwald; 38-21 und 38-22 Nördlicher Pfälzerwald</p>
2	<p align="center"><i>Niederschlagsbegünstigte Höhenlagen (submontan/montan) in den Zentralbereichen von Hunsrück, Eifel und Westerwald</i></p> <p><i>WG Hunsrück:</i> 50-32 Soonwald; 50-33 Soonwald; 52 Hoch- und Idarwald; 56-32 Saar-Ruwer-Hunsrück; 57-32 und 57-33 Westliche Hunsrück-Hochfläche <i>WG Osteifel:</i> 71-32 und 71-33 Östliche Hocheifel <i>WG Westeifel:</i> 76-32 und 76-33 Kalkeifel; 77-32 und 77-33 Kyllburger Waldeifel; 78-32 und 78-33 Islek und Oesling; 79-33 und 79-43 Westliche Hocheifel <i>WG Westerwald:</i> 90-42 und 90-43 Hoher Westerwald; 91-32 und 91-42 Oberwesterwald; 92-32, Niederwesterwald <i>WG Bergisches Land:</i> 95-32, 95-41 und 95-42 Mittelsieg-Bergland <i>WG Sauerland:</i> 96-41, 96-42 und 96-43 Siegerland</p>
3	<p align="center"><i>Wärmebegünstigte (niederschlagsarme) Regionen mit Rhein, Mosel (Unter- und Mittellauf), Nahe (bis Idar-Oberstein), Ahr (Unter- und Mittellauf) und Lahn (Unterlauf)</i></p> <p><i>WG Nördliches Oberrheinisches Tiefland:</i> 30 Rheinauen; 31 Vorderpfälzische Rheinebene; 32 Rheinhessisch-Pfälzisches Tafel- und Hügelland; 33 Unteres Naheland; 34 Weinstrasse <i>WG Pfälzerwald:</i> 35-11 Haardt; 38-11 Nördlicher Pfälzerwald <i>WG Saar-Nahe-Berg- und Hügelland:</i> 45-11 Glan-Alsenz-Berg- und Hügelland; 46-11 Westlicher Berg- und Hügelland; 48-11 Soonwaldvorstufe <i>WG Hunsrück:</i> 50-11 Soonwald; 54-11 Rhein-Hunsrück; 55-11 Mosel-Hunsrück <i>WG Moseltal:</i> 60-11 Mittleres Moseltal; 61-11 Wittlicher Senke; 62 Unteres Saartal <i>WG Gutland:</i> 63-11 Mosel-Saar-Gau; 64-11 Bitburger Gutland <i>WG Osteifel:</i> 70-11 Moseleifel; 72-11 Ahreifel; 73-11 Östlicher Eifelrand <i>WG Mittelrheintal:</i> 81-11 Oberes Mittelrheintal; 82-11 Mittelrheinisches Becken; 83-11 Unteres Mittelrheingebiet <i>WG Taunus:</i> 84-11 Westlicher Hintertaunus; 85-11 Unteres Lahntal; 86-11 Limburger Becken <i>WG Westerwald:</i> 92-11 Niederwesterwald</p>
4	<p align="center"><i>übrige Regionen, vom Schichtenstufenland von Zweibrücken über Westpfälzer Bergland, Saargau und Bitburger Gutland</i></p>

8 Begleitende Forschung

Ein wesentlicher Teil zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in Rheinland-Pfalz betrifft genetische, morphologische und phänologische Begleituntersuchungen (vgl. hierzu MAURER 2002). Wenngleich die biochemischen und molekulargenetischen Methoden für genetische Laboruntersuchungen fortschreitend entwickelt wurden und werden, bleibt die *Herkunftsforschung* im Freiland von nicht ersetzbarer wichtiger Bedeutung.

Es fehlen hinreichende Erkenntnisse über die ursächliche Wechselwirkung zwischen genetischen Strukturen einerseits und Ausprägungen im Wuchsverhalten andererseits. Selbst bei im Labor ermittelter relativ geringer genetischer Differenzierung können Freilandversuche erstaunliche Überraschungen bringen. Am Beispiel eines Edelkastanien-Herkunftsversuches wird das deutlich. Der Versuch ist auf drei verschiedenen Flächen 1991 angelegt worden. 8 Herkünfte sind auf jeder Fläche vertreten und liegen mit ihren Höhenmitteln im Vergleich zum Gesamtmittel zwischen 117% (Spitzenreiter) und 86% (Schlusslicht) – das ist ein Unterschied von 31%. Demgegenüber hat die bisherige genetische Laboruntersuchung auf der DNA-Genmarker-Ebene nur geringe Unterschiede ergeben (SCHIFFER *et al.* 2002). Flankierende genetische Laboruntersuchungen von Herkunftsversuchen konnten hier bisher in nur wenigen Fällen durchgeführt werden, sollten aber mit dem Ziel zunehmender Erkenntnisgewinne ein stärkeres Gewicht bekommen (z.B. MAURER *et al.* 2000).

Länderübergreifende Provenienzversuche führen als gemeinsame Projekte zu einer größeren Informationsbasis und zu besseren Entscheidungshilfen bei Herkunftsempfehlungen für die forstliche Praxis. Dazu gehört in erster Linie der Nachkommenschaftsvergleich von Samenplantagen, wie er jüngst unter Beteiligung von Rheinland-Pfalz für die Baumart Vogelkirsche (*Prunus avium* L.) angelegt worden ist. Aber auch Einzelvorkommen sehr seltener Arten werden mit solchen gemeinsamen Projekten effektiv evaluiert. Als Beispiel sei die umfangreiche Speierlings-Nachkommenschaftsprüfung (*Sorbus domestica* L.) genannt, der als Sortenvergleich (174 Einzelbaum- bzw. Gruppenabsaaten) aus europaweiten Herkünften angelegt ist und für den Rheinland-Pfalz die Feder führt (TABEL *et al.* 2001).

Seit 1987 sind in Rheinland-Pfalz für 10 Baumarten Provenienzversuche angelegt worden. Die Zielsetzungen sind unterschiedlich und reichen von Entscheidungshilfen für Herkunftsempfehlungen bis hin zu Erhaltungsmaßnahmen (s. Tab. 5).

Ein wesentlicher Teil der Maßnahmen zur Erhaltung und Nutzung forstlicher Genressourcen betrifft *biochemisch-genetische Untersuchungen* (vgl. hierzu MAURER 2002). Die zunehmende Fülle der Aufgaben kann mit der begrenzten Kapazität des eigenen Isoenzymlabors nicht allein bewältigt werden. Untersuchungen auf molekular-genetischer Basis müssen ohnehin an auswärtige Institute in Auftrag gegeben werden. Forschungsauftrags- und Werkvertragspartner waren und sind in nennenswertem Maße mit eingebunden.

Tab. 5: Herkunftsversuche bzw. Nachkommenschaftsprüfungen in Rheinland-Pfalz.
Provenance and/or progeny tests located in Rhineland-Palatinate.

	<i>Baumart</i>	<i>Forstamt</i>	<i>Anlagejahr</i>
Eibe	<i>Taxus baccata</i>	Waldmohr Winnweiler	2003 2003
Edelkastanie	<i>Castanea sativa</i>	Bad Bergzabern Hardenburg Kusel	1991 1991 1992
IUFRO-Weißtanne	<i>Abies alba</i>	Kelberg Osburg	1987 1987
Kiefer	<i>Pinus sylvestris</i>	Hagenbach	1988
		Hochspeyer	1988
		Johanniskreuz	1988
	<i>Pinus sylvestris</i>	Eppenbrunn	1988
		Hagenbach	1990
		Hochspeyer	1992
	<i>Pinus sylvestris</i>	Eppenbrunn	1995
		Hassloch-Neustadt	1995
		Hassloch-Neustadt	1995
Südlicher Mammutbaum	<i>Sequoiadendron giganteum</i>	Kusel	1999
Speierling	<i>Sorbus domestica</i>	Kusel	1988
		Winnweiler	1988
		Zweibrücken	1988
Stieleiche	<i>Quercus robur</i>	Neupfalz	1992
		Saarburg	1992
		Wittlich	1992
Türkische Tanne	<i>Abies spec.</i>	Rennerod	1994
		Neupfalz	1994
Vogelkirsche	<i>Prunus avium</i>	Kusel	1990
		Kusel	2002
Weißtanne	<i>Abies alba</i>	Bad Bergzabern	1990
Wildapfel	<i>Malus sylvestris</i>	Gerolstein	1989
		Hagenbach	1989
		Kusel	1988
Wildbirne	<i>Pyrus pyraster</i>	Kusel	1988

In einer Reihe von Samenplantagen ist per Isoenzymanalyse die Klonidentifizierung und Ermittlung genetischer Parameter durchgeführt worden [z.B. MAURER & TABEL (1995) für Winterlinde (*Tilia cordata* MILL.); LEINEMANN *et al.* (2002) für Kiefer (*Pinus sylvestris* L.) und Douglasie (*Pseudotsuga menziesii* MIRB.)]. Trotz Sorgfalt kann es auf dem Wege von der Pflanzfreiernte bis hin zur richtigen Wahl des Pflanzplatzes in der Plantagenanlage zu Fehlern kommen. Ebenso ist es nicht immer auszuschließen, dass versehentlich die Pflanzunterlage anstelle des Edelreises durchwächst. Solche Fehler sind zu korrigieren. Die genetische Charakterisierung der Erhaltungssamenplantagen insgesamt und ihrer Nachkommen führt zu einem

genetischen Bewertungsmaßstab und gehört zur Erfolgskontrolle der Erhaltungsmaßnahme *per se*. Vorteilhaft ist die vorangehende genetische Evaluierung der Mutterbäume, wie es im Falle der beiden Weißtannen-Erhaltungsplantagen erfolgte (MAURER *et al.* 2002). Das aber war in den meisten Fällen wegen noch nicht entwickelter genetischer Methoden wie auch aus Kapazitäts- und Finanzierungsgründen nicht möglich.

Der Ausweisung von Generhaltungsbeständen geht, wie oben bereits angemerkt, eine umfassende genetische Untersuchung voran (STARKE *et al.* 1995; TUROK *et al.* 1998; ZIEHE *et al.* 2002). Die in der Regel 200 Stichproben ergeben sich aus dem systematisch über die Fläche gelegten Rasternetzes. Proband ist jeweils der dem Rasterpunkt am nächsten stehende Baum. Im Hinblick auf die Auswahl und administrative Ausweisung von Generhaltungsbeständen stehen im Vordergrund die Bewertung (1) der landesweiten bzw. regionaltypischen Repräsentativität, (2) Marginalvorkommen mit typischer Charakterisierung (z. B. Hochlagen-Bestände) und (3) das Vorhandensein von „seltenen Allelen“ (vgl. MAURER & TABEL 2000).

Alle waldbaulichen Maßnahmen sollten der kritischen Beobachtung aus genetischer Sicht unterliegen. Insofern werden genetische Begleituntersuchungen dort als sehr wichtiger Aufgabenbereich angesehen, der zumeist mit einem längerfristigen Beobachtungszeitraum verbunden ist. Vergleiche der Naturverjüngung mit dem Altbestand sind im Naturwaldreservat für Buche und Fichte eingeleitet (MAURER *et al.* 2001). Das gilt sowohl für Reinbestände als insbesondere auch für Mischungen (BERGMANN & WEHENKEL 2003). Diese Beiträge sind im Rahmen der Zusammenarbeit mit der Naturwaldforschung initiiert [vgl. auch BALCAR & MAURER (2004) in diesem Band]. Solche genetischen Monitorings sind auch für die Verjüngungsentwicklung in Generhaltungsbeständen (s.o.) angedacht. Es geht schließlich darum, dass so wenig als möglich genetische Information durch anthropogene Einflüsse auf der Strecke bleibt. Gleichmaßen sind die Durchforstungskonzepte aus genetischem Blickwinkel kritisch zu beobachten. In einem gemeinsamen Projekt mit Niedersachsen und Sachsen ist die genetische Bewertung von unterschiedlichen Durchforstungsstrategien bei der Buche (*Fagus sylvatica* L.) eingeleitet worden (DOUNAVI *et al.* 2001). Immerhin stehen unsere Waldbestände die längste Zeit ihres Lebens in der Durchforstungsphase (resp. Qualifizierungs-, Dimensionierungs- und Reifephase)! Das Risiko des Verlustes genetischer Information ist in dem langen Zeitraum relativ hoch. Es kann nur kalkulierbar bleiben, wenn wir um die inneren Vorgänge wissen.

Im Rahmen der Herkunftskontrolle nimmt die genetische Evaluierung eine zunehmend wichtige Rolle ein und hat uns unter anderem für die Douglasie (*Pseudotsuga menziesii* Mirb.) sehr wichtige Aufschlüsse gebracht. Der relativ hohe Douglasienanteil in Rheinland-Pfalz von ca. 7% ist vor allem den umfangreichen Nachkriegsaufforstungen (und Umwandlungen) mit dieser Baumart zu verdanken. An einer Reihe von etwa 30-40jährigen Beständen traten plötzlich erhebliche Krankheitssymptome auf (TABEL & MAURER 1997). Der Tatbestand bewog uns zu einer umfangreichen Untersuchung per Isoenzymanalyse, dessen Ergebnis die eindeutige Unterscheidung der für uns

geeigneten Küstenherkünfte von den ungeeigneten Inlandsherkünften ermöglicht (LEINEMANN & MAURER 1999). In der Folge haben wir die Differenzierungsmöglichkeit zur Überprüfung aller nach dem zweiten Weltkrieg zugelassenen Bestände genutzt (MAURER *et al.* 2003).

Phänologische Ausprägungen (z. B. Zeitpunkt und Zeitspanne des Austriebs und des Vegetationsabschlusses, Blühzeitpunkt und -dauer etc.) einer Art sind ein Ausdruck ihrer Anpassung. Insofern geben **phänologische Untersuchungen** als Entscheidungshilfen für Erhaltungsmaßnahmen auch Aufschluss über Herkunfts-differenzierung, Anbauwürdigkeit oder Eignung für die Integrierung in eine Samenplantage. Wir nutzten diese Möglichkeit bei der Evaluierung der Buchenbestände hinsichtlich des Austriebsverhaltens in der Sämlingsphase für die Ausweisung der Generhaltungsbestände (vgl. hierzu MAURER & TABEL 2000).

Das klonweise Blühverhalten haben wir in Erhaltungssamenplantagen untersucht für Wildapfel (*Malus sylvestris* Mill.) und Wildbirne (*Pyrus pyraster* L.) (TABEL *et al.* 2000) sowie für Vogelkirsche (*Prunus avium* L.) (MAURER *et al.* 2002). Es muss sichergestellt werden, dass stets genügend Klone einander befruchten können. Die Blühzeiträume sind jährlich nicht konstant, sondern hängen vom aktuellen Witterungsverlauf ab. Überlappungen von Blühzeiträumen verschiedener Klone variieren daher. Auch aus dieser Sicht ist die Klonanzahl einer

Bei einigen Waldbaumgattungen sind die phänotypischen Unterschiede der Arten recht gering (z.B. *Quercus sp.*, *Tilia sp.*, *Ulmus sp.*) Im Rahmen der Generhaltungsmaßnahmen muss aber – wie auch aus anderen Gründen – hinsichtlich der Artenidentifizierung Klarheit herrschen. Es liegt zunächst nahe, nach genetischen Differenzierungsmarkern zu suchen. Auch wir haben den Versuch bei *Quercus sp.* unternommen, blieben aber – ähnlich wie andere Arbeitsgruppen – auf der Individual-ebene ohne praxisrelevanten Erfolg.

Allerdings haben erste **physiologische Untersuchungen** wenigstens dahingehend zu einem Ansatz geführt, als auf der Grundlage von Enzymaktivitätsmessungen insbesondere bei der im Kohlenhydratstoffwechsel beheimateten Phosphoenolpyruvat Carboxylase (EC 4.1.1.31) eine Unterscheidung von individuellen Eichen als Stiel- bzw. Traubeneiche nachgewiesen werden konnte: in aller Regel war dieses Enzym in Winterknospen der Stieleichen aktiv, während es in Traubeneichen inaktiv war (ROTHE *et al.* 2002). Inwieweit dieses Verfahren praxisrelevant eingesetzt werden kann, wurde (noch) nicht an einer größeren Anzahl von Eichen erprobt.

Demgegenüber waren und sind unsere **morphologischen Untersuchungen** an Blättern und Fruchtständen bei *Quercus sp.* (SPETHMANN 1987), *Tilia sp.* (MAURER 1995) und *Ulmus sp.* (MAURER *et al.* 2002) zielführend. Bei den Eichen- und Lindenarten ist die Artenidentifizierung auch aus forstsaatgutrechtlicher Sicht von besonderer Bedeutung. Von Wildapfel (*Malus sylvestris* Mill.) und Wildbirne (*Pyrus pyraster* L.) haben wir die Klone der Erhaltungssamenplantagen morphologisch auf ihre Wildformnähe hin überprüft (TABEL *et al.* 2000). Ergänzende genetische Untersuchungen sollen diese Fragestellung weiter beleuchten (WAGNER *et al.* 2004, in diesem Band). Vorerst bleibt

es allerdings eine mehr gutachterliche Entscheidung, wo man den Schnitt Wildformnähe/Kulturformnähe für eine Eliminierung „kulturnaher“ Klone macht .

9 Ausbildung und Betreuung von Baumsteigern

Der Baumsteigereinsatz gehört zu einer der wichtigsten technischen Voraussetzungen für die Durchführung von Erhaltungsmaßnahmen (Samen- und Pflanzenernte).



Abb. 3: Einsatzbereiche von Baumsteigern in verschiedenen Zeiträumen in der Bundesrepublik Deutschland nach SCHREIBER (1995). Ordinate: Nennungen in %.

Fig. 3: Working fields of tree climbers at different periods of time in the Federal Republic of Germany according to SCHREIBER (1995). Y-coordinate: percentage of entries.

Das ist der pragmatische Grund, weshalb die Aus- und Fortbildung, die Einsatzkoordinierung und persönliche Betreuung der Baumsteiger des Landes in erster Linie von der FAWF-Abteilung „Genressourcen und Forstpflanzenerzeugung“ wahrgenommen wird. Wie sehr sich die Gewichtung der Baumsteiger-Einsatzbereiche verändert hat, wird aus Abb. 3 ersichtlich. Die relativen Anteile der Saatguternte und der Wipfelkämpfung sind zugunsten jener der Pflanzenernte- und Blatt-/Nadelprobengewinnung zurückgegangen. Erhebliche Veränderungen, d.h. Verbesserungen erfolgten zudem bei den Steigetechniken und Sicherheitsvorgaben, deren Entwicklung Rheinland-Pfalz führend mitgestaltet hat (HEINTZEN 1999).

10 Epilog

Die Erhaltungsprogramme im engeren Sinne beinhalten Maßnahmen auf wissenschaftlicher Grundlage, deren Ergebnisse schließlich von der forstlichen Praxis genutzt werden sollen (TABEL 1996). Die Richtlinien für die Waldbehandlung wohl aller Länder beruhen auf ökologischen Grundlagen und beinhalten eine Vielzahl erhaltungsrelevanter Aspekte. „Visionen ohne Aktionen sind Halluzinationen“! Damit wir nicht in der „Halluzination“ hängen bleiben, muss der enge Schulterschluss zwischen Forschung und forstlicher Praxis vor Ort fortlaufend gepflegt, die Umsetzung der Erhaltung forstlicher Genressourcen im respektvollen Miteinander betrieben werden. Beispielsweise ist die Etablierung von Erhaltungssamenplantagen kein Selbstzweck, sondern eine Zwischenstation zur Nutzung durch die forstliche Praxis, wie im Grunde alle Maßnahmen der Herkunftssicherung als Wege zur Erhaltung forstlicher Genressourcen zu betrachten sind. Abgesehen davon, dass wir von der universitären Grundlagenforschung noch vieles als „Handwerkzeug“ benötigen, bleibt die Begleitforschung zu Erhaltungsmaßnahmen eine *conditio sine qua non*.

11 Literaturverzeichnis

- ANONYMUS (1989): Konzept zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland (erarbeitet von der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Erhaltung forstlicher Genressourcen“ mit G.H. MELCHIOR, A. BECKER, A. BEHM, H. DÖRFLINGER, A. FRANKE, J. KLEINSCHMIT, H.-J. MUHS, H.P. SCHMITT, B.R. STEPHAN, U. TABEL, H. WEISGERBER & TH. WIDMAIER). *Forst und Holz*, 44, S.379-404.
- BALCAR, P. & MAURER, W.D. (2004): Möglichkeiten der Generhaltung und genetisches Monitoring in Naturwaldreservaten. Mitteilungen aus der FAWF Rheinland-Pfalz, Nr. 52/04, S.177-182 (dieser Band).
- BEHM, A. (2004): Saatgut übersteht auch schlechte Zeiten. Mitteilungen aus der FAWF Rheinland-Pfalz, Nr. 52/04, S.47-59 (dieser Band).
- BEHM, A.; BECKER, H.; DÖRFLINGER, H.; FRANKE, A.; KLEINSCHMIT, J.; MELCHIOR, G.H.; MUHS, H.-J.; SCHMITT, H.P.; STEPHAN, R.B.; TABEL, U.; WEISGERBER, H. & WIDMAYER, TH. (1997): Concept for the Conservation of Forest Genetic Resources in the Federal Republic of Germany. Revidierte und englische Fassung (RÜTZ, W.; BEHM, A.; KLEINSCHMIT, J. & MAURER, W.D. Übersetzung) der Version von 1987. *Silvae Genetica*, 46(1), pp.24-34.
- BERGMANN, F. & WEHENKEL, CH. (2003): Zusammenhänge zwischen Artendiversität und genetischer Diversität in einem Weißtannen-Buchen-Bergahorn-Mischbestand. In: W.D. MAURER (Hrsg.): Ökologie und Waldbau der Weißtanne (*Abies alba* MILL.) Mitteilungen aus der FAWF Rheinland-Pfalz, Nr. 50/03, S.25-30.

- DOUNAVI, K.D., STEINER, W. & MAURER, W.D. (2001):** Effects of silvicultural treatments on the genetic structure of beech populations (*Fagus sylvatica* L.). In: K. V. GADOW, J. NAGEL & J. SABOROWSKI (eds.): Continuous Cover Forestry – Assessment, Analysis, Scenarios. Kluwer Academic Publishers Dordrecht Boston London, pp.81-90.
- HEINTZEN, P. & TABEL, U. (1998):** Die Schwarzpappel (*Populus nigra* L.) in Rheinland-Pfalz. In: H. WEISGERBER & A. JANSSEN (Hrsg.): Die Schwarzpappel – Probleme und Möglichkeiten bei der Erhaltung einer gefährdeten heimischen Baumart. Forschungsberichte der HLFWW Hann. Münden, S.161-162.
- HEINTZEN, P. (1999):** Ausbildungsbuch „BAUMSTEIGER“, FVA Rheinland-Pfalz Eigenverlag, 71 Seiten.
- LEINEMANN, L. & MAURER, W.D. (1999):** Bedeutung von Isoenzymgenmarkern für den Anbau der Douglasie. *AFZ/Der Wald*, 54.Jg., S.242–243.
- LEINEMANN, L., HOSIUS, B., TABEL, U. & MAURER, W.D. (2002):** Genetische Kontrolle von Samenplantagen mit Hilfe von Isoenzym-Genmarkern. In: WERNER D. MAURER (Hrsg.): Vom genetischen Fingerabdruck zum gesicherten Vermehrungsgut: Untersuchungen zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in Rheinland-Pfalz. Mitteilungen aus der FAWF Rheinland-Pfalz, Nr. 49/02, S.45-58.
- MAURER, W.D. (1995):** Isoenzymatische und morphologische Untersuchungen zur Linde. In: W.D. MAURER & U. TABEL (Hrsg.): Genetik und Waldbau unter besonderer Berücksichtigung der heimischen Eichenarten Mitteilungen aus der FVA Rheinland-Pfalz, Nr.34/95, S.234-243.
- MAURER, W.D. [Hrsg.] (2002):** Vom genetischen Fingerabdruck zum gesicherten Vermehrungsgut: Untersuchungen zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in Rheinland-Pfalz. Mitteilungen aus der FAWF Rheinland-Pfalz, Nr. 49/02, ISSN 1610-7705, 233 Seiten.
- MAURER, W.D. [Hrsg.] (2003):** Autochthone Gehölze Tagungsbericht zur Fachtagung am 14./15. Mai 2002 an der FAWF Rheinland-Pfalz in Trippstadt. Selbstverlag FAWF Rheinland-Pfalz, Trippstadt März 2003, 84 Seiten.
- MAURER, W.D.; BALCAR, P.; HEINTZEN, P.; REMMY, K. & TABEL, U. (2003):** Ermittlung heimischer Strauchvorkommen und Strategien der weiteren Bearbeitung in Rheinland-Pfalz. In: W.D. MAURER (Hrsg.): Tagungsbericht zur Fachtagung „Autochthone Gehölze“ am 14./15. Mai 2002 an der FAWF Rheinland-Pfalz in Trippstadt, Selbstverlag FAWF RP Trippstadt März 2003, S.62-74.
- MAURER, W.D.; BEUTEL, E. & TABEL, U. (2002):** Phänologische Untersuchungen zum Blühverhalten von Klonen der Vogelkirsche (*Prunus avium* L.) in den beiden rheinland-pfälzischen Generhaltungsklonsamenplantagen Lauterecken und Saarburg. In: W.D. MAURER (Hrsg.): Vom genetischen Fingerabdruck zum gesicherten Vermehrungsgut: Untersuchungen zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in Rheinland-Pfalz. Mitteilungen aus der FAWF Rheinland-Pfalz, Nr. 49/02, S.199-218.

- MAURER, W.D.; LAARZ, A. & TABEL, U. (2002):** Morphologische Untersuchungen an den heimischen Ulmenarten im Rahmen der Etablierung von Generhaltungsklon-samenplantagen. *In: W.D. MAURER (Hrsg.): Vom genetischen Fingerabdruck zum gesicherten Vermehrungsgut: Untersuchungen zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in Rheinland-Pfalz. Mitteilungen aus der FAWF Rheinland-Pfalz, Nr. 49/02, S.7-19.*
- MAURER, W.D.; SCHMITT, H.P.; ARENHÖVEL, W.; BERGMANN, F.; HOSIUS, B. & LEINEMANN, L. (2003):** Unterscheidung zwischen der Küsten- und der Inlands-Douglasie anhand genetischer Marker. *AFZ/Der Wald, 25/2003, S.1290-1293.*
- MAURER, W.D. & TABEL, U. (1995):** Erhaltung forstlicher Genressourcen in Rheinland-Pfalz. *Allgemeine Forst Zeitschrift, 50.Jg., S.102-104.*
- MAURER, W.D. & TABEL, U. (1996):** A methodical study to improve the isozyme analysis for identification of clones of *Tilia* (linden *syn. lime tree*). *Silvae Genetica, 44(5-6), pp.351-356*
- MAURER, W.D. & TABEL, U. [HRSG.] (1997):** Stand der Ursachenforschung zu Douglasienschäden – derzeitige Empfehlungen für die Praxis. Proceedings zum Douglasien-Kolloquium am 15.-16.4.1997 in Adenau (Eifel). Mitteilungen aus der FVA Rheinland-Pfalz, Nr.41/97, 176 Seiten.
- MAURER, W.D. & TABEL, U. (2000):** Einrichtung und Bewirtschaftung forstlicher Generhaltungsbestände am Beispiel der Buche (*Fagus sylvatica*. L.) in Rheinland-Pfalz (Deutschland). *In: Forstliche Genreservate (R. FINKELDEY, P. BONFILS & R. LANDOLT, Hrsg.). Forest, Snow and Landscape Research, 75(1/2), S.213-225.*
- MAURER, W.D. & TABEL, U. (2002):** Das „Genressourcen“-Programm – Maßnahmen zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in Rheinland-Pfalz. *Forst und Holz, 57.Jg., S.25-29.*
- MAURER, W.D. & TABEL, U. (2003):** Erhaltung und Nutzung seltener Baumarten und heimischer Straucharten in Rheinland-Pfalz. *Forst und Holz, 58. Jg., Nr. 17, S.507-512.*
- MAURER, W.D.; TABEL, U.; KÖNIG, A.O.; STEPHAN, B.R. & MÜLLER-STARCK, G. (2000):** Provenance trials on *Quercus robur* L. and *Quercus petraea* (MATT.) LIEBL. in Rhineland-Palatinate (Germany): Preliminary results of phenotypic and genetic surveys. *In: J. VUKELIĆ & I. ANIĆ (eds.): Glasnik za šumske pokuse – Annales experimentis silvarum culturae provehendis, no. 37. Proceedings of the International IUFRO-Conference “Oak 2000 – Improvement of Wood Quality and Genetic Diversity of Oaks” in Zagreb (Kroatien) am 20.-25.5.2000, pp.329-345.*
- MAURER, W.D.; TABEL, U.; HOSIUS, B. & LEINEMANN, L. (2001):** Einleitung eines genetischen Langzeitmonitorings in Rheinland-Pfalz am Beispiel der Buche (*Fagus sylvatica* L.). *In: Nachhaltige Nutzung forstgenetischer Ressourcen (herausgegeben von der Sächsischen Landesanstalt für Forsten. Proceedings zur 24. Internationalen Tagung der AG Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung am 14.-16.3.2000 in Pirna, S.132-144.*

- MAURER, W.D.; TABEL, U.; HOSIUS, B.; LEINEMANN, L.; BERGMANN, F., GAGOV, V. & EDER, W. (2002):** Die Anlage von Generhaltungsklonsamenplantagen für Weißtanne (*Abies alba* MILL.) in Rheinland-Pfalz: Isoenzymuntersuchungen als effiziente Entscheidungshilfen. W.D. MAURER (Hrsg.): Vom genetischen Fingerabdruck zum gesicherten Vermehrungsgut: Untersuchungen zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in Rheinland-Pfalz. Mitteilungen aus der FAWF Rheinland-Pfalz, Nr. 49/02, Nr. 49/02, S.59-74.
- PAUL, M.; HINRICHS, T.; JANSSEN, A.; SCHMITT, H.P.; SOPPA, B.; STEPHAN, B.R. & DÖRFLINGER, H. (2000):** Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland (unter Mitarbeit von W. ARENHÖVEL, A. FRANKE, R. KÄTZEL, J. KLEINSCHMIT, H.-J. MUHS, E. NATZKE, W. RUETZ, W. SCHILLING & U. TABEL). Sächsische Landesanstalt für Forsten [LAF] Pirna-Graupa, Hrsg, ISBN 3-932967-25-9, 66 Seiten.
- ROTHE, G.M.; ROMMEL, M.; VULICEVIC, I.; MAURER, W.D. & TABEL, U. (2002):** Morphologische und biochemische Untersuchungen an rheinland-pfälzischen Eichenvorkommen mit dem Ziel der Artenidentifizierung. Mitteilungen aus der FAWF Rheinland-Pfalz, Nr. 49/02, S.119-142.
- SCHIFFER, M.; MAURER, W.D.; TABEL, U. & LEIBENGUTH, F. (2002):** Die genetische Charakterisierung südwestdeutscher Edelkastanien (*Castanea sativa* MILL.) mittels molekulargenetischer Marker. In: W.D. MAURER (Hrsg.): Vom genetischen Fingerabdruck zum gesicherten Vermehrungsgut: Untersuchungen zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in Rheinland-Pfalz. Mitteilungen aus der FAWF Rheinland-Pfalz, Nr.49/02, S.184-198.
- SCHREIBER, C. (1995):** Das Baumsteigen in der Forstwirtschaft – Darstellung der gegenwärtigen Situation der Baumsteiger und ihrer Steigtechniken einschließlich einer Untersuchung zum Arbeitszeitaufwand dreier Steigverfahren. Diplomarbeit an der Fachhochschule Wiesbaden, FB Gartenbau und Landespflege, Studiengang Gartenbau.
- SPETHMANN, W. (1987):** Artbestimmung von zugelassenen Eichen-Beständen durch Untersuchung von Eichenblättern und Fruchtständen. Internes Manuskript der NFV Escherode, 25 Seiten.
- STARKE, R.; HATTEMER, H.H.; ZIEHE, M.; VORNAM, B.; TUROK, J.; HERZOG, S.; MAURER, W. & TABEL, U. (1995):** Genetische Variation an Enzym-Genloci der Buche. *Allgemeine Forst- und Jagd-Zeitung*, 166.Jg., S.161-167.
- TABEL, U. (1987):** Forstliche Erhaltungsmaßnahmen in Rheinland-Pfalz. *Der Forst- und Holzwirt*, 42.Jg., S.405-408.
- TABEL, U. (1996):** Erhaltungsmaßnahmen in der forstlichen Praxis. In: Biodiversität und nachhaltige Forstwirtschaft (G. MÜLLER-STARCK, Hrsg.), Ecomed-Verlagsgesellschaft Landsberg, S.318-329.
- TABEL, U. (1997):** Erhaltung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland. *AFZ/Der Wald*, 52.Jg., S.259-261.

- TABEL, U. & MAURER, W. (1992):** Genetische Inventur der Buchenpopulationen in Rheinland-Pfalz: Konzept zur Auswahl der Untersuchungsbestände. *In: Biochemische Untersuchungen zur Genetik von Waldbaumpopulationen. Schriftenreihe der LAF Nordrhein-Westfalen, Sonderheft zur 21. Internationalen Tagung der AG Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung am 22.-23.6.1992 in Arnsberg, S.23-30.*
- TABEL, U.; FRANKE, A.; KLEINSCHMIT, J.; RAU, H.-M.; RUETZ, W. & ROGGE, M. (2001):** Speierling-Herkunftsvergleich als gemeinsamer Versuch der Länderinstitutionen für Forstpflanzenzüchtung. *Corminaria*, Nr.16, S.3-15.
- TABEL, U.; MAURER, W. & REMMY, K. (2000):** Taxation der „Wildformnähe“ bei Wildapfel und Wildbirne in Klonsamenplantagen. *AFZ/Der Wald*, 55.Jg., S.846-849.
- TUROK, J.; HATTEMER, H.H.; ZIEHE, M. & STARKE, R. (1998):** Genetische Differenzierung rheinland-pfälzischer Buchenbestände an Enzym-Genloci. *Allgemeine Forst- und Jagd-Zeitung*, 169.Jg., S.126-135.
- WAGNER, IRIS; TABEL, U.; SCHMITT, H.P. & MAURER, W.D. (2004):** Genetische Struktur von Wildäpfeln (*Malus sylvestris* (L.) MILL.) aus Rheinland-Pfalz und Nordrhein-Westfalen im Vergleich zu Kulturäpfeln (*Malus x domestica* BORKH.). *Mitteilungen aus der FAWF Rheinland-Pfalz*, Nr. 52/04, S.224-230 (dieser Band.)
- ZIEHE, M.; VORNAM, B.; MÜLLER-STARCK, R.; TUROK, J.; HATTEMER, H.H.; MAURER, W.D. & TABEL, U. (2002):** Genetische Strukturen der Buche in Rheinland-Pfalz. *In: W.D. MAURER (Hrsg.): Vom genetischen Fingerabdruck zum gesicherten Vermehrungsgut: Untersuchungen zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in Rheinland-Pfalz. Mitteilungen aus der FAWF Rheinland-Pfalz*, Nr. 49/02, S.99-118.

Anschrift des Autors:

FORSTDIREKTOR I.R. UWE TABEL
 Hohenstaufenstrasse 1
 D-76855 Annweiler
e-mail: uwe.tabel@gmx.de

Conservation of Genetic Resources in Romania – Focus on Coniferous Forests

ION BARBU

Schlagwörter: Rumänische Wälder, Biodiversität, Generhaltung, *in situ*, *ex situ*, Nadelwälder, Saatgutreserven, Samenplantagen

Zusammenfassung

Titel des Beitrags: Erhaltung der Genressourcen in Rumänien – Schwerpunkt Nadelwälder.

Der gegenwärtige Zustand der rumänischen Wälder weist deutliche Veränderungen auf der Fläche (im Vergleich zum ökologischen Potenzial) seit den letzten Jahrhunderten auf. In den zurückliegenden 50 Jahren wurden Änderungen hauptsächlich bezüglich des Waldregimes und der Artenzusammensetzung festgestellt.

Seitens des Forstlichen Forschungsinstituts besteht eine der wesentlichen Bemühungen auf den Druck des „modernen Waldbaus“ der 1960er Jahre in der Entwicklung von Waldbaukonzepten, die auf der Erhaltung der Biodiversität basieren sowie auf lokal vorhandenen forstlichen Genressourcen, welche besser an die Störfaktoren angepasst sind.

Lange vor der Unterzeichnung des Straßburger Abkommens (1990) zum Schutz der Wälder in Europa hatte Rumänien bereits eine Strategie für die *in situ*- und *ex situ*-Erhaltung der Forstgenressourcen mit der Auswahl von mehr als 2.300 natürlichen Beständen als „Saatgutreserven“ entwickelt. Diese Bestände umfassen eine Gesamtfläche von 70.200 ha, darin enthalten sind 32.900 ha Nadelwald und 37.300 ha Laubwald.

In den Forstwirtschaftsplänen werden diese Wälder in die 15 Gruppen „**Wälder mit besonderer Funktion für wissenschaftliche Zwecke und wertvolle Generhaltung**“ eingeteilt

Die *ex situ*-Erhaltung wird durch Vergleichsversuche von Provenienzen, Halbgeschwister- und Vollgeschwister-Abkömmlingen sowie Pflanzungen für Klone und Familien mit den derzeit in rumänischen Wäldern (über 1.000 ha) vorhandenen repräsentativsten Genotypen bewirkt.

Keywords: Romanian forest biodiversity, gene conservation, *in situ*, *ex situ*, resinous forests, seed stand reserves, seed orchards

Abstract

The actual state of Romanian forests show important changes in the area (in comparison with the ecological potential) in the last centuries. In the past 50 years changes were registered mainly in the forest regime and species composition.

One of the main efforts made by the Forest Research Institute to the pressure of “modern silviculture” of the 1960’s consist in the development of silvicultural concepts based on the preservation of biodiversity and of local forest genetic resources more adapted to the disturbing factors

Long before signing the Strasbourg Convention (1990) concerning the protection of forests in Europe, Romania had developed a strategy for the *in situ* and *ex situ* conservation of forest genetic resources by choosing more than 2.300 natural stands as “seed reserves”, stands comprising a total area of 70.200 ha including 32.900 ha coniferous forests and 37.300 broadleaved forests.

In the forest management plans, these forests are classified in the I5 group “**Forest with special function for science and valuable gene conservation**”.

Ex situ conservation is assured by comparative cultures of provenances, half-sib and full-sib descendants, and plantings for clones and families with the most representative genotypes in existence in Romanian forests (over 1.000 ha).

1 Brief history of Romania's forests

It is estimated that over 75% of Romania's surface area was covered by forests in the past. At present, only 27% of the actual surface area is forested. This forest cover loss is especially significant in environmentally sensitive areas (*cf.* Fig. 1).

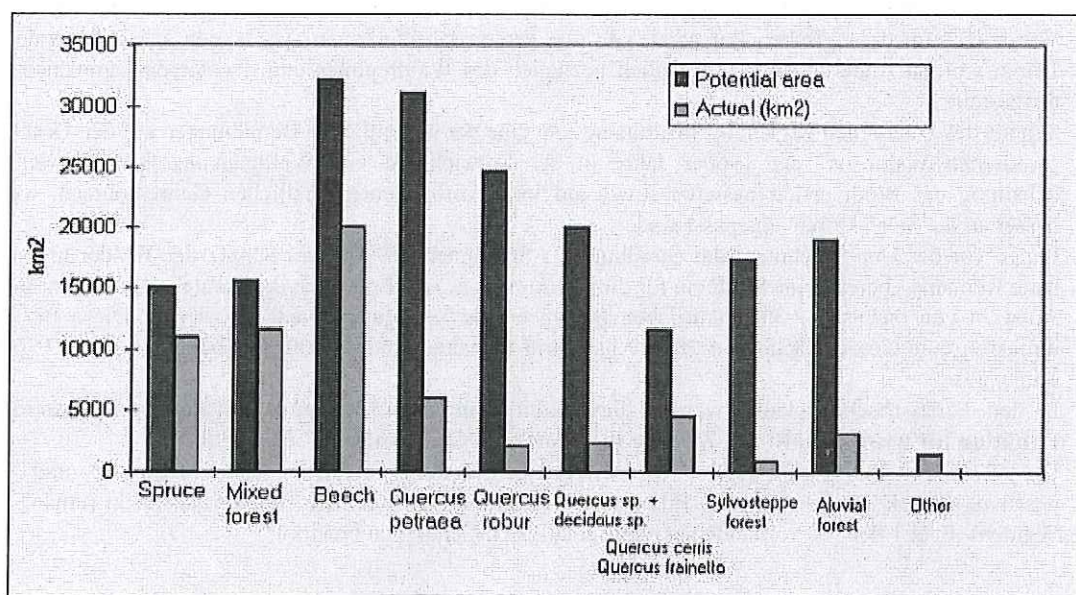


Fig. 1: Relations between the potential area of the main tree species in Romania and the actual area of the forest.

Abb. 1: Beziehungen zwischen der potenziellen Fläche der Hauptbaumarten in Rumänien und der tatsächlich eingenommenen Waldfläche.

Over the last centuries, forests have disappeared on over 5 million ha. Only for the period 1829-1922, 3 million ha were deforested. Major forest loss occurred mainly in the plains and foothills regions. Mountainous regions were submitted to lesser impacts. Currently, forest cover is estimated at 7% of the total surface area in the plains and at 27% in the hills. Romania's forests are therefore distributed unequally between and within species and different forms of relief (*cf.* Fig. 2). In the plains region, the poorest areas in forest cover are Campia Baraganului (3.5%), Campia Olteniei (5.3%), Campia de Vest (3.2%), Campia Transilvaniei (6.8%), and Campia Moldovei (4.1%).

In the region of hills and plateaus, the physico-geographic units with a reduced forest cover are Podisul Moldovei (12.7%) and Podisul Dobrogei (7.1%).

Species composition also suffered for the period 1950-1990, e.g. beech (*Fagus sylvatica*) lost 144.000 ha of surface area and oak (*Quercus spp.*) lost 79.000 ha.

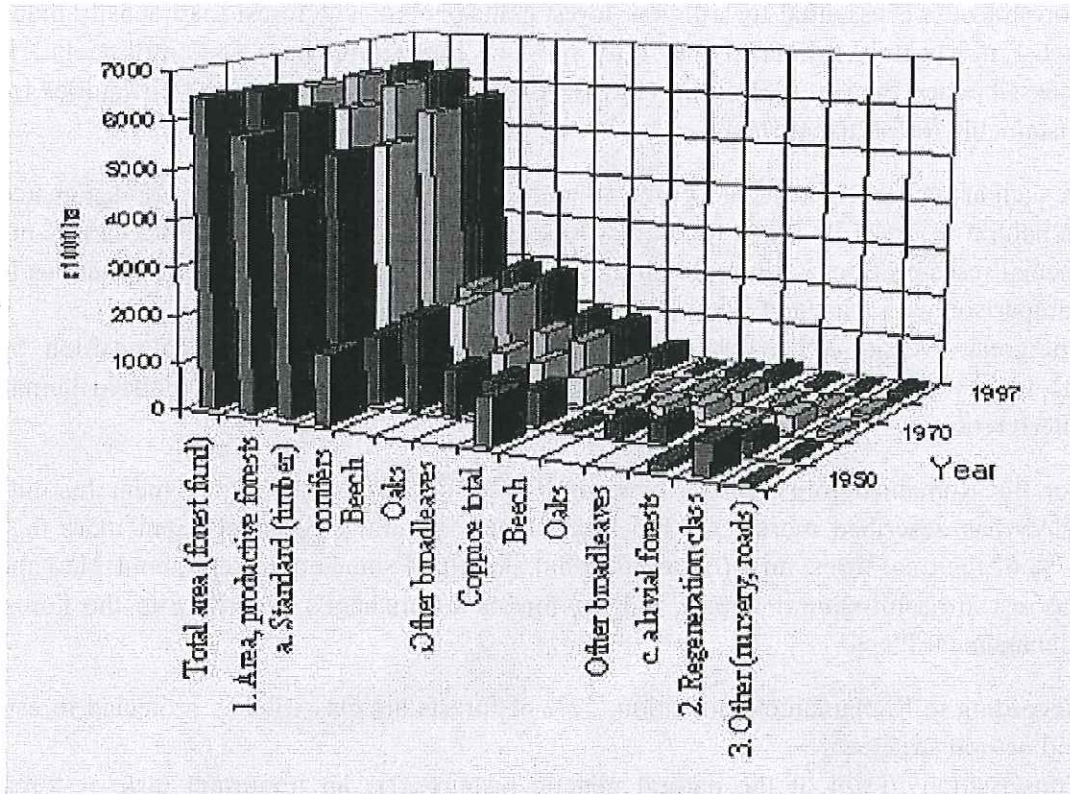


Fig. 2: Dynamics of Romanian forests after World War II.
 Abb. 2: Entwicklung der rumänischen Wälder nach dem 2. Weltkrieg.

Today, Romania's forest cover comprises 6.4 million ha, representing 26.7% of land surface area (ranking 10th in Europe). One of the main geographic features of the state is its great diversity of landscape, ranging from the Danube Delta to the alpine pastures of the Carpathians. Even so, there are distinct natural geographic regions characterized by 3 basic latitudinal vegetation zones as well as 4 altitudinal vegetation levels in which more than 150 forest ecosystem types based on substrate, climate and relief characteristics were described. Romanian forests are dominated by deciduous species (69.3% of the total area) and conifer cover (30.7%). Main deciduous species are beech (30.7%) and oak (18.2%). Between conifers, spruce covers 22.9%, fir 5%, and pine 2.1%.

Total stand volume is estimated at 1,341 million m³. Average volume per ha is 215 m³, and mean annual increment is 5,3 m³/ha/year. The annual allowable cut is estimated at 14,5-16,5 million m³. It is expected that the annual allowable cut will increase in the next 10-40 years as the present surplus in younger age classes will arrive at maturity.

The majority of forests are treated in standards (91%), and only a small proportion is treated as coppice (5%). Remaining forests are in the process of conversion from coppice to standards (4%).

Forest access is essential for efficient forest management. The forest road density index is 6,1 m/ha. It is estimated that only 65% of forest land base (4,2 million ha) is accessible and the rest (2,2 million ha) is inaccessible enough to present difficulties for sustainable forest management.

In such areas, large forests are primeval and natural structures, and they are designated as natural reserves in which the Forest Research and Management Institute carries out special research (long-term research program) for structural and functional dynamics in comparison with managed forest.

The great diversity of life forms in Romania is caused by the geographical position, by the variety of relief forms, soil-climatic conditions and the relatively reduced human interference.

For the Romanian forest ecosystems, the Forest Research and Management Institute ICAS has described more than 300 forest types. Natural forests represent more than 67% of the total forest area (6,4 million ha). Artificial stands represent about 21% and the rest are semi-natural forests. All the forests are managed according to the Forest Management Plans.

According to Romanian classification, 52% of forests are classified as protected forests and natural structures.

Conservation *in situ* of the natural genetic resources is an important task of forest management. For 28 species of forest trees, more than 60.000 ha are designated as seed sources (56% for broadleaves and 44% for resinous species).

The assessment of the actual status of plant and animal species in Romanian forests can be summarized as below:

- **higher plants:** 1.250 sp[ecies], (endangered 18 sp; vulnerable 38 sp; rare 59 sp; protected by law 35 sp);
- **mammals:** 33 sp (endangered 3 sp; vulnerable 5 sp; rare 13 sp; protected by law 3 sp);
- **birds:** >250 sp (endangered 18 sp; vulnerable 5 sp; rare 10 sp; protected by law 28 sp);
- **reptiles:** 15 sp (endangered 12 sp, vulnerable 3 sp; protected by law 2 sp);
- **amphibians:** 17 sp (endangered 5 sp; vulnerable 5 sp; rare 7 sp);
- **fish:** 21 sp (endangered 2 sp; vulnerable 2 sp; protected by law 1 sp).

For the forest ecosystems, the Forest Research and Management Institute has prepared a "Red list" of plants and animals which being discussed with other organizations.

2 Conservation of genetic resources

A long time before signing the Strasbourg Convention (1990) concerning the protection of forests in Europe, Romania had developed a strategy for the *in situ* and *ex situ* conservation of forest genetic resources by selecting more than 2.300 natural stands as "seed reserves", *i.e.* stands with a total area of 70.300 ha including 32.900 ha coniferous forests and 37.300 broadleaved forests (*cf.* Tab. 1 and Tab. 2).

Tab. 1: Dynamics of the area covered by seed stand reserves of the main resinous forests in Romania in the 1979-1998 period (according to BARBU & MARIN 1999).

Entwicklung der Bestandesfläche mit Saatgutreserven der Hauptnadelbäume in Rumänien im Zeitraum 1979-1998) (nach BARBU & MARIN 1999).

Species	Area in the year [ha]			
	1979	1986	1998	% 1998/1979
Spruce	15.130	16.888	15.153	100
Silver fir	13.063	10.830	8.132	62
Larch	1.103	966	719	65
Scotch pine	4.018	3.403	857	21
Black pine	928	691	96	10
Douglas (green)	65	65	58	89
Douglas (blue)	4	4	-	-
White pine	56	26	-	-
Taxodium	1	9	-	-
Other resinous	7	10	-	-
Total	34.374	32.892	25.018	73

In the forest management plans, these forests are classified in the I5 group "Forest with special function for science and valuable gene conservation".

Ex situ conservation is assured by comparative cultures of proveniences, half-sib and full-sib descendants, and plantings for clones and families with the most representative genotypes in existence in Romanian forests (over 1.000 ha).

3 Legal frame for the conservation of genetic resources

Law of environment protection L137/1993 – referring to the biodiversity conservation.
Law of forests (Forest code) L26/1996 – referring to the conservation of valuable gene-pool and the intraspecific genetic variability.

Tab. 2: Conservation *ex situ* – seed orchards of coniferous species in Romania.
Erhaltung ex situ – Samenplantagen von Nadelbaumarten in Rumänien.

Species	Area (ha)		No. of orchards	Comments
	Initial	Actual		
Spruce	95,9	93	13	14,2 ha Resonance Spruce
Silver fir	96,4	94,4	12	
Larch	149,5	144,7	27	6,1 ha <i>Larix leptolepis</i>
Scotch pine	83,5	70,4	15	
Black pine	77,3	67,0	18	12,2 ha Banat Black pine
White pine	31,4	17,8	6	
Stone pine (Cembran pine)	5	5	1	
Douglas	37,4	36	7	9,2 ha Blue Douglas
Total	576,4	528,3	99	

3.1 Conservation of forest genetic resources *in situ*

According to the Strasbourg Convention (1990) Action 2, the Forest Research and Management Institute (ENESCU 1993) has developed the methodology for the implementation and control of Action 2 in the 1993-1996 period. The results are presented in a database. This is a practical demonstration of the Romanian Strategy for long-term forest gene conservation. (*cf.* Fig. 3).

The results consist in the identification, description and sampling of the seed reserve stands as well as the database for the study of the stand dynamics in time on the ground of the 10 year revision (*cf.* Tab. 3).

Research made in the last 30 years (ENESCU 1976) have solved the problem of the area of “core-zone” and “transition area” – the buffer zone which permits not only the gene conservation, but also the habitat and the natural structure of the forest ecosystems in which other species of plants and animals are conserved.

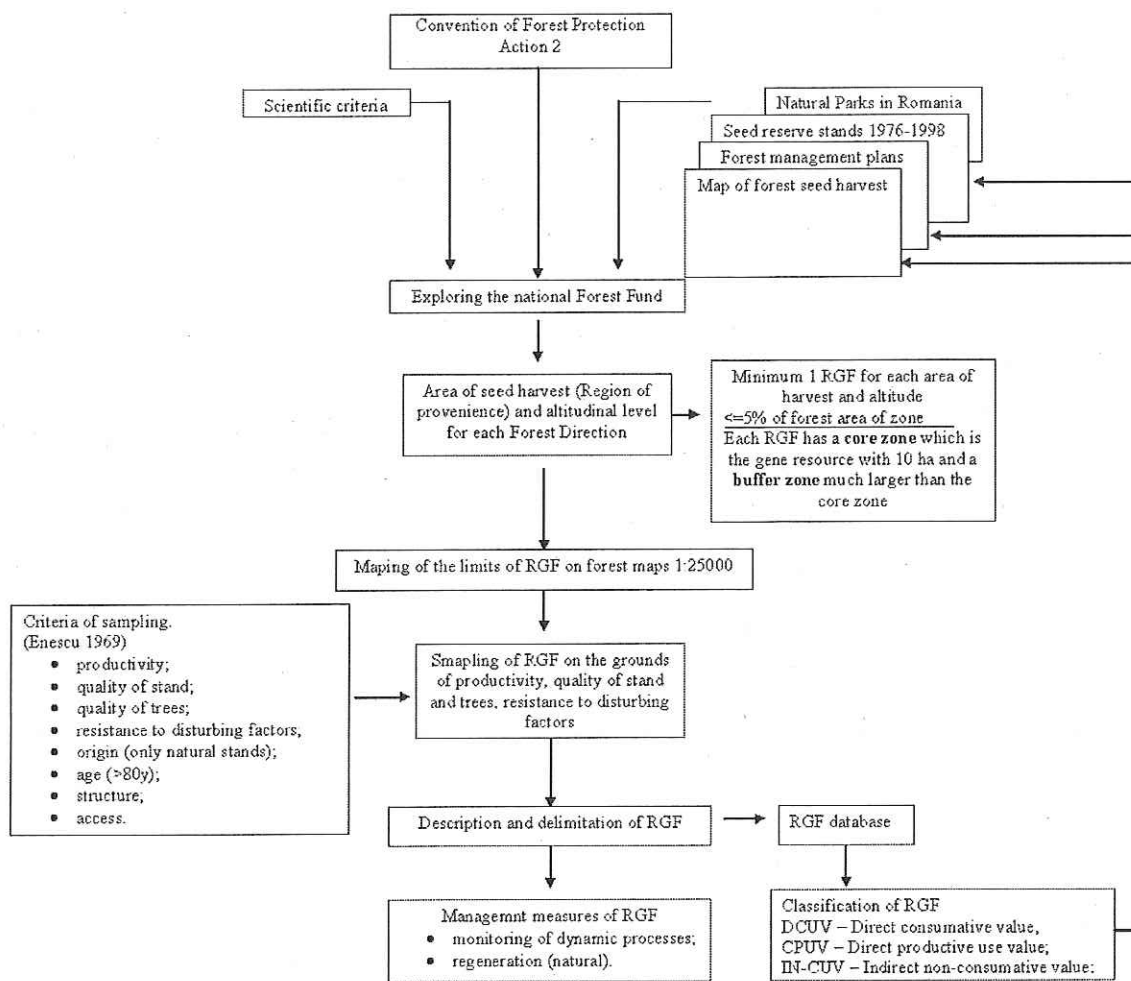


Fig. 3: Scheme of works made in the first phase of FGRC (Forest Gene Reserve Conservation) in Romania.

Abb. 3: Schematische Übersicht über die in der ersten Phase der Forstgenerhaltung in Rumänien durchgeführten Maßnahmen.

Priorities for the first period 1993-1996 included

- the identification and determination of gene resources for the main forest species Norway spruce, silver fir, Scots pine, black pine of Banat, beech, and oaks;
- the forest species which create azonal forests like white willow, poplars, *Alnus* are special objectives;
- in the second place, the minor species would be assessed (stone pine, larch, montane pine, *Alnus incana* and *Alnus viridis*, *Fraxinus*, *Prunus avium*, *Tilia sp.* etc.).

Tab. 3: The main forest genetic resources (FGR) in Romania (according to BARBU & MARIN 1999, ENESCU *et al.* 1999).
Die wichtigsten Forstgenressourcen in Rumänien (nach BARBU & MARIN. 1999, ENESCU et al. 1999).

<i>Forest type</i>	<i>No of FGR</i>	<i>Area (ha) of core zone</i>	<i>Mean area of core zone (ha)</i>	<i>% of total area of FGR</i>
Norway spruce forests	48	1.781	37.2	16
Mixed resinous and beech forests	65	2.947	45.4	26
Beech forests (mountains)	38	1.141	30	10
Beech forests (hilly regions)	40	1.183	29	11
<i>Q. sessilis</i> and mixed forests dominated by <i>Q. sessilis</i>	69	2.208	32	20
<i>Q. pedunculata</i> forests and mixed forests dominated by <i>Q. pedunculata</i>	19	615	32	5
<i>Q. frainetto</i> & <i>Q. cerris</i> forests	23	780	21	4
Silvosteppe forests dominated by <i>Q. pedunculata</i> and <i>Q. pedunculiflora</i>	21	362	17	3
Depression oak forests	21	569	27	5
Floodplain forests	3	18	6	-
Total	347	11.304	32.4	100

4 Genetic variability of silver fir (*Abies alba*) as compared with other resinous species

The interpopulational genetic variation of silver fir is considered to be very high in the measure in which heterozygosity is involved. In comparison with other coniferous species and even broadleaves, the proportion of the polymorphic loci is reduced (*cf.* Tab. 4).

This fact reveals a specific strategy characterized as "limited polymorphism" probably due to the ecological conditions in the time of recolonization (migration) of silver fir after the last glaciation from the southern refugia (Balkan and Carpathians, Apennine Mountains *etc.*). Sometime these "less polymorphic" individuals are characterized by a high genetic individual variability.

The interpopulational variability of silver fir is quite large (LONGAUER 1996) and is considered to be typical for this species with a limited area.

Tab. 4: The genetic diversity of silver fir in comparison with that of other forest trees on the basis of allozyme studies (according to LEIDIG 1986, modified).

Die genetische Diversität der Weißtanne im Vergleich zu anderen Waldbaumarten auf der Grundlage von Allozym-Untersuchungen (nach LEIDIG 1986, verändert).

Species	Heterozygotic	No. of loci evaluated	Percent of polymorphic loci		Origin
			A	B	
<i>Abies alba</i>	0,500	9	100	94	Czechoslovakia
<i>Picea abies</i>	0,410	7	-	-	Northern Europe
<i>Picea abies</i>	0,220	34	82	65	Poland
<i>Larix decidua</i>	0,081	28	50	36	whole area
<i>Pinus nigra</i>	0,272	4	100	75	Yugoslavia
<i>Pinus sylvestris</i>	0,310	11	100	91	Sweden
<i>Pinus sylvestris</i>	0,309	16	100	81	Scotland

Tab. 5: Genetic diversity of *Abies* sp. in relation with other tree species (according to HAMRICK *et al.* 1995).

*Genetische Diversität von Abies sp. im Vergleich mit anderen Baumarten (nach HAMRICK *et al.* 1995).*

Genus	Mean no. of loci	Hes	Hep	Gsp
<i>Abies</i>	13,6	0,145	0,130	0,063
<i>Picea</i>	12,2	0,219	0,218	0,055
<i>Pinus</i>	19,9	0,157	0,136	0,065
<i>Quercus</i>	17,5	0,186	0,109	0,107
<i>Populus</i>	24,0	0,161	0,154	0,041

Hes = genetic diversity in the species

Hep = genetic diversity in the population

Gsp = proportion of total diversity between populations

5 Literature

- BARBU, I. & MARIN, GH. (1999):** Study for the adoption of pan-European criteria and indicators for sustainable management of Romanian forests. Ministry of Environment, 197 pages.
- ENESCU, V. (1976):** Ameliorarea arborilor. Forest tree melioration. Ed. Ceres Bucuresti, 244 pages.
- ENESCU, V. (1993):** Identificarea, esantionarea, prospectarea, descrierea si calsificarea resurselor genetice forestiere (RGF). Indrumari metodologice. ICAS, manuscris. (The identifying, sampling, prospecting description and classification of Forest Gene Resources (FGR). Methodological recommendations. Forest research Institute, manuscript).
- ENESCU, V.; VHERECHES, D. & BANDIU, C. (1999):** Conservarea biodiversitatii si a resurselor genetice forestiere (Biodiversity conservation and forest gene resources). S.C.Agris – Redactia revistelor agricole, Bucuresti, 435 pages.
- HAMRICK, J.L.; GODT, M.J.W. & SHERMAN-BROYLES (1995):** Gene flow among plant populations: Evidence from genetic markers. *In: Experimental Molecular Approaches to Plant Biosystematics* (P.C. HOCH & A.G. STEPHANSON, eds.). Missouri Botanical Garden Press St. Louis, pp.215-232.
- LEIDIG, F.T. (1986):** Heterozygoty, heterosis and fitness in outbreeding plants. *In: M.E. SOULE (ed.): Conservation Biology*. Sunderland Sinauer Associates, pp77-104.
- LONGAUER, R. (1996):** Genetic differentiation and diversity of European silver fir in the eastern part of its natural range. 7. IUFRO Tannen-Symposium 1994, pp.155-163.

Address of the author:

DR. ION BARBU

Forest Research Institute, Dept. Forest Ecology

Calea Bucovinei Nr. 73

RO-5959 Campulung-Moldovenesc (Romania)

e-mail: barbu.ion@icassv.ro

PETER CARL SCHOTT: Pionier der forstlichen Genressourcen-Forschung

RAPHAEL TH. KLUMPP

Schlagwörter: Saatguthandel, Provenienzversuch, Waldgenressourcen,
Forstgeschichte, Kiefer, *Pinus sylvestris*, SCHOTT

Zum Ende des 19. Jahrhunderts zeichnen sich erste Katastrophen als Folge eines logistisch hoch entwickelten und ungehemmten Saatguthandels quer durch Europa ab: Kiefernauaufforstungen in Schweden mit deutschem Saatgut zeigen Krüppelwuchs, ebenso Importe aus Ungarn und Südfrankreich bei Aufforstungen in Deutschland. Erste forstgenetische Arbeiten werden hauptsächlich unter Wissenschaftlern diskutiert und nur langsam in der Forstwirtschaft aufgenommen.

In diesem Umfeld wird PETER CARL SCHOTT neuer Teilhaber einer traditionsreichen Klenganstalt mit angeschlossener Baumschule. Als Naturwissenschaftler ausgebildet, weit gereist, an Land- und Forstwirtschaft interessiert und mit den Problemen des Geschäfts vertraut, ist er in der Lage, eine Brücke zwischen Wissenschaft und Praxis aufzubauen und mit Weitblick für eine Umsetzung der theoretischen Erkenntnisse zu sorgen. Er weist erstmalig Klimarassen über unterschiedliche Merkmale (Morphologie und Wuchsverhalten) bei einer Forstbaumart nach und legt mit seinen eigenen Forschungsarbeiten den Grundstein für den ersten internationalen Provenienzversuch sowie einer Reihe von Folgeversuchen. Gleichzeitig überzeugt er offizielle Organe von der Notwendigkeit von Lenkungsmaßnahmen. Zunächst initiiert er eine freiwillige Organisation der privaten Klengbesitzer (1910 Kontrollvereinigung). Darüber hinaus gehört er zu den Verfechtern einer Bestandesanerkennung (1924 Hauptausschuss für forstliche Saatgutenerkennung). Auch die Einführung der forstlichen Saatgutgesetzgebung (1934) geht auf seine Entwürfe zurück. Im Jahre 1943 stirbt SCHOTT in Knittelsheim.

PETER CARL SCHOTT kann als bedeutender Pionier in den Bereichen Forstgenetik und Forstliches Vermehrungsgut zusammen mit ADOLF CIESLAR (Österreich) und ARNOLD ENGLER (Schweiz) eingestuft werden. Sein Leben wird mit Hilfe eines Aktenfundes durch den Verfasser aus dem Jahr 1987 sowie durch die Auswertung zeitgenössischer Literatur beleuchtet.

PETER CARL SCHOTT: Pioneer in research of forest gene resources

RAPHAEL TH. KLUMPP

Keywords: Seed trading, provenance trial, forest gene resources, forest history, Scots pine, *Pinus sylvestris*, SCHOTT

First signs for a catastrophe were to be realized at the end of the 19th century, when afforestations with Scots pine performed shrub like in Sweden, and the same was to be seen in German afforestations using material from southern France and Hungary. The reason for those problems were obviously the high level of logistic solutions for seed trading across Europe, which enabled the seed industry to fulfill every year the great demands on seeds using fresh cones. Scientists discussed the results of the first studies in forest genetics only amongst themselves, and practitioners came to know of those knowledge rather slowly.

Those were the settings, when PETER CARL SCHOTT became associate of a historic family enterprise dealing with seeds and nursery stock. Being educated in natural sciences, widely traveled, interested in agriculture and forestry, and well aware of the problems as a seedsman, is he the one who is able to build bridges between science and practice and who can take care of the implementation of the new theoretical knowledge. He is the first person who can proof the existence of climatic races in a forest tree species analyzing different parameters (morphology, growth) whereby he lastly provided the basis for the first international provenance trial as well as for several further trials. At the same time, he convinced the forest organizations that there was an urgent need of control measures. First he initiated a voluntary control committee of the private seedsman (1910 Kontrollvereinigung). Furthermore he was the promoter of a selection and registration system of seed stands (1924 Hauptausschuß für forstliche Saatgutenerkennung). The implementation of the first law for seed trading in forestry in 1934 has to be traced back to his drafts. SCHOTT passed away unexpectedly in his home in Knittelsheim in 1943.

Besides ADOLF CIESLAR (Austria), and ARNOLD ENGLER (Switzerland), PETER CARL SCHOTT has to be recognized as a prominent pioneer in forest genetics as well as in seed and nursery science. This poster provides the results of inquiries of his life using original records, detected by the author in 1987, and literature as well.

Anschrift des Autors:

Dr. Raphael Klumpp
Universität für Bodenkultur, Department für Wald und Bodenwissenschaften
Peter Jordan-Strasse 82, A-1190 Wien (Österreich)
e-mail: raphael.klumpp@boku.ac.at

Conservation and utilization of wild cherry (*Prunus avium* L.) gene resources in the Czech Republic

JAROSLAV KOBLIHA, VLADIMÍR JANEČEK & MARTIN HAJNALA

Schlagwörter: Wild cherry, *Prunus avium*, gene resources, conservation, utilization

During the years 1997–1999 research of forest stands with wild cherry (*Prunus avium* L.) composition was realized in several regions with preliminary selection, measurement and phenotypic valuation of wild cherry trees.

In 1999 63 trees were certified in forest stands of Forest Districts of Forests of the Czech Republic (FD FCR) Křivoklát and Nižbor and 30 trees in forest stands of the Military Forests (MF) Velichov.

In February 1999 grafts from 63 plus trees in the FD FCR Křivoklát and Nižbor (Central Bohemia) were collected and used for grafting. This material was used for the establishment of a seed orchard in the FD FCR Lužná on a prepared plot in the former forest nursery in spring 2002. 343 grafted trees of 61 clones were planted in a spacing of 6 x 6 m (1,13 ha).

During January 2000 grafts were collected from 30 plus trees in the MF Velichov (Western Bohemia). This material was also used for the establishment of a seed orchard in a prepared plot in MF Velichov in spring 2002. 240 grafted trees of 28 clones were planted in a spacing of 7 x 6 m (1,25 ha).

In spring 1999 a research clone archive was established in the School Forest Enterprise (SFE) in Kostelec n. Č. l. (Central Bohemia). This material was obtained from plus trees in the South-East of Moravia. 118 grafted trees of 55 clones were planted in a spacing of 3 x 3 m.

In spring 1999 a seed orchard of the second generation from trees originating from Germany and genetically verified by progeny test was established in the Forests of the Town Prostějov (0,86 ha) (Central Moravia). 228 grafted trees of 30 clones were planted in a spacing of 6 x 6 m.

A seed orchard of the same clones had already been established in SFE in Kostelec n. Č. l. in spring 1998. 155 grafted trees of 30 clones were planted in a spacing of 6 x 6 m. In spring 2000 a reserve clone archive of 26 same clones was established in SFE in Kostelec n. Č. l. 141 grafted trees were planted there in a spacing of 3 x 3 m.

Since spring 2001 flowering of grafted trees and since summer 2001 damage by aphids has been controlled regularly.

In autumn 2000 a progeny test of individual selected trees in SFE in Kostelec n. Č. l. was established in this enterprise.

In October 1999 seedlings of individual progenies were measured in the nursery. Significant differences between progenies were found. The progeny test was established by planting 335 plants of 14 half-sib progenies in a spacing of 1,5 x 1,5 m.

Since spring and autumn 2001 plant height has been measured regularly. Significant differences in these parameters were found. Since summer 2001 damage of plants by aphids has been controlled regularly.

In spring 2000 a clonal test of plants from cultures *in vitro* was established in SFE in Kostelec n. Č. l. 140 plants of 28 clones (5 plants per clone) were planted in a spacing of 3 x 3 m. Clones no. 1–10 were obtained from selected trees in the FD FCR Křivoklát, and others from plus trees in the FD FCR Nové Hradky and Prachatice (Southern Bohemia). Since spring and autumn 2001 height has been measured regularly. Significant differences between the clones in these parameters were found. Since summer 2001 damage by aphids is controlled regularly.

Measurement in several clonal tests in southern Bohemia has been started since summer 2003.

Erhaltung und Nutzung der genetischen Ressourcen der Vogelkirsche (*Prunus avium* L.) in der Tschechischen Republik

JAROSLAV KOBLIHA, VLADIMÍR JANEČEK & MARTIN HAJNALA

Keywords: Wild cherry, *Prunus avium*, Genressourcen, Erhaltung, Nutzung

In den Jahren 1997–1999 wurden in mehreren Regionen des Landes in Wäldern mit Vogelkirsche (*Prunus avium* L.) Untersuchungen zur Frühselektion mittels Messungen und phänotypischen Aufnahmen der Vogelkirschbäume vorgenommen.

1993 wurden diesbezüglich 63 Bäume in Waldbeständen des Forstdistrikts Forste der Tschechischen Republik (FD FCR) Křivoklát und Nižbor und 30 Bäume in Forstbeständen der Militärwälder (MF) Velichov ausgewiesen.

Im Februar 1999 wurden Pfropfreiser von 63 Plusbäumen in der FD FCR Křivoklát und Nižbor (Mittelböhmen) geworben und zum Pfropfen verwendet. Mit diesem Material wurde eine Samenplantage in der FD FCR Lužná auf einer vorbereiteten Fläche in der ehemaligen Forstbaumschule im Frühjahr 2002 begründet. 343 abgepfropfte Bäume mit 61 Klonen wurden in einem Pflanzabstand von 6 x 6 m (1,13 ha) gepflanzt. Im Verlauf des Januars 2000 fand die Werbung von 2.000 Pfropfreiser von 30 Plusbäumen im MF Velichov (Westböhmen) statt. Dieses Material fand ebenfalls zur Etablierung einer Samenplantage auf einer vorbereiteten Fläche im MF Velichov im Frühjahr 2002 Verwendung.

Conservation and Utilization of Wild Cherry Gene Resources in the Czech Republic

Jaroslav Koblíha, Vladimír Janeček, Martin Hajnala



Selected plus tree in
FD FCR Krivoklat



Selection of plus trees in FD FCR Nizbor



Flowering individual in nursery
Kostelec n. C.I.



Clonal test
in Kostelec n.C.I.



Seed orchard in Kostelec n.C.I



Progeny test in Kostelec n.C.I



Seed orchard in Prostejov

Contact:

Doc. Ing. Jaroslav Koblíha, CSc.

Ing. Vladimír Janeček

Ing. Martin Hajnala

Czech University of Agriculture in Prague

Faculty of Forestry and Environment

Kamycka 957

165 21 Praha 6 Suchbát

Czech Republic

e-mail: koblíha@lf.czu.cz, koblíha@kostelec.czu.cz

240 gepfropfte Pflanzen von 28 Klonen wurden in einem Pflanzabstand von 7 x 6 m (1,25 ha) gepflanzt.

Im Frühjahr 1999 wurde in dem Schulforstunternehmen (SFE) in Kostelec n. Č. l. (Zentralböhmen) ein Klonarchiv zur Forschung angelegt. Das verwendete Material stammte von Plusbäumen aus dem südöstlichen Teil von Mähren. 118 gepfropfte Pflanzen aus 55 Klonen wurden in einem Pflanzabstand von 3 x 3 m ausgepflanzt.

Im Frühjahr 1999 wurde eine Samenplantage der 2. Generation mit aus Deutschland stammenden und mittels Nachkommenschaftsprüfung genetisch überprüften Bäumen im Stadtwald von Prostějov (0,86 ha) (Zentralmähren) begründet. 228 gepfropfte Pflanzen von 30 Klonen wurden in einem Abstand von 6 x 6 m verpflanzt.

Eine Samenplantage mit denselben Klonen war bereits im Frühjahr 1998 im SFE in Kostelec n. Č. l. begründet worden. 155 gepfropfte Pflanzen von 30 Klonen waren in einem Pflanzabstand von 6 x 6 m gepflanzt worden. Im Frühjahr 2000 wurde ein Reserveklonarchiv mit 26 gleichen Klonen in SFE Kostelec n. Č. l. angelegt. Dort wurden 141 gepfropfte Pflanzen in einem Pflanzabstand von 3 x 3 m ausgepflanzt.

Seit Frühjahr 2001 werden die gepfropften Bäume hinsichtlich ihres Blühverhaltens und seit Sommer 2001 auf Schäden durch saugende Insekten (*Aphide*) regelmäßig kontrolliert.

Im Herbst 2000 wurde eine Nachkommenschaftsprüfung von einzeln ausgewählten Bäumen im SFE Kostelec n. Č. l. in diesem Unternehmen eingerichtet.

In der Baumschule erfolgte im Oktober 1999 eine Vermessung der Sämlinge von einzelnen Nachkommenschaften. Zwischen den Nachkommenschaften wurden signifikante Unterschiede nachgewiesen. Die Nachkommenschaftsprüfung wurde mit dem Auspflanzen von 335 Pflanzen von 14 Halbgeschwister-Nachkommenschaften in einem Pflanzabstand von 1,5 x 1,5 m begründet.

Seit Frühjahr und Herbst 2001 wird der Höhenwuchs regelmäßig gemessen. Bei diesem Parameter wurden signifikante Unterschiede vorgefunden. Eine regelmäßige Kontrolle von Pflanzenschäden durch saugende Insekten erfolgt seit Sommer 2001.

Ein Klonversuch von Pflanzen aus *in vitro*-Kulturen wurde im Frühjahr 2000 im SFE Kostelec n. Č. l. angelegt. 140 Pflanzen von 28 Klonen (d.h. 5 Pflanzen je Klon) wurden in einem Pflanzabstand von 3 x 3 m ausgepflanzt. Die Klone Nr. 1-10 stammten von ausgewählten Bäumen aus der FD FCR Křivoklát, die übrigen von Plusbäumen aus der FD FCR Nové Hradky und Prachatice (Südböhmen).

Seit Frühjahr und Herbst 2001 wird der Höhenwuchs in regelmäßigen Abständen gemessen. Bei diesem Parameter wurden signifikante Unterschiede nachgewiesen. Seit Sommer 2001 wird die Schädigung durch saugende Insekten regelmäßig kontrolliert.

In mehreren Klonversuchen in Südböhmen sind seit Sommer 2003 Messungen eingeleitet worden.

Seite / Page 157:

Ausstellungsposter (Original in Farbe)
Poster (originally exhibited as color printing)

Address of the authors:

cf. p.157, right below in the poster / S.157 rechts unten

Conservation of forest genetic resources in Slovakia – current status and prospects

ROMAN LONGAUER

Schlagwörter: Forstlichen Genressourcen, Erhaltung *in situ* und *ex situ*, gesetzliche Regelungen, Vermehrungsgut

Zusammenfassung

Titel des Beitrags: Erhaltung der forstlichen Genressourcen in der Slowakei – gegenwärtiger Stand und Ausblick.

Nahezu 45% des Gebiets der Slowakei ist mit Wald bedeckt. Trotz des naturnahen Zustands der meisten Wälder und des wachsenden Interesses in der naturnahen Waldbewirtschaftung überwiegt die Aufforstung immer noch gegenüber der natürlichen Walderneuerung.

Die heutige forstliche Gesetzgebung setzt deswegen ziemlich strenge Regeln für den horizontalen und vertikalen Transfer des forstlichen Vermehrungsguts.

Die Maßnahmen für die Generhaltung *in situ* schließen die Genreservate (37 Einheiten, 15.025 ha) und zugelassene Bestände mit 10-jährigem freiwilligen Schutz (etwa 2.500 Einheiten, 10.000 ha) ein. Weitere 88.354 ha, d.h. 4,4% der Waldfläche, sind innerhalb der Naturreservate geschützt. Die *ex situ*-Maßnahmen schließen 91 nicht geprüfte Samenplantagen von 15 Baumarten, Plusbäume von 21 Baumarten (1.215 Genotypen wurden in den Klonarchiven konserviert), eine forstliche Samenbank (253 Samenproben von 5 Baumarten) und generative Reproduktionspflanzungen (757 ha, 6 Arten).

Keywords: Forest gene resources, conservation *in situ* and *ex situ*, legal regulations, reproductive material

Abstract

The forest cover of Slovakia is estimated to be 45% of the territory including 2 million ha of regular forest and 0,2 million ha of forests on abandoned farmlands. About 60% of forests are semi-natural in terms of their origin in natural regeneration and tree species composition close to the potential forest vegetation.

The first legally binding rules for seed collection, production and use of planting stock in Slovakia were set in 1939. The current Decree on Forest Reproductive Material, its Production and Records, issued 2001, guarantees a compliance with the OECD Scheme for Forest Reproductive Material. It covers 67 tree species and fixes relatively strict rules for the horizontal and altitudinal transfer of forest reproductive material. Forest owners are obliged to keep the records of origin of material used for reforestation. The approval of a new Act on Forest Reproductive Material, compliant with the Council Directive 1995/105/EC, is expected in March 2004.

The measures implemented in support of *in situ* conservation of forest genetic resources include the gene reserve forests (37 units, 15.025 ha), and approved seed collection stands of A ("elite") category with a 10-year voluntary protection (approx. 2.500 units, 10.000 ha). The strict nature reserves and nature reserves occupy 88.354 ha or 4,4% of the total forest area. The *ex situ* measures include 91 untested seed orchards of 15 species, plus trees of 21 species (1.215 genotypes are in archives), a forest seed bank (253 seed lots, 5 species), and generative reproductive plantations (757 ha, 6 species).

In spite of a gradual improvement over the last decade, the following problems have to be highlighted in relation to the forest genetic resources: (i) persisting transboundary air pollution affecting seriously

approximately 10% of the forests; (ii) fellings of losses accounting for more than a half of the total annual cut in the mid-term average, and (iii) frequent schematic felling with short regeneration period. As a result, the artificial stand establishment still prevails over natural regeneration.

1 Introduction

Slovakia occupies the western part of the Carpathian Mountains. About 65% of its territory (49.000 km²) and a dominant part of forested land have mountainous character (cf. Fig. 1). The total forest cover is estimated to be 45%, of which regular forest represents 41% (2 million hectares) and forest on abandoned farmlands another 4% (ANONYMOUS 2001). The area of forests has increased by 20% in the past 50 years. It is mainly a result of expansion of forest vegetation to abandoned farmlands in the mountain and hilly areas.

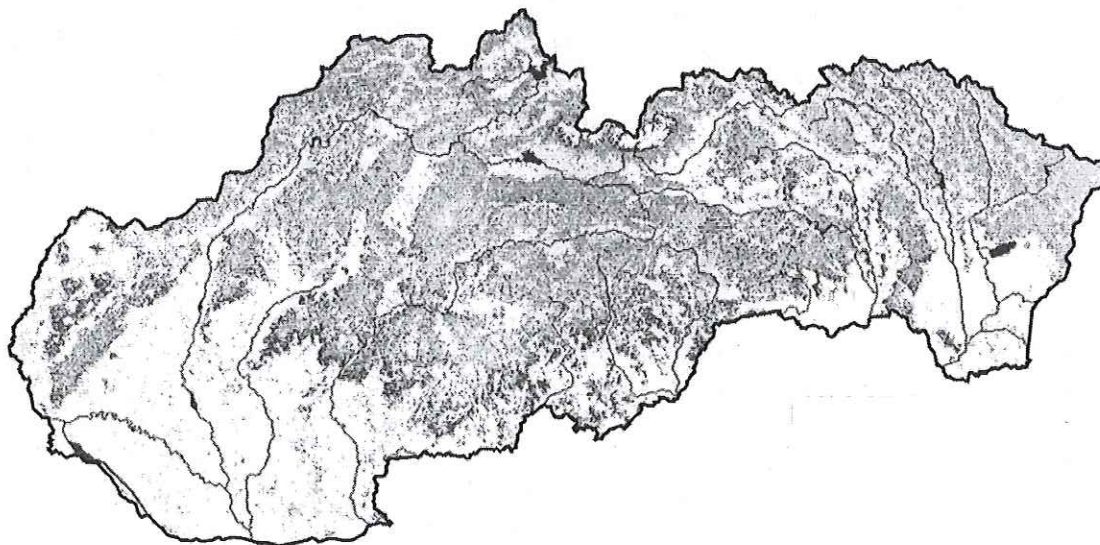


Fig. 1: Distribution of forests in Slovakia (up to 2002).
Abb. 1: Waldverteilung in Slowakien (Stand: 2002).

Geographical distribution of forests is uneven. While the mountainous landscapes of Northern and Central Slovakia are forest-dominated, the proportion of forests is less than 20% in the southwest and southeast part of the country.

The forests for the protection of soil, water and timberline represent 16,3%. The forests with special functions represent 17,3%, and they include watershed areas, nature conservation areas, recreation forests, and forests damaged by air pollution. The productive functions prevail in 66.4% of forests (ANONYMOUS 2002).

The average growing stock per hectare of forest is 255 m³, and it is the 5th highest among the European countries. The net annual increment was 13.9 million m³ in 1996

(ANONYMOUS 2000). The allowable cut is traditionally derived from the average increment at the age of rotation. As a result, the annual felling accounts for mere 55-60% of the net increment.

The share of forestry in the gross domestic product is 0,54% (ANONYMOUS 2002). Cumulated contribution to the GDP of the forest sector including forestry, wood processing, pulp and paper industries is estimated to be 7%, however. Slovakia is a net exporter of nearly all wood-derived products.

The actual forest ownership structure is close to that in 1945. The non-state legal entities own 52% of forests: 24% is in the shared ownership, 9,7% is owned by municipalities, 3,2% by church and 14,7 % by individuals. Some 7% is under restitution. About 5,6% of forests is not claimed, their owner is unknown, or it cannot be restituted in current legal situation. After the ownership consolidation, the state could own 43-48% of forests. As to the tree species composition, the share of broadleaves is 56,9%, with beech dominating (29,6) and oaks ranging second (13,7%).

Noble hardwoods and wild fruit species account for 4,5%, other broadleaves for 9,1%. Norway spruce is the most important conifer (27,5%), followed by silver fir (4,6%), pines (7,7%), and larch (3%). Mixed and coniferous forests concentrate in Central and Northern Slovakia. Beech and oaks prevail in the southwest and south of the country. Broadleaved forests of Eastern Slovakia are dominated by beech.

About 60% of forests are semi-natural in terms of their origin in natural regeneration and tree species composition close to potential forest vegetation. More than 70 fragments of natural and virgin forests with a total area of 18.000 - 20.000 ha, are preserved in Slovakia (KORPEL 1993).

Mountainous topography of the country contributes to a large diversity of forest types in the country. Eight forest vegetation zones are recognized according to the phytocenological classification of ZLATNÍK (1959). The forest classification used in the forest inventory and planning recognizes 55 forest type associations comprising 350 forest types.

Regular forest management has a long tradition in the territory of Slovakia. The first legally binding regulations aiming at forest protection were issued in 1565, and on sustainable yield from forests in 1769. Since 1879, the management of state-owned forests and since 1950, the management of all forests has been carried out solely according to the forest management plans.

The first forestry school in the territory of Slovakia was established in 1797. The Forestry Department at the university – the Academy of Mining – was opened in 1807 and the Forestry Research Station of the Hungarian Kingdom – with headquarters in the present territory of Slovakia – in 1898.

In the scores published by the WWF in 2000, the care of forests in Slovakia was ranked at the third to fifth position among the European countries.

Tab. 1: An overview of the different vegetation zones in Slovakia.
Übersicht über die verschiedenen Vegetationszonen in Slowakien.

<i>Forest vegetation zones</i>	<i>Area</i>
Oak dominated (riverain & dry lowland forests with willows, poplars, black alder, oaks, narrow-leaved ash, field & white elm, maples, wild cherry, Scots pine)	8,39%
Beech-oak (oaks, beech, almost all native noble hardwoods and wild fruit species)	15,39%
Oak-beech (beech, sessile oak, almost all noble hardwoods and wild fruit species)	23,15%
Beech dominated (beech, sessile oak, fir, most noble hardwoods, wild cherry)	19,45%
Fir-beech (beech, fir, spruce, Scots pine, sycamore maple, ash, Wych elm)	20,82%
Spruce-beech-fir (spruce, beech, fir, Scots pine, sycamore maple, Wych elm, rowan)	9,71%
Spruce dominated (spruce, fir, larch, Scots pine, sycamore maple, Wych elm, rowan)	2,08%
Dwarf-pine (dwarf pine, spruce, larch, rowan, Swiss stone pine)	1,01%

In spite of this fact and prevailing semi-natural status of the forests, considerable problems in Slovakia's forestry are associated with the mountainous topography and effects of air pollution:

- The mean defoliation and cumulated percentages of trees in the defoliation classes 2-3-4 (defoliation over 25%) at 111 plots of the ICP Forests remains above the European average (ANONYMUS 2003a). Approximately 10% of forests, and particularly those in the mountain areas, display signs of a decline related to air pollution. Between 70% and 90% of the pollution load is of transboundary origin. There is also high heavy metal deposition.
- The incidental felling due to windstorms, snow, rime, outbursts of pests and diseases has represented more than 50% of the total annual cut in the past 10 years.
- More than one third of forests are on slopes steeper than 18°. While the density of forest roads is rather low, there is a tendency in forestry to concentrate forestry operations and use schematic fellings with shortened regeneration periods.
- The actual share of shelterwood regeneration system is 60%, selection 4%, small-size clear-cutting 35%, and conversion 1% (ANONYMOUS 2002). It is a result of a change towards more nature conforming forest management systems in the 1990's. Clear-cuts represented the most common final cut in 1970 - 1995.
- In spite of a gradual improvement, the reported share of natural regeneration on the annually regenerated forest area is 20 - 35%.

Slovakia has the biggest proportion of forests protected in the IUCN categories I and II in Europe. The nature reserves, nature monuments, and national parks covered 18,6% of forest land in 2002. Another 25% of forests are included in the IUCN categories III - VI. Nearly no financial compensations to land owners are paid for restrictions due to

nature conservation according to the Act on Nature and Landscape Conservation. Additional disputes are between the Ministry of Agriculture and Ministry of Environment over the competences in administration of forests in the national parks.

2 Results

2.1 Legal regulations

The central register of bodies dealing with forest reproductive material, proceedings in approval and registration of seed collection stands, and legally binding duties in seed collection, production, and use of planting stock were established by the Decree of the Ministry of Economies IX-54/7-1939 of August 8, 1939 on Selection of Forest Stand for Collection of Seed and Planting Stock.

Current legislation on the forest reproductive material and conservation of its sources includes:

- Article 9 “Forest Seed and Planting Stock” of the Act No. 100/1977 on Forest Management and State Forest Authority,
- Act No. 291/1996 on Varieties and Seeds,
- Decree of the Ministry of Agriculture No. 64/2001 on Forest Reproductive Material, its Production and Records.

The national legislation on forest reproductive material covers 67 tree species. The rules for horizontal and altitudinal transfer of forest reproductive material are strict, horizontal transfer of reproductive material among provenance regions is not allowed. Forest owners are obliged to keep records of the origin of reproductive material used for reforestation at the level of forest stands.

Slovakia joined the OECD Scheme for the control of forest reproductive material moving in international trade in 2000, having implemented it by January 2004.

A completely new Act on Forest Reproductive Material, compliant with the Council Directive 1995/105/EC, was prepared and approved by the government in 2003, and submitted to the Parliament in January 2004.

2.2 Regions of provenance

Five to six regions of provenance are defined according to the OECD scheme for each of seven main forest tree species, including Norway spruce, silver fir, Scots pine, European larch, common beech, sessile oak, and pedunculate oak. Five common regions of provenance are delineated for less frequent forest tree species. In addition, seven 200-meter-wide altitudinal zones are delineated for the vertical transfer of forest reproductive material. As a result, there are 35 to 42 certification units for each forest tree species.

2.3 Sources of forest reproductive material

The category “*Selected*” is the main category at the national level. Reproductive material certified in this category is derived from Stands Approved for Seed Collection and Reproductive Plantations.

The basic material for this category includes

- 11.147 approved stands for seed collection with the total area of 58.260 hectares,
- 36 generative reproductive plantations with a total area of 757 ha.

The category “*Qualified*” includes

- 91 untested seed orchards of 15 tree species, with the total area of 206,2 ha,
- 3.811 registered plus trees and 4 recommended clones of poplars.

The reproductive material certifiable in the category “*Tested*” includes 11 “regionalized” poplar clones and 2 clones of willow, included in the Official List of Clones.

The Forest Research Institute is responsible for the approval of basic materials and control of the procurement, production, marketing, and use of the forest reproductive material.

Full details are available in the Implementation Document of the Slovak Republic on the OECD Scheme for the control of forest reproductive material moving in international trade (ANONYMOUS 2003b).

2.4 Research

A series of research projects aimed at the research of genetic variation, reproductive processes, succession, hybridization, and propagation have been implemented at the Forestry Faculty of the Technical University Zvolen since 1990. The team is involved also in two EU FP-5 projects:

- *Dynamics of forest tree biodiversity*: linking genetic, paleogenetic, and plant historical approaches (FOSSILVA).
- *Ash for the future*: defining European ash populations for conservation and regeneration (FRAXIGEN).

At the Forest Research Institute, the research aims at the genetic effects of air pollution, provenance experiments, reproductive processes, selection, propagation, and testing of domestic poplars and black locust, testing of seed orchard progenies. The Institute of Plant Genetics and Biotechnologies of the Slovak Academy of Sciences in Nitra deals with specific aspects of genetic variation and biotechnologies.

More relevant original papers published in the past five years are listed in the section References.

2.5 Conservation of forest genetic resources

2.5.1 Forestry measures

- **Forest Gene Reserves:** While the selection of candidate forests started in 1988, their legal recognition was provided only by the Decree on Forest Reproductive Material issued in 2001. There are 37 gene reserve forests (15.025 ha), approved mostly for Norway spruce, silver fir, Scots pine, European larch, beech, and sessile oak. Less frequent forest tree species surpass 5% in 11 forest gene reserves only. Due to the delayed legal recognition, improved management plans with a 10-year commitment are available for 18 reserves with the area of 5.595 hectares.
- **Approved stands for seed collection** are dominated by Norway spruce, Scots pine, silver fir, beech and sessile oak. Phenotypically superior stands with a 10+ year voluntary protection commitment comprise approx. 2.500 approved units with the area of 10.000 hectares. The less frequent broadleaved species are represented by 200 ha of approved stands of ash, 158 ha of sycamore maple, 2.6 ha of Norway maple, 29 ha of black alder, 24 ha of limes, 41 ha of black locust, 7 ha of hornbeam, and 6.5 ha of birch.
- **Plus Trees:** The less frequent species are represented by 160 trees of black alder, 153 of common ash, and 28 of narrow-leaved ash, 114 of small-leaved lime, 83 of wild cherry, 72 of sycamore maple, 14 of Norway maple, 54 of Wych elm, and 58 of Swiss stone pine.
- **Seed Orchards** of 13 species are present. The share of Scots pine and European larch is 78%, however. Less frequent species were given the priority after 1990 only, when the regional orchards were established for small-leaved lime in Central Slovakia (55 clones per 1 ha), ash (35+ clones per 0.6 ha), sycamore maple (35+ clones per 0.5 ha), black alder (60 clones per 1 ha), and Wych elm (25 clones per 0.4 ha) in Eastern Slovakia. New orchards of wild cherry and ash are under establishment.
- **Clonal Archives** consist of 980 genotypes of European larch, 120 genotypes of Scots pine, and 100 genotypes of black alder.
- **The Forest Seed Bank** is operated by the State Forests under the methodological supervision of the Forest Research Institute. It comprises 253 seed lots (427 kg) of spruce, larch, Scots pine, Austrian pine, and mountain pine. A series of new seed collections was launched in 2001 - 2003. The Operational Guidelines for the Seed Bank introduced in 2002, set the minimum number of seed parents in a seed lot to 40, with the minimum spacing of 30 m.
- **Reproductive Plantations** occupy the area of 757 hectares, of which Norway spruce shares 281 ha, silver fir 92 ha, Scots pine 53 ha, European larch 46 ha, common beech 150 ha, and sessile oak 121 ha.

The State Forests have endorsed their Concept for Conservation and Sustainable Use of Forest Genetic Resources (BRUCHÁNIK 2002). Under the primary emphasis on the profitability of forestry, reduced external assistance from public funds and limited institutional support, the conservation of forest genetic resources through improved forest management is difficult. A small subsidy was disbursed to forest owners for conservation of forest genetic resources in 1999 - 2003, however.

2.5.2 Other measures

The Category of Protective Forests with low intensity management represent, without any doubt, invaluable conservation areas for the majority of noble hardwoods and wild fruit trees, which occur with higher frequency there than elsewhere. It pertains especially to forests on exposed sites such as steep slopes, ridges, forest steppes, and waterlogged sites, totalling 7% of the forest area.

The Strict Nature Reserves and Nature Reserves occupy 88.354 ha or 4,4% of the forest area. In spite of a generally small unit size and uneven geographical distribution, 161 strict nature reserves larger than 50 ha provide a good opportunity for *in situ* conservation of their species-rich forest genetic resources (VOLOŠČUK 1994).

3 References

- ANONYMOUS (2000):** Forest Resources of Europe, CIS, North America, Australia, Japan and New Zealand (industrialized temperate/boreal countries). UN-ECE/FAO Contribution to the Global Forest Resources Assessment 2000. Geneva Timber and Forest Study Papers, No. 17, United Nations, New York and Geneva, 360 pages + Annexes.
- ANONYMOUS (2001):** Global Forest Resources Assessment 2000. Main Report. Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), Rome, 479 pages.
- ANONYMOUS (2002):** Report on Forestry in the Slovak Republic (Green Report of the Ministry of Agriculture of the Slovak Republic), Bratislava, 126 pages.
- ANONYMOUS (2003a):** Ministerial Conference on the Protection of Forests in Europe (2003): State of Europe's Forests 2003 - The MCPFE Report on Sustainable Forest Management in Europe. Jointly prepared by the MCPFE Liaison Unit Vienna and the UN-ECE/FAO. 126 p. + Annexes (<http://www.mcpfe.org>).
- ANONYMOUS (2003b):** OECD Scheme for the control of forest reproductive material moving in international trade. Implementation document of the Slovak Republic. Ministry of Agriculture, Bratislava, 15 pp + Annexes (<http://www.mpsr.sk>).

- BRUCHÁNIK, R. (2002):** Program zachovania a reprodukcie genofondu lesných drevín. [Program of Conservation and Reproduction of Forest Tree Genetic Resources]. Lesy Slovenskej republiky, štátny podnik, UVVPLH Zvolen, 26 pages.
- GÖMÖRY, D.; HYNEK, V. & PAULE, L. (1998):** Delineation of seed zones for European beech (*Fagus sylvatica* L.) in the Czech Republic based on isozyme gene markers. *Annales des Sciences Forestières*, 55.Jg., pp.425–436.
- GÖMÖRY, D.; PAULE, L.; BRUS, R.; ZHELEV, P.; TOMOVIC, Z. & GRACAN, J. (1999):** Genetic differentiation and phylogeny of beech on the Balkan Peninsula. *Journal of Evolutionary Biology*, 12.Jg., pp.746–754.
- GÖMÖRY, D.; YAKOVLEV, I.; ZHELEV, P.; JEDINÁKOVÁ, J. & PAULE, L. (2001):** Genetic differentiation of oak populations within the *Quercus robur/Quercus petraea* complex in Central and Eastern Europe. *Heredity*, 86.Jg., pp.557–563.
- GÖMÖRY, D.; BRUCHÁNIK, R. & LONGAUER, R. (2003):** Fertility variation and flowering asynchrony in *Pinus sylvestris*: consequences for the genetic structure of progeny in seed orchards. *Forest Ecology and Management*, 174.Jg., pp.117–126.
- GÖMÖRY, D.; PAULE, L.; SHVADCHAK, I.M.; POPESCU, F.; SULKOWSKA, M.; HYNEK, V. & LONGAUER, R. (2003):** Spatial patterns of the genetic differentiation in European beech (*Fagus sylvatica* L.) at allozyme loci in the Carpathians and the adjacent regions. *Silvae Genetica*, 52.Jg., pp.78–83
- KORPEL, Š. (1995):** Die Urwälder der Westkarpaten. Gustav Fischer Verlag, 310 Seiten.
- LONGAUER, R., GÖMÖRY, D., PAULE, L., BLADA, I., POPESCU, F., MANKOVSKA, B., MÜLLER-STARCK, G., SCHUBERT, R., PERCY, K., SZARO, R. & KARNOSKY, D. (2004):** Genetic Effects of Air Pollution on Forest Tree Species of the Carpathian Mountains. *Environmental pollution*. (accepted, in press).
- LONGAUER, R.; GÖMÖRY, D.; PAULE, L.; KARNOSKY, D.F.; MAŇKOVSKÁ, B.; MÜLLER-STARCK, G.; PERCY, K. & SZARO, R. (2001):** Selection effects of air pollution on gene pools of Norway spruce, European silver fir and European beech. *Environmental Pollution*, 115, pp.405–411.
- LONGAUER, R. (2001):** Genetic variation of European silver fir (*Abies alba* MILL.) in the Western Carpathians. *Journal of Forest Science*, 47.Jg., pp.429–438.
- LONGAUER, R.; PAULE, L.; ANDONOSKI, A. & ZHELEV, P. (2003):** Genetic diversity of European silver fir *Abies alba* MILL. in Southern Europe. *Forest Genetics*, 9.Jg., pp.1–9.
- PACALAJ, M.; LONGAUER, R.; KRAJMEROVÁ, D. & GÖMÖRY, D. (2002):** Effects of site altitude on the growth and survival of Norway spruce (*Picea abies* L.) provenances at the Slovak plots of IUFRO experiment 1972. *Journal of Forest Science*, 48.Jg., pp.16–26.
- SUŠKOVÁ, M. et al. (2003):** Harmonizácia činností Semenárskej služby zabezpečovaných v SR s krajinami EÚ (Harmonization of the activities in the control of forests reproductive material in Slovakia with the EU). Final Report. Forest Research Institute Zvolen, 37 pages + Annexes.

- VOLOŠČUK, I. (1994):** Biodiversity of Forests in Slovakia According to the Forest Vegetation Types. *In: PAULENKA, J. & PAULE, L. (eds.): Conservation of Forests in Central Europe. Proceedings of the WWF Workshop, Zvolen, July 7-9, 1994. Arbora Publishers Zvolen, pp.39-50.*
- ZLATNÍK, A. (1959):** Přehled lesů na Slovensku podle skupin lesních typů. [Review of forests in Slovakia according to the associations of forest types]. *Spisy vědecké laboratoře biogeocenologie a typologie lesa Lesnické fakulty VŠZ Brno 3, pp.1-195.*

Address of the author:

DR. ROMAN LONGAUER
Forest Research Institute,
T. G. Masaryka Strasse 22,
SK-960 92 Zvolen (Slovakia)
e-mail: **roman.longauer@fris.sk**

North-Carpathians and Sudeten silver fir genetic variation and diversity

LEON MEJNARTOWICZ

Keywords: European silver fir, *Abies alba*, distribution, genetic variation, isozyme gene marker

Abstract

The dendrogram structure and presence of rare alleles found in silver fir of Czech, Moravian and Slovakian populations allow for a hypothesis that in the postglaciation period silver fir did not move into the Polish Carpathians westward from the east but from the south along river valleys from some Balkan refuges, getting north via bypassing the High Tatra Range. This way, a highly diversified set of populations originated, differing in the presence of rare alleles. This differentiation is not prevented by a relatively small flow of genes between populations. The calculated gene flow $Nm = 3,286$ also indicates isolation between the populations. It means 3,3 immigrants per generation into the studied populations. There is a significant diversity within Carpathian silver fir populations. Still greater genetic distance separates Sudeten and Carpathian populations. Restricted gene flow between populations, their isolation, great differentiation in the silver fir population environments, and different postglacial immigration routes from the Balkan Peninsula to the Carpathian area result in great interpopulational differences ($F_{ST} = 0,203$) as shown on the dendrogram. Sudeten populations have much lower genetic diversity and great genetic distance when compared with Carpathian populations. The results suggest that Sudeten silver fir populations derive from populations that in glaciation found refuge on the Apennine Peninsula.

Schlagwörter: Weißtanne, *Abies alba*, Verbreitung, genetische Variation, Isoenzym-Genmarker

Zusammenfassung

Titel des Beitrags: Genetische Variation und Diversität der Weißtanne in den Nordkarpaten und Sudeten.

Die Dendrogrammstruktur sowie das Vorhandensein seltener Allele, die für die Weißtannen-Populationen in Westtschechien, Mähren und in der Slowakei festgestellt wurden, lässt die Hypothese zu, dass die Weißtanne in der Nacheiszeit nicht von Osten her westwärts in die polnischen Karpaten einwanderte, sondern von Süden, und zwar ausgehend von einigen Refugien auf dem Balkan nordwärts entlang der Flusstäler mit Umgehung der Hohen Tatra. Dieser Weg brachte eine Reihe stark differenzierter Populationen hervor, die sich durch das Vorhandensein von seltenen Allelen voneinander unterscheiden. Diese Differenzierung wurde durch den relativ geringen Genfluss zwischen den Populationen nicht behindert.

Der berechnete Genfluss $Nm = 3,286$ weist auch auf eine Isolation der Populationen untereinander hin. Das bedeutet in den untersuchten Populationen 3,3 Einwanderer pro Generation. Es besteht eine signifikante genetische Vielfalt innerhalb der Populationen der Weißtanne in den Karpaten. Ein noch größerer genetischer Abstand trennt die Populationen der Sudeten und der Karpaten. Ein eingeschränkter Genfluss zwischen den Populationen, deren Isolation, große Umweltunterschiede und unterschiedliche postglaziale Wanderrouten von der Balkanhalbinsel in die Karpaten schlagen sich in großen interpopulationären Unterschieden nieder ($F_{ST} = 0,203$), die in einem Dendrogramm dargestellt sind. Die Sudeten-Populationen weisen im Vergleich mit den Populationen aus den Karpaten eine viel geringere genetische Vielfalt und einen großen genetischen Abstand auf. Die Ergebnisse lassen vermuten,

dass die Weißtannenpopulationen der Sudeten von Populationen abstammen, die während der Eiszeit auf der Apennin-Halbinsel Schutz fanden.

1 Introduction

The northern and eastern limits of the occurrence of silver fir (*Abies alba* MILL.) passes through Poland's territory with the Sudeten and Carpathian Mountains (cf. Fig. 1). Until the end of the 17th century silver fir was common in the forests of the Sudeten and Carpathians. Then improper forest management, environmental pollution, and some unclear natural factors led to the species decline on the entire area of European forests. Since about 1995 some recovery of silver fir has been noticed on the territory of the Polish Carpathians. In the western Sudeten Mts. and in a major part of the Saxon Ore Mountains silver fir became extinct, and as a result an anthropogenic disjunction in the population range of this species appeared. It was believed that one of the reasons for the decline of silver fir stands was the species significant homozygosity, as silver firs possess one of the heaviest pollen grains. This should have caused a high degree of self-pollination resulting in self-fertilization. However, this hypothesis was discredited in the early isozymes studies on the genetic structure of the silver fir populations. Populations of this species exhibited great genetic variation and diversity (MEJNARTOWICZ 1979).

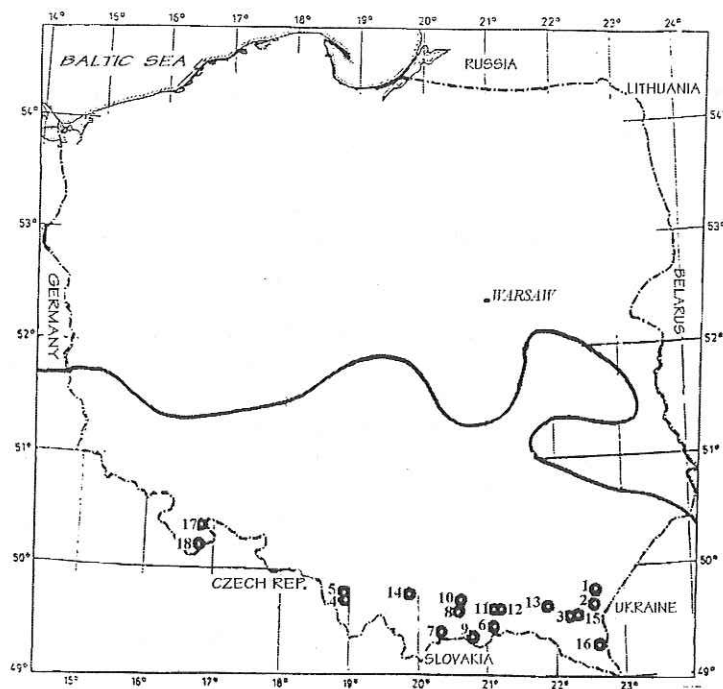


Fig. 1: Distribution of silver fir in Poland. Locations of the seed collection sites: 1-18.
Abb. 1: Verbreitung der Weißtanne in Polen. Lage des Untersuchungsmaterials: 1-18.

2 Material and Methods

Seed samples for the analysis came from 16 silver fir populations from the Eastern and Western Beskids. Single tree samples were collected from 20 80 - 160 year-old trees. The geographic location and the name of the populations are shown in Fig. 1 and in Tab. 2. For the method literature review, see MEJNARTOWICZ (2000). Allele numbering corresponds to isozymes *Rf*: the fastest allozyme migrating toward anode was marked 1. Estimated genetic parameters are in the Tab. 2. The statistical analysis of allele frequencies and cluster analysis were performed by applying the POGENE-32 program as given by YEH & YANG (1999).

Tab. 1: Enzyme systems assayed in macrogametophytes of individual silver fir trees.
Untersuchte Enzymsysteme in Makrogametophyten von individuellen Weißtannen.

<i>Enzyme system</i>	<i>Abbrev.</i>	<i>E.C. no.</i>	<i>Loci tested</i>	<i>Number of alleles</i>	<i>Number of frequent alleles</i>
Alcohol dehydrogenase	ADH	E.C.1.1.1.1	ADH1 ADH2	5 3	3 2
Esterase	EST	E.C.3.1.1.1	EST2 EST3	6 8	3 5
Fluorescent esterase	FLE	E.C.3.1.1.2	FLE1 FLE2	4 5	2 2
Glutamate dehydrogenase	GDH	E.C.1.4.1.2	GDH	2	2
Glutamate-Oxaloacetate Transaminase <i>syn.</i> Aspartate Amino- transferase	GOT <i>syn.</i> AAT	E.C.2.6.1.1	GOT1 GOT2 GOT3 GOT4	3 3 5 5	2 1 3 4
Isocitrate dehydrogenase	IDH	E.C.1.1.1.42	IDH1 IDH2	4 3	3 1;3
Leucine aminopeptidase	LAP	E.C.3.4.11.1	LAP1 LAP2	4 8	2 4;5
Malate dehydrogenase	MDH	EC1.1.1.37	MDH1 MDH2 MDH3	5 5 3	2 1;3 1
Menadion reductase	MEN (DIA)	E.C.1.6.4.3	MEN1 MEN2	3 1	1 1
Phosphoglucomutase	PGM	E.C.5.4.2.2	PGM1 PGM2	3 2	2 2
Phosphoglucose isomerase	PGI	E.C.5.3.1.9	PGI1 PGI2	2 4	2 2;3
6-Phosphogluconic dehydrogenase	6-PGDH	E.C.1.1.1.44	6PGD1 6PGD2	4 6	2;3;4 2;4
Shikimate dehydrogenase	SHDH	E.C.1.1.1.25	SHDH1	4	1
Superoxide dismutase	SOD	E.C.1.15.1.1	SOD1	2	2

3 Results and discussion

Only in one locus – MEN2 – was found invariable. In the studied populations we found variation in the loci PGI1, PGI2, and SOD1 which were considered to be monomorphic (KONNERT 1994, LEWANDOWSKI *et al.* 2001, MEJNARTOWICZ 1996).

Tab. 2: Results of the genetic analysis for 16 Carpathian and 2 Sudeten silver fir populations.
Ergebnisse der genetischen Untersuchung von 16 Karpaten- und 2 Sudeten-Weißtannen-Populationen.

<i>Population number</i>	<i>Na</i>	<i>Ne</i>	<i>I</i>	<i>Ho</i>	<i>He</i>	<i>Fis</i>	<i>%Pol</i>	<i>NoRa</i>
1 Krasieczyn – Cisowa	2.143	1.500	0.407	0.248	0.253	-0.023	75.00	12
2 Bircza –Wojtkówka	2.214	1.524	0.423	0.248	0.262	0.013	67.86	11
3 Lesko – Malinki	2.286	1.662	0.491	0.329	0.300	-0.071	67.86	10
15 Lesko - Czarny Dział	2.357	1.605	0.479	0.366	0.291	-0.163	75.00	18
4 Ustron - Bukowa 2	2.392	1.537	0.455	0.259	0.273	0.023	71.43	16
5 Ustron -Bukowa 1	2.607	1.562	0.484	0.234	0.276	0.080	75.00	16
6 Krynica -Tylicz	2.536	1.625	0.501	0.295	0.295	-0.018	82.14	16
7 Szczawnica – Kroszowice	2.107	1.429	0.397	0.298	0.238	-0.153	67.86	2
8 Stary Sącz - Przysietnica	2.250	1.538	0.440	0.277	0.269	-0.020	71.43	12
10 Stary Sącz – Kamieniec	2.214	1.555	0.432	0.250	0.259	0.035	67.86	13
9 Piwniczna - Łomnica	2.464	1.517	0.443	0.266	0.259	-0.034	67.86	13
11 Nawojowa - Berest 1	2.393	1.548	0.456	0.279	0.273	0.035	71.43	18
12 Nawojowa - Berest 2	2.250	1.588	0.443	0.261	0.270	-0.005	75.00	14
13 Rymanów – Szachty	2.107	1.551	0.428	0.257	0.262	-0.019	64.29	10
14 Myślenice - Ukleina	2.179	1.504	0.409	0.289	0.249	-0.070	64.29	15
16 Stuposiany – Czereszka	2.429	1.583	0.472	0.250	0.281	0.049	75.00	18
Mean for the Carpathians populations	2.308	1.552	0.448	0.275	0.269	-0.021	71.21	13.5
Standard deviation:	0.144	0.050	0.029	0.033	0.015	0.065	4.63	3.55
17 Łądek Zdrój	1.762	1.208	0.208	0.132	0.120	-0.091	35.71	7
18 Międzygórze	1.700	1.246	0.228	0.127	0.138	0.010	35.71	4
Mean for the Sudeten populations	1.731	1.227	0.218	0.130	0.129	-0.041	35.71	5.5

Abbreviations used:

Na, mean number of observed alleles; *Ne*, mean number of effective alleles; *I*, SHANNON'S index of genetic diversity; *Ho*, observed heterozygosity; *Fis*, WRIGHT's fixation index; *%Pol*, percentage of polymorphic loci; *NoRa*, number of rare alleles.

Six loci were semi-monomorphic, *i.e.* GDH, GOT1, PGM1, SOD1, and PGI1. The last locus, PGI1, was without any variation in all populations from the Sudeten Mountains as well as from Central and Southern Germany (KONNERT 1994, MEJNARTOWICZ *et al.*

1994). From the East Carpathians five populations, *i.e.* 1, 2, 3, 15, and 16 were examined.

Only in 16-Stuposiany and 1-Krasiczyn variation of the populations was found in locus PGM1. In all studied populations locus SOD1 was monomorphic, but in the population 2-Bircza two alleles exist: common SOD1-2 and private SOD1-1. In the East Carpathian populations there was smaller allelic multiplicity at the considered loci ($N_a = 2,286$) than in the Western Carpathian populations ($N_a = 2,318$). Higher was also the expected heterozygosity ($H_o = 0.29$ vs. $H_o = 0.27$) and percentage of polymorphic loci (72.14% *versus* (70.78) (Tab. 2.). Among the Carpathian populations the least genetic variation was found in the population 7-Szczawnica in the Beskids (Tab. 2). On average in the Carpathian silver fir populations, we found $N_a = 2.308$ and $N_e = 1.552$, which is similar to the data for Germany as presented by HUSSENDÖRFER & KONNERT (2000).

The Sudeten populations have significantly smaller genetic variation than the Carpathians (*cf.* Tab. 2). It was concluded that the value of estimated (H_o) and expected (H_e) heterozygosity in a population depends on the age, space, and species composition of the stand (BERGMANN 1992; HUSSENDÖRFER & KONNERT 2000).

We suppose that evaluation of heterozygosity depends also on the type of analyzed material. Similar heterozygosity values are described for Polish, German, and Italian populations (BERGMANN 1992, 1996; MEJNARTOWICZ 1996) when megagametophytes are analyzed. Lower heterozygosity values appear in publications analyzing bud material (KONNERT 1994, LEWANDOWSKI *et al.* 2001; SCALTSOYIANNES *et al.* 1999).

There were found great variation between populations in the $NoRa$ from 2 to 18. It seems that populations with small $NoRa$ possess low genetic load what contributes to its high survival rate in the provenance tests. All rare alleles detected in northern Carpathian and Sudeten silver fir populations appeared only in the form of heterozygote. On the other hand though, presence of rare alleles is relevant for the future of a population because they may be playing an adaptative role in the changing environment.

The proportion of polymorphic loci for Carpathian populations amounted to 71.21%, which is very similar to the results obtained by SCALTSOYIANNES *et al.* (1999) for Mediterranean firs. The minimum % Pol was calculated to be 64.29% and the maximum 2.14%. For the Sudeten populations % $Pol = 35$.

The F_{ST} coefficient for 27 polymorphic loci ranged from 0.021 at MEN1 to 0.865 at MDH3 with the average $F_{ST} = 0.203$, which means that 20% of the total genetic variation is due to interpopulational diversity and 80% is located within populations. The inbreeding in the studied silver-fir populations amounted to 2% only. The heterogeneity of fixation indices suggests no strong influence of inbreeding on the genotypic diversity of all studied silver fir populations (Tab. 2).

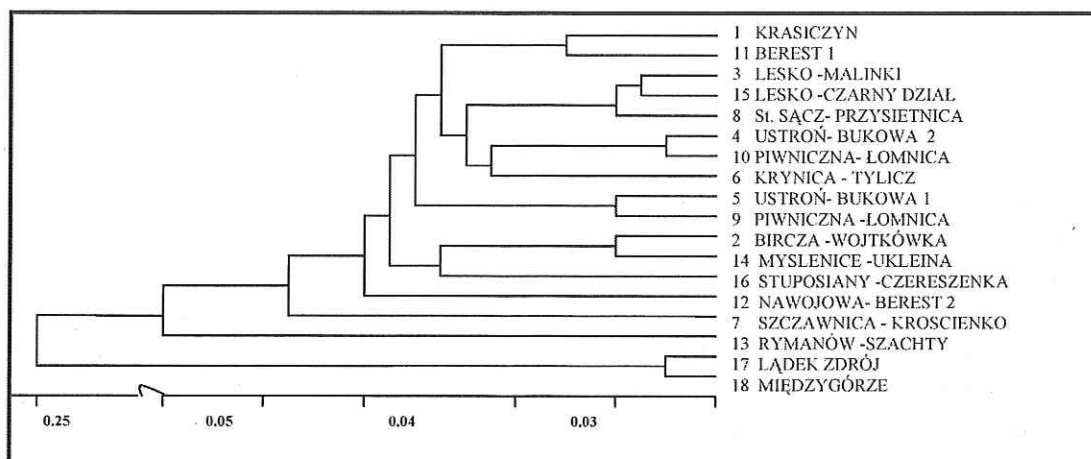


Fig. 2: UPGMA cluster analysis based on genetic distance (NEI 1972) as modified from the NEIGHBOR procedure of PHYLIP Version 3.5.

Abb. 2: UPGMA-Clusteranalyse auf der Basis des genetischen Abstands (NEI 1972), NEIGHBOR-Verfahren nach der PHYLIP-Version 3.5, verändert.

In the dendrogram two main groups were observed: one includes Carpathian silver-fir populations, the other one – Sudeten populations. In the Carpathian group, highly differentiated, the biggest genetic distance in relation to other populations is seen between Rymanów, Szczawnica and Berest2 populations. The remaining populations form several smaller groups (*cf.* Fig. 2).

4 Conclusions

The dendrogram structure and presence of rare alleles found in silver-fir of Czech, Moravian and Slovakian populations allow for a hypothesis that in postglaciation the silver fir moved into the Polish Carpathians not westward from the east but from the south along river valleys from some Balkan refuges, getting north bypassing the High Tatra Range. This way, a highly diversified set of populations originated, differing in the presence of rare alleles. This differentiation is not prevented by a relatively small flow of genes between populations. The calculated gene flow $N_m = 3.286$ also indicates isolation between the populations. It means 3.3 immigrants per generation into the studied populations. There is a significant diversity within Carpathian silver fir populations. Still greater genetic distance separates Sudeten and Carpathian populations.

Restricted gene flow between populations, their isolation, great differentiation in the silver fir population environments, and different postglacial immigration routes from the Balkan Peninsula to the Carpathian area result in great interpopulational differences ($F_{ST} = 0.203$) shown on the dendrogram. Sudeten populations have much lower genetic diversity and great genetic distance compared with Carpathian populations. The results

suggest that Sudeten silver fir populations derive from populations that in glaciation found refuge on the Apennine Peninsula.

Acknowledgements

This work was financially supported by the projects 7/00 of the D.G. State Forest and 6PO4F03519 Sc.In.Com Warsaw and the Institute of Dendrology PAS, Kórnik, Poland. The author wish to thank for Prof. J. Sabor for the part of seed material.

5 References

- BERGMANN, F. (1992): Die genetische Struktur in Weißtannen-Populationen Mittel- und Südeuropas. 6. IUFRO Tannensymposium. Zagreb, pp.25-34.
- BERGMANN, F. (1996): Die genetische Struktur der Naturverjüngung bei der Weißtanne in Abhängigkeit vom Altbestand. *AFZ/Der Wald*, 51.Jg., pp.1046-1047.
- HUSSENDÖRFER, E. & KONNERT, M. (2000): Untersuchungen zur genetischen Variation der Weißtanne (*Abies alba* MILL.) in Plenterwäldern im Vergleich zu Altersklassenwäldern. *Forstwissenschaftliches Centralblatt*, 119, pp.208-225.
- KONNERT, M. (1994): Ergebnisse isoenzymatischer Untersuchungen bei der Weißtanne als Entscheidungshilfen für forstliche Maßnahmen. 7.IUFRO Tannensymposium, Altensteig, pp.30-43.
- LEWANDOWSKI, A. & FILIPIAK, I. & BURCZYK, J. (2001): Genetic variation of *Abies alba* Mill. in the Polish part of the Sudety Mts. *Acta Societatis Botanicorum Poloniae*, 70(3), pp.215-219.
- MEJNARTOWICZ, L. (1979): Polymorphism at the LAP and GOT loci in *Abies alba* MILL. populations. Bulletin de l'Académie Polonaise des Sciences. Série des sciences biologiques. Cl. V. Vol. 27(12), pp.1063-1070.
- MEJNARTOWICZ, L. & LEWANDOWSKI, A. & BERGMANN, F. (1994): Genetic structure and variation of the European silver-fir populations at man-made range disjunction. In: 7. IUFRO-Tannensymposium, Altensteig, 31.10-3.11.1994, pp.118-127.
- MEJNARTOWICZ, L. (1996): Cisovka - the relic population of *Abies alba* and its relationship to man-made silver-fir stands in the Białowieża Primeval Forest. *Acta Societatis Botanicorum Poloniae*, 65(3-4), pp.319-328.

- MEJNARTOWICZ, L. (2000):** Polish Sudeten and Carpathian Mountains Silver-fir (*Abies alba*) population genetic investigation. Proc. 9. IUFRO Symposium, WP: 1.05-16 Ecology and Silviculture of European Silver Fir, Skopje, Republic of Macedonia, pp.49–54.
- SCALTSOYIANNES, A.; TSAKTSIRA, M. & DROUZAS, A.D. (1999):** Allozyme differentiation in the Mediterranean firs (*Abies, Pinaceae*). A first comparative study with phylogenetic implications. *Plant Systematics and Evolution*, 216 (3-4), pp. 289-307.
- YEH, F.C. & YANG, R. (1999):** Popgene version 1.31. Freeware for Population Genetic Analysis.

Address of the author

PROF. DR. LEON MEJNARTOWICZ
Biochemical Genetic Laboratory, Polish Academy of Sciences,
Institute of Dendrology,
PL-62-035 Kórnik (Poland)
e-mail: lmejnar@man.poznan.pl

Möglichkeiten der Generhaltung und genetisches Monitoring in Naturwaldreservaten

PATRICIA BALCAR & WERNER D. MAURER

Schlagwörter: Naturwaldreservat, Spezialuntersuchungen, Himbeerberg, Buche, *Fagus sylvatica*, Fichte, *Picea abies*, Generhaltung, genetisches Monitoring

Naturwaldreservate sind ausgewählte Waldflächen, die von jeglicher Nutzung ausgenommen sind, in ihrer natürlichen Entwicklung sich selbst überlassen bleiben und zu sogenannten "Urwäldern von morgen" werden.

Die Hauptziele der nur noch eigendynamisch bzw. zufallsgesteuerten Systeme ist deren Beobachtung und Erforschung im Vergleich zu weiterhin bewirtschafteten Wäldern. Die daraus gewonnenen Erkenntnisse sollen naturnahe Waldbaumethoden wie auch Naturschutzmaßnahmen im Wald in ihrer Weiterentwicklung unterstützen. Durch den konsequenten Schutz natürlich ablaufender Prozesse wird auch unmittelbar Naturschutz geleistet.

Da Urwälder in Europa fehlen, besitzen die zum Teil schon seit drei Jahrzehnten in Rheinland-Pfalz systematisch und repräsentativ angelegten Naturwaldreservate besondere Bedeutung. Der Wert dieser Flächen steigt mit ihrem zunehmenden Alter ab ihrer Stilllegung und mit der Fortsetzung deren wissenschaftlichen Untersuchungen nach standardisierten Programmen in Zeitreihen.

Waldstrukturuntersuchungen des lebenden Derbholzbestandes, der Verjüngung und des Totholzes wie auch die des Standortes gehören zum Standardprogramm und gelten gleichzeitig als Basis für Spezialuntersuchungen, als Lebensraumdaten für Flora und Fauna.

Es wird angenommen, dass ökosystemare Selbstorganisation im Vergleich zur Bewirtschaftung nicht nur Waldstrukturen, Artenzusammensetzungen und Prozesse allgemein beeinflusst, sondern auch die genetische „Organisation“ bzw. deren zeitliche Veränderungen innerhalb von Populationen. Daher gehören genetische Untersuchungen zum Programm der Spezialuntersuchungen in rheinland-pfälzischen Naturwaldreservaten.

Mit dem im Jahr 2000 neugefassten „Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland“ ist auch den Forderungen der „Convention of Biological Diversity (CBD)“ Rechnung getragen worden, dass zukünftig die Entwicklung der genetischen Vielfalt mittels eines genetischen (Langzeit-) Monitorings zu kontrollieren ist.

Mitteilungen aus der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Nr. 52/04, S.181-186.



Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz

Möglichkeiten der Generhaltung und genetisches Monitoring in Naturwaldreservaten

Patricia Balcar & Werner D. Maurer
in Zusammenarbeit mit ISOGEN Göttingen

Begriff:

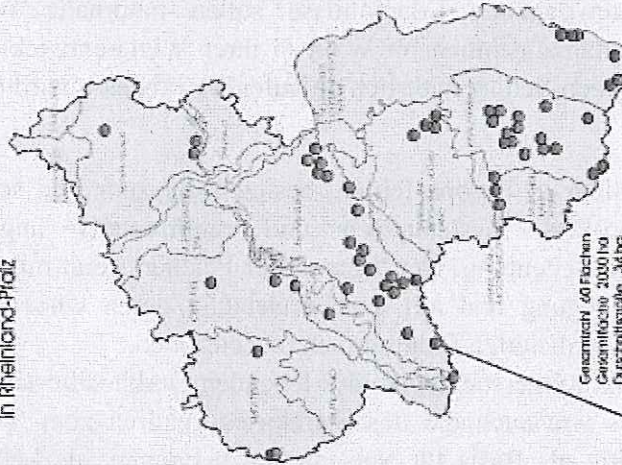
Naturwaldreservate (NWR) sind ausgewählte Waldflächen, die von der Nutzung ausgenommen sind. In ihrer natürlichen Entwicklung sich selbst überlassen bleiben und zu sogenannten "Urwäldern von morgen" werden.

Untersuchungsprogramme:

- 1. Standardprogramm:**
 - Waldkundliche Aufnahme des lebenden Bestandes, der Verjüngung und des Totholztes
 - Standortliche Untersuchungen
 - Luftbildaufnahmen
- 2. Spezialuntersuchungen:**
 - Bodenvegetation, Moos, Flechten, Pilze, Bodenfauna, Totholzleier, Vögel, Nageltiere u.a.
 - Genetisches Monitoring

Diese Forschung ist auf Dauer angelegt und wird periodisch wiederholt.

Naturwaldreservate
in Rheinland-Pfalz

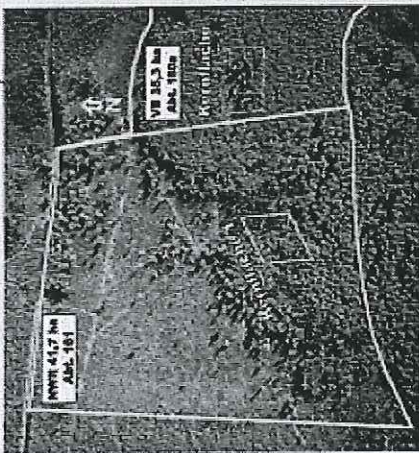


Gesamtheit 40 Flächen
Gesamtfläche: 2000 ha
Durchschnittspalte: 34 ha

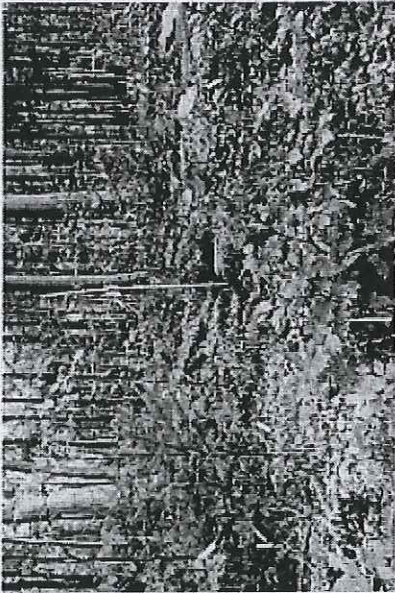
Ziele:

- Waldsystemforschung
- Angewandte Waldbauforschung durch Vergleich unbewirtschafteter Naturwaldreservate mit bewirtschafteten Vergleichsbeständen
- Dauerbeobachtungsflächen für Umweltveränderungen (= Biomonitoring) und Weiserflächen für Naturnähe
- Naturschutz durch konsequente Sicherung natürlich ablaufender Prozesse
- Eindruck und Erlebnis von "Urwald" (Umwelterziehung)

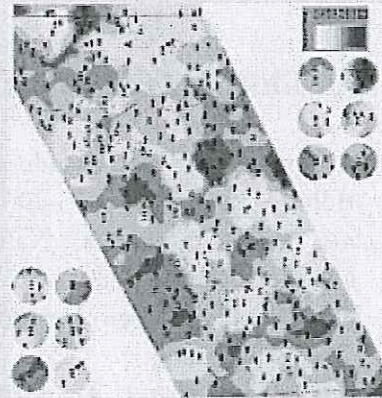
Beispiele erster Untersuchungsergebnisse der genetischen Grundaufnahme im Naturwaldreservat Himbeerberg



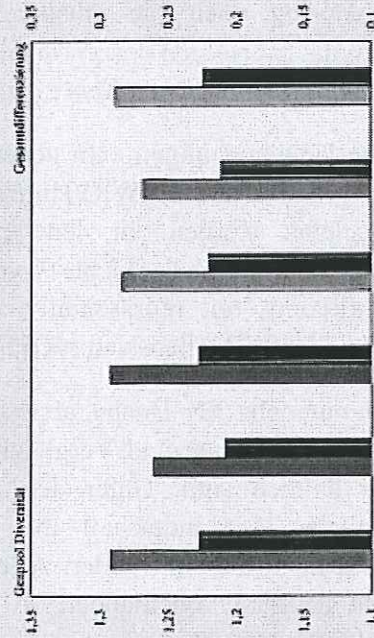
Luftaufnahme des NW Himbeerberg (Abt. 1B1) und des bewirtschafteten Vergleichsbestandes (Abt. 1B0) sowie den darin eingeteilten Keimflächen 1 und 3 (Aufnahmedatum: 11.08.1993)



Naturwäldungsinsel mit Buche und Fichte im Altbestand des NW Himbeerberg



Flächenbezogene Darstellung der genetischen Vielfalt und die jeweils diverseren (oben) und am wenigsten diversen (unten) Probestelle der Keimfläche 1 (U = ungrünlicher Teil, Z = grünlicher Teil)



Diversität des Genpools und Gesamtdifferenzierung der Gene MNR-A, MDH-A, MDH-B, MDH-C, 6PGDH-A, PG-B, PGM-A, SKDH-A in den Altbeständen und den zusammengefassten Probestellen

Ziel einer solchen Zukunftsvorsorgemaßnahme ist letztlich, räumliche und zeitliche Veränderungen genetischer Strukturen von Waldbaum- und Strauchgehölzpopulationen dahingehend zu erfassen, dass all die Mechanismen, welche der Erzeugung, Bewahrung und Modifikation genetischer Variation sowie ihrer Weitergabe an die nächste Generation dienen, geschützt werden können. Allerdings sind für ein genetisches Monitoring noch die entsprechenden Grundlagen zu entwickeln. Diesbezügliche Aktivitäten erfolgen derzeit in der *ad hoc*-Gruppe „Genetisches Monitoring“ der BLAG „Erhaltung forstlicher Genressourcen“.

Erste Untersuchungen zum genetischen Monitoring waren 1998 in Rheinland-Pfalz im Naturwaldreservat (NWR) Himbeerberg und dessen bewirtschaftetem Vergleichsbestand eingeleitet worden. In den jeweiligen Kernflächen wurden die dort stockenden Altbäume (Buche, Fichte) vollständig mittels Isoenzym-Genmarkern genetisch identifiziert; mit repräsentativ ausgewählten Probekreisen erfolgte Gleiches für die vorhandenen Buchen-Naturverjüngungsinseln.

Die nunmehr für Buche abgeschlossene Grundaufnahme macht deutlich, dass sich Naturwaldreservat und Vergleichsbestand hinsichtlich ihrer genetischen Strukturierung sehr ähnlich sind. Unter den Altbäumen aufgelaufene NV-Pflanzen spiegeln eine deutliche Verwandtschaft mit dem darüber oder in unmittelbarer Nachbarschaft stockenden Altbaum wider. Allerdings unterscheiden sich die Naturverjüngungsinseln recht deutlich voneinander, so dass es in Teilbereichen zu ausgeprägten Familienstrukturen kommt.

Es wird zu beobachten sein, welche Genotypen sich mit der Zeit durchsetzen können.

Ausgewählte Literaturhinweise / selected references:

- ANONYMUS (2003):** Naturwaldreservate – „Urwald“ in Deutschland. (AID-Infodienst Bonn, Hrsg.), Heft 1473/2003, ISBN 3-8308-0388-5, 66 Seiten.
- BALCAR, P. [HRSG.] (1996):** Naturwaldreservate in Rheinland-Pfalz: Erste Ergebnisse aus dem Naturwaldreservat Rotenberghang im Forstamt Landstuhl. Mitteilungen aus der Forstlichen Versuchsanstalt Rheinland-Pfalz, Nr. 38/96, 169 Seiten+ 7 Seiten Anhang.
- MAURER, W.D.; TABEL, U.; HOSIUS, B. & LEINEMANN, L. (2001):** Einleitung eines genetischen Langzeitmonitorings in Rheinland-Pfalz am Beispiel der Buche (*Fagus sylvatica* L.). In: Nachhaltige Nutzung forstgenetischer Ressourcen [Sächsische Landesanstalt für Forsten (LAF), Hrsg.]. Proceedings zur 24. Internationalen Tagung der Arbeitsgemeinschaft Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung am 14.–16.3.2000 in Pirna, S.132-144.

Possibilities of conserving genetic resources and genetic monitoring in nature forest reserves

PATRICIA BALCAR & WERNER D. MAURER

Keywords: Nature forest reserve, special investigations, Himbeerberg, beech, *Fagus sylvatica*, Norway spruce, *Picea abies*, forest gene conservation, genetic monitoring

Nature forest reserves are selected forest areas which are excepted from any utilization, remain uninfluenced in their natural development and will become the so called "virgin forests of tomorrow". The main objectives of the systems being governed exclusively by their inherent dynamics and/or by chance, is to observe and to study them in relation to forests in which management is further proceeding. The knowledge gained from this comparison will support close-to-nature silvicultural methods as well as those of nature protection in the forest in their further evolution. By consequently protecting naturally passing processes, nature protection is supported immediately, too.

Since virgin forests are absent in Europe the nature forest reserves which have been established in part for three decades in Rhineland-Palatinate systematically and representatively, are of specific importance. The value of these areas rises with the increase in their age from the moment when they were taken out of management and by continuing to carry out scientifically based studies according to standardized programmes in time series. Studies on forest structures of the living large timber, the natural regeneration, and the deadwood as well as those concerning the site are included in the standard program. and They count at the same time as the base for special studies, as data for the habitats for flora and fauna.

It is accepted that ecosystemological self-organization, as compared to management, does not only influence in general forest structures, species composition, and processes, but also the genetic "organisation" and its temporal changes within populations. For this reason genetic studies are also included in the program of special investigations in Rhineland-Palatinian nature forest reserves.

In the revised version of the "Concept of the Conservation and Sustainable Utilization of Forest Genetic Resources of the Federal Republic of Germany" in the year 2000 the demands of the "Convention of Biological Diversity (CBD)" for controlling the evolution of genetic diversity by means of a genetic (long term) monitoring in future are considered.

The essential aim of such a measure of provision for the future is to measure spatial and temporal changes of genetic structures of forest tree and woody shrub populations in order to be able to protect all the mechanisms which serve the creation, the maintenance, and the modification of genetic variations as well as the passing over to the

succeeding generation. However, the specific fundamentals have still to be developed for a genetic monitoring. Such activities are being carried out at present by the *expert group "Genetic Monitoring" of the BLAG "Conservation of Forest Genetic Resources"*.

First studies concerning genetic monitoring were initiated in the year 1998 in Rhineland-Palatinate in the nature forest reserve Himbeerberg and the appendant managed comparative stand. In each core plot all mature trees (beech, Norway spruce) were identified genetically by applying isozyme gene markers. The same procedure was carried out for the beech rejuvenation by selecting representatively sample circle.

On the basis of the results obtained by the basic inventory for beech it becomes evident that the nature forest reserve and the comparative managed stand resample each other by their genetic structures. Young beech plants growing under the mature trees reflect a clear relationship to the old trees which grow directly above them or in immediate neighbourhood. However the isles of natural rejuvenation differ from each other significantly, thus revealing family structures in sections of the plot.

Further observations will make clear which genotypes will be successful in future.

Selected references: *cf. page 180*

Vorangehende Seiten 178/179:

Ausstellungsposter (Original in Farbe); oberer Posterteil links, unterer Teil rechts

Pages overleaf 178/179:

**Poster (originally exhibited as colour printing);
top part of the poster on the left side, bottom part on the right side**

Addresses of the authors:

DR. PATRICIA BALCAR

SGD Süd, Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz,
Abt. Waldökologie und Wildökologie
Schloss, D-67705 Trippstadt

e-mail: patricia.balcar@wald-rlp.de

DR. WERNER D. MAURER

SGD Süd, Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz,
Abt. Genressourcen und Forstpflanzenerzeugung
Schloss, D-67705 Trippstadt

e-mail: werner.maurer@wald-rlp.de

Berücksichtigung genetischer Aspekte im Waldbau am Beispiel der Buche (*Fagus sylvatica*)

EVA CREMER, HENDRIK RUMPF, WILFRIED STEINER & WERNER D. MAURER

Keywords: Beech, *Fagus sylvatica*, isozymes, silvicultural treatments, thinning simulations

Abstract

Title of the paper: Considering genetic aspects in silvicultural management exemplarily for European beech (*Fagus sylvatica*).

The present study reports on a genetic comparison of experimental plots under different silvicultural treatments with a plot without any treatment. The objective was to quantify the impact of different types of thinning on the genetic structures of beech populations.

It turned out that genotypes are not necessarily randomly distributed within a block. Thus, obtained differences in genetic structures cannot be explained solely as a consequence of silvicultural treatments. Therefore, the genetic effects of thinning are determined by means of simulations in one and the same plot. Within the simulations, the group of future trees was compared to the trees that would have been harvested in the case of thinning to quantify the effects on the genetic structure of the populations. Moreover, the comparison of different thinning intensity levels performed simultaneously allowed the conclusion of possible different effects as a consequence of different thinning intensities.

The results show that beech populations seem not to be affected by single thinning activities. Furthermore, there is no tendency of a reduced genetic variation with a more intensive thinning. Starting from the point that thinning activities are carried out regularly, over several decades, a reduction of the genetic variation cannot completely be excluded.

Schlagwörter: Buche, *Fagus sylvatica*, isozyme, waldbauliche Eingriffe, Durchforstungssimulationen

Zusammenfassung

In der vorliegenden Untersuchung wurden waldbaulich jeweils unterschiedlich behandelte Parzellen und eine Nullparzelle ohne Behandlung im Hinblick auf ihre genetischen Strukturen miteinander verglichen. Ziel dabei war es, die Auswirkungen von verschiedenen Durchforstungsmaßnahmen auf die genetischen Strukturen von Buchenbeständen zu quantifizieren.

Es hat sich gezeigt, dass Genotypen nicht zwangsläufig zufallsverteilt, sondern geklumpt vorkommen. Die beobachteten genetischen Unterschiede (zwischen behandelten und unbehandelten Parzellen) können deshalb nicht ausschließlich auf die Art und Stärke der Durchforstungen zurückgeführt werden. Aus diesen Gründen wurde dazu übergegangen, die genetischen Effekte von Durchforstungen anhand von Simulationen auf einer Fläche (Nullparzelle) zu ermitteln.

Durch den genetischen Vergleich des Z-Baum-Kollektivs mit den Bäumen, die im Falle einer Durchforstung entnommen worden wären, lassen sich Auswirkungen der Hochdurchforstung auf die genetische Struktur des Bestandes ableiten. Anhand des parallel durchgeführten Vergleich von drei

verschiedenen Durchforstungsgraden lassen sich darüber hinaus Schlussfolgerungen auf die möglicherweise unterschiedlichen Auswirkungen verschiedener Eingriffsstärken ziehen.

Nach den Ergebnissen scheinen einmalige Durchforstungseingriffe keine wesentliche Verlustgefahr für bestimmte Allele darzustellen. Zudem ist kein Trend dahingehend zu erkennen, dass mit Zunahme der Durchforstungsstärke die genetische Variation wesentlich geringer wird. Geht man allerdings von regelmäßigen, immer wiederkehrenden Durchforstungsmaßnahmen aus und bedenkt man dabei einen Zeitraum von mehreren Jahrzehnten, kann aufgrund dieser Ergebnisse nicht völlig ausgeschlossen werden, dass es zu einer Einengung der genetischen Variation kommen kann.

1 Einleitung

Ein waldbaulicher Eingriff stellt grundsätzlich eine Selektion dar, durch den gezielt bestimmte Phänotypen von Bäumen aus einer Bestandespopulation entnommen werden, *à priori* damit jedoch auch nicht bekannte Genotypen. Es ist davon auszugehen, dass Selektionskriterien wie Vitalität, Wuchsleistung oder Qualität an genetische Strukturen gebunden sind und dass Selektionen damit letztlich gerichtet verlaufen. Allerdings ist bis jetzt noch sehr wenig darüber bekannt, ob und wie sich waldbauliche Eingriffe auf die genetischen Strukturen der Waldbaum-Populationen auswirken.

Vor diesem Hintergrund soll im Rahmen des DBU-Projekts „*Berücksichtigung genetischer Aspekte im Waldbau – Durchforstungsempfehlungen für die Praxis*“ am Beispiel einiger ausgewählter Buchenbestände ein Einblick in mögliche Auswirkungen auf die genetische Bestandesstruktur infolge unterschiedlicher Eingriffsstärken erhalten werden. Ein Teil der Versuchsergebnisse ist im Folgenden zusammengestellt und wird diskutiert.

2 Untersuchungsmaterial und Methoden

Für die vier ertragskundlichen Versuchsflächen Unterlüss (Wuchsgebiet [WG] Ostniedersächsisches Flachland, Wuchsbezirk [WB] Südheide) und Uslar (WG Südniedersächsisches Bergland, WB Solling) in den niedersächsischen Forstämtern sowie in Rheinland-Pfalz in den Forstämtern Mayen (WG Osteifel, WB Östliche Hocheifel) und Winnweiler (WG Saar-Nahe-Berg- und -Hügelland, WB Glan-Alsenz-Berg- und Hügelland) wurden jeweils waldbaulich unterschiedlich behandelte Versuchspartzellen und eine Nullpartzelle ohne Behandlung im Hinblick auf ihre genetischen Strukturen miteinander verglichen.

Für die genetischen Untersuchungen wurden Isoenzym-Genmarker analysiert, die entsprechenden Enzyme wurden hierzu einzelbaumweise aus Blattruheknospen isoliert und mittels Stärkegelelektrophorese aufgetrennt. Im Rahmen einer genetischen Vollaufnahme wurden so mit Hilfe des Isoenzymanalyseverfahrens die Genotypen aller Buchen einer jeder Versuchspartzelle an den 10 polymorphen Genorten AAT-B,

ADH-A, IDH-A, LAP-A, MDH-A und MDH-B, MNR-A, PGI-B, PGM-A und 6PGDH-A bestimmt (vgl. hierzu MÜLLER-STARCK & STARKE 1993).

3 Ergebnisse und Diskussion

Die Ergebnisse des genetischen Vergleichs der waldbaulich unterschiedlich behandelten Versuchspartzen mit der jeweiligen nicht behandelten Nullpartze zeigen, dass bestimmte Genotypen nicht unbedingt zufallsverteilt, sondern eher geklumpt vorkommen. Deshalb scheint ein Flächenvergleich nebeneinander liegender Versuchspartzen mit unterschiedlich starken Durchforstungsintensitäten im genetischen Sinne nicht eindeutig zielführend zu sein. Wegen vorwiegend maternaler Klumpungseffekte sind die errechneten genetischen Unterschiede zwischen den Partzen sehr wahrscheinlich auf vor Versuchsanlage bestehende Unterschiede und weniger auf die Art und Stärke von Durchforstungen zurückzuführen. Träger seltener Allele sind Klumpungsinitiale, d.h. potenzielle Ausgangspunkte für zukünftige Klumpungen, wobei besonders homozygote Individuen starke Klumpungen in der Nachkommenschaft verursachen (SCHÜTE & RUMPF 2003). Aus diesen Gründen wurde dazu übergegangen, die genetischen Effekte von Durchforstungsmaßnahmen anhand von Simulationen auf der jeweiligen Nullpartze zu ermitteln, um so mögliche Auswirkungen einer Auslesedurchforstung auf die genetischen Strukturen des Bestandes erkennen zu können.

Im Rahmen der Durchforstungssimulationen wurden die im Folgenden dargestellten genetischen Merkmale des Kollektivs „Z-Bäume“ (Kollektiv A) mit den genetischen Merkmalen der Bäume, die im Falle einer realistischen Durchforstung entnommen worden wären, verglichen. Anhand des parallel durchgeführten Vergleichs von drei verschiedenen Durchforstungsgraden (mäßig, stark und sehr stark) lassen sich darüber hinaus Schlußfolgerungen auf die möglicherweise unterschiedlichen Auswirkungen verschiedener Eingriffstärken ableiten. Für den Vergleich wurden deshalb weitere drei Kollektive gebildet: (i) Kollektiv B: Entnahmebäume bei mäßiger Durchforstung; (ii) Kollektiv C: Entnahmebäume bei starker Durchforstung und (iii) Kollektiv D: Entnahmebäume bei sehr starker Durchforstung.

In den Entnahmekollektiven ist die Anzahl der Allele über alle vier Versuchsflächen geringfügig höher bzw. identisch im Vergleich zu dem Z-Baum-Kollektiv (Ausnahme: Entnahmekollektive B bei mäßiger Durchforstung der Flächen Mayen und Winnweiler) (Abb. 1). Bei den Allelen, die in den Entnahmekollektiven, nicht aber in dem jeweiligen Z-Baum-Kollektiv vorhanden sind, handelt es sich vorwiegend um seltene Allele. Da das Z-Baum-Kollektiv jeweils kleiner ist als die Entnahmekollektive, kann ein Stichprobeneffekt hier nicht ausgeschlossen werden.

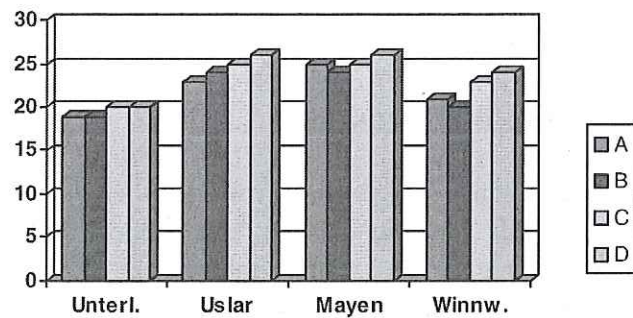


Abb. 1: Anzahl der Allele in den vier Kollektiven der vier Versuchsflächen.

Fig. 1: Number of alleles as found in the four sample populations of the four experimental plots.

Bezogen auf die genetische Diversität konnte beobachtet werden, dass die Werte in den Entnahmekollektiven durchweg höher sind (Ausnahme: Entnahmekollektive nach mäßiger und starker Durchforstung, Versuchsfläche Winnweiler), wobei auf drei der vier Flächen das Entnahmekollektiv bei mäßiger Durchforstung die höchsten Diversitätswerte aufweist (Abb. 2).

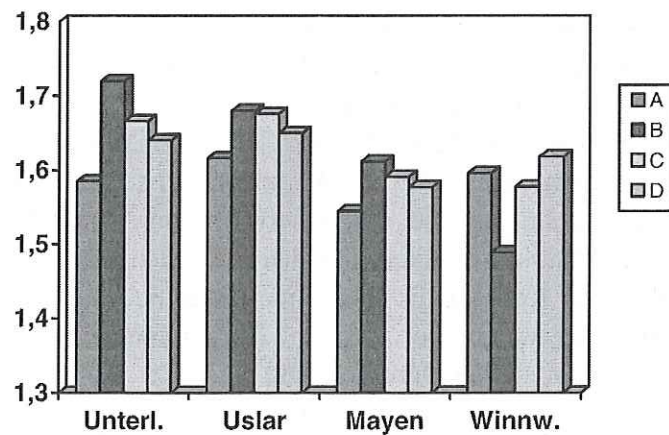


Abb. 2: Genetische Diversität für die vier Kollektive der vier Versuchsflächen.

Fig. 2: Genetic diversities as calculated in the four sample populations of the four experimental plots.

Die paarweise errechneten allelischen Abstände (Genpoolwerte zwischen 4,6% und 10,7%) und genotypischen Abstände (Genpoolwerte 10,1% und 16,8%) zeigen relativ große Unterschiede in den genetischen Strukturen zwischen den Bäumen, die bei einer

realistischen Durchforstung entnommen worden wären, und den Z-Bäumen auf (Tab. 1).

Allerdings geben die Ergebnisse des G-Homogenitätstests an, dass diese Unterschiede an keinem einzelnen Genort statistisch signifikant sind, d.h. dass sie ähnliche genetische Strukturen aufweisen.

Tab. 1: Paarweiser genetischer Abstand (Genpoolwerte) zwischen den Kollektiven in %.
Genetic distances (gene pool values) calculated pairwise between the sample populations in %.

<i>Genetischer Abstand</i>						
<i>Bestand</i>	<i>Allele</i>			<i>Genotypen</i>		
	<i>A - B</i>	<i>A - C</i>	<i>A - D</i>	<i>A - B</i>	<i>A - C</i>	<i>A - D</i>
Untertlöss	9,3	5,6	6,3	16,3	12,8	13,8
Uslar	8,2	7,5	6,6	15,2	15,0	13,5
Mayen	7,6	5,8	4,6	15,3	12,8	11,1
Winnweiler	10,7	9,0	6,4	16,8	13,8	10,1

Aus den Ergebnissen kann gefolgert werden, dass ein einmaliger Durchforstungseingriff hinsichtlich der untersuchten Genorte keine wesentliche Verlustgefahr für bestimmte Allele mit sich bringt und es demzufolge zu keiner Einengung der genetischen Variation für die untersuchten Buchenpopulationen gekommen wäre. Zudem ist kein Trend dahingehend zu erkennen, dass mit Zunahme der Durchforstungsstärke die genetische Variation wesentlich geringer wird. Übereinstimmend mit diesen Ergebnissen stellten auch KONNERT & SPIECKER (1996), LAUBER *et al.* (1997) sowie JANSSEN & NOWAK (2001) keine negativen Einflüsse von waldbaulichen Eingriffen auf die genetischen Strukturen der von ihnen untersuchten Buchenpopulationen fest.

Bedenkt man allerdings einen Zeitraum von mehreren Jahrzehnten, und geht man dabei von kontinuierlich durchgeführten, immer wiederkehrenden Durchforstungsmaßnahmen aus, kann aufgrund dieser Ergebnisse nicht völlig ausgeschlossen werden, dass es zu einer Einengung der genetischen Variation dann kommen kann, wenn bestimmte Allele in den Entnahmekollektiven immer wieder mit einer größeren Häufigkeit vorhanden sind als im Z-Baum-Kollektiv.

Danksagung

Ganz herzlich gedankt sei CHRISTIAN GEROLD und DANIELA KAUFMANN für die Unterstützung bei der Durchführung der Laborarbeiten sowie LUDGER LEINEMANN und BERNHARD HOSIUS für die Gewinnung des Versuchsmaterials. Die Untersuchung wurde durch finanzielle Mittel der Deutschen Bundesstiftung Umwelt Osnabrück (DBU) ermöglicht.

4 Literaturverzeichnis

- JANSSEN, A. & NOWAK, S. (2001): Können Durchforstungen die genetische Struktur von Buchenbeständen beeinflussen? *AFZ/Der Wald*, 12, S.614–615.
- KONNERT, M. & SPIECKER, H. (1996): Beeinflussen Nutzungen einzelner Bäume die genetische Struktur von Beständen? *AFZ/Der Wald*, 23, S.1284-1291.
- LAUBER, U.; ROTACH, P. & HUSSENDÖRFER, E. (1997): Auswirkungen waldbaulicher Eingriffe auf die genetische Struktur eines Buchen-Jungbestandes (*Fagus sylvatica* L.). *Schweizerische Zeitschrift für das Forstwesen*, 148(11), S.847-862.
- MÜLLER-STARCK, G. & STARKE, R. (1993): Genetic control and inheritance of isoenzymes in beech (*Fagus sylvatica* L.). *Journal of Heredity*, 84, pp.291-296.
- SCHÜTE, G. & RUMPF, H. (2003): Untersuchung waldbaulicher Einflüsse auf die genetische Struktur naturverjüngter Buchenbestände (*Fagus sylvatica* L.). *Forstarchiv*, 74, S.90-96.

Anschriften der Autoren:

EVA CREMER, DR. HENDRIK RUMPF & DR. WILFRIED STEINER
Niedersächsische Forstliche Versuchsanstalt (NFV), Abt. Waldgenressourcen
Forstamtsstrasse 6,
D-34355 Staufenberg-Escherode
e-mail: eva.cremer@nfv.gwdg.de
 hendrik.rumpf@nfv.gwdg.de
 wilfried.steiner@nfv.gwdg.de

DR. WERNER D. MAURER
SGD Süd, Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz,
Abt. Genressourcen und Forstpflanzenerzeugung
Schloss,
D-67705 Trippstadt
e-mail: werner.maurer@wald-rlp.de

Genetische Diversität der Buche (*Fagus sylvatica* L.) im hessischen Staatswald

KARL GEBHARDT

Keywords: Genetic diversity, fingerprints, isozyme gene markers,
management effects

Abstract

Title of the paper: Genetic diversity of the state owned beech (*Fagus sylvatica* L.) forest in Hesse.

When using PCR based techniques of DNA analytics so-called genetic fingerprints can be generated which prove that individual trees of a beech stand can be differentiated with respect to the existence of numerous polymorphic ISSR gene loci (inter simple sequence repeats).

Investigations on the effect of different management types on genetic diversity show that on the intensively managed stands of the state forest in comparison with unmanaged neighbouring stands, increased heterozygosity of a magnitude of 4,4 (Forest District Wehretal) and 4,7% (Forest District Witzenhausen, Niestehänge region), and no reduction of the genetic diversity can be observed. A total of 1.678 mature beeches was included into this comparative study. For each individual beech tree nine isozyme gene loci (LAP-A, GOT-B, PGI-A, PGM-A, 6PGDH-A, SKDH-A, IDH-A, MNR-A, MDH-C) were investigated.

Schlagwörter: Genetische Diversität, Fingerabdrücke, Isoenzym-Genmarker,
Bewirtschaftung

Zusammenfassung

Mit PCR-basierten Techniken der DNA-Analytik gelingt es, sogenannte genetische Fingerabdrücke zu erzeugen, die belegen, dass sich einzelne Individuen in einem Buchenbestand an zahlreichen ISSR-Genorten (Inter-Simple Sequenz Repeats) unterscheiden lassen.

Untersuchungen zum Einfluss der Wirtschaftsweise auf die genetische Diversität zeigen, dass auf den intensiv bewirtschafteten Flächen des Staatswaldes im FA Wehretal und im FA Witzenhausen (Bereich Niestehänge) im Vergleich zu nicht bewirtschafteten benachbarten Flächen eine um 4,4% bzw. 4,7% gesteigerte Heterozygotie und kein Abfall der genetischen Diversität gegeben ist. In den Vergleich wurden insgesamt 1.678 Altbuchen einbezogen. Für jedes Individuum wurden neun Isoenzym-Genorte (LAP-A, GOT-B, PGI-A, PGM-A, 6PGDH-A, SKDH-A, IDH-A, MNR-A, MDH-C) analysiert.

1 Einleitung

Bereits 3000 bis 2500 v. Chr. kann nach FIRBAS (1949) von einem geschlossenen Buchenwald auf dem Gebiet des heutigen Hessen ausgegangen werden. Über 20 bis 30 Generationen hinweg hat sich somit eine Anpassung der Baumart an verschiedene standörtliche Bedingungen und anthropogene Behandlungen vollzogen und die heute

Mitteilungen aus der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Nr. 52/04, S.189-196.

gegebene genetische Struktur herausgebildet. Diese genetische Struktur ist die biologische Grundlage des Waldwachstums und der Funktionsfähigkeit des gesamten Ökosystems (Bioms). Genetische Strukturen finden sich in den verschiedenen Trägern des Erbgutes und ändern sich unter dem Einfluss zahlreicher Faktoren (SCHELTER & KRABEL 2002). Das riesige Genom der Waldbäume und die Vielzahl der unterschiedlichen Individuen erfordert die Beschränkung der Analytik auf wenige Genorte und repräsentative Stichproben.

2 Material und Methoden

2.1 ISSR-Fingerprints

Es wurden Winterknospen von 33jährigen Buchen eines Durchforstungsversuches (Nullparzelle 5) im FA Schotten Abt. 393/395 geworben. Die Knospen einjähriger Triebe wurden nach dem Entfernen der Knospenschuppen bei -45 °C tiefgefroren. Nach einer Acetonextraktion und Pulverisierung der Knospen (Schwingmühle Retsch) wurde genomische DNA mit Hilfe des DNeasyTM Mini Kits der Fa. Qiagen (Hilden, Deutschland) extrahiert. Für die Amplifikation der Ziel-DNA wurden Reaktionsansätze mit einem Taq-PCR-Mastermix (Qiagen No. 201445) hergestellt. Bei einem Gesamtvolumen von $30\text{ }\mu\text{l}$ wurden $15\text{ }\mu\text{l}$ Mastermix, 20 pmol Primer und $10\text{--}15\text{ ng}$ DNA eingesetzt. Der verwendete ISSR-Primer-810 (NAPS Unit, University of British Columbia) wurde von der Fa. Carl Roth (Karlsruhe) synthetisiert [Sequenz: 5' > GAG AGA GAG AGA GAG AT < 3'].

Die Amplifikation erfolgte in einem Thermocycler (Perkin Elmer 2400) nach 3minütigem Start bei 95 °C mit 35 Zyklen: (i) 94 °C für 1 min; (ii) 35 °C für 1 min; (iii) 72 °C für 2 min sowie nach dem letzten Zyklus 72 °C für 10 min.

Die DNA-Fragmente wurden in einem 8%igen Polyacrylamidgel elektrophoretisch getrennt [Puffer: 1x TBE (90 mmol l^{-1} Tris-Borat, pH 8.0, 2 mmol l^{-1} EDTA)]. Die Visualisierung der DNA-Fragmente erfolgte mit SYBR-Gold-Stain (MoBiTec). Als Standard diente eine DNA-Leiter ($1000\text{--}100\text{ bp}$) mit Abständen von 100 Basenpaaren.

2.2 Isoenzymanalysen

Für die Untersuchungen wurden Buchenwaldkomplexe in den hessischen Forstämtern Wehretal und Witzenhausen (Bereich Niestehänge) einbezogen. Die Bestände stocken auf mäßig geneigten Nordhängen in einer Höhe von $340\text{--}500\text{ m ü.NN}$. Das Ausgangsgestein ist Muschelkalk im FA Wehretal bzw. Buntsandstein im FA Witzenhausen. Die vorherrschende natürliche Waldgesellschaft im Naturwaldreservat (NWR) Niestehänge ist der artenarme montane Hainsimsen-Buchenwald. Auf jeweils vier Hektar wurden sowohl in der Kernzone des NWRs als auch in einem benachbarten bewirtschafteten Bestand Altbuchen (>120jährig) ausgewählt. Die Auswahl der Bestände im FA Wehretal ist von JANSSEN & SCHULZ (2002) beschrieben. Hier fand

sich ein Staatswaldbestand der Ertragsklasse 1.5 und ein nichtdurchforsteter Privatwaldbereich mit einem höheren Anteil drehwüchsiger oder zwieseliger Bäume als auch mit insgesamt deutlich niedrigeren Kronenansatzhöhen (Staatswald: 15,5 m, Privatwald 8,2 m).

Für die Bestimmung genetischer Strukturen wurden von insgesamt 1.678 Altbuchen Knospen geworben. Für jedes Individuum wurden die von MÜLLER-STARCK & STARKE (1993) beschriebenen neun Isoenzym-Genorte LAP-A (Leucinaminopeptidase, EC 3.4.11.1); GOT-B *syn.* AAT-B (Glutamat-Oxalacetat-Transaminase *syn.* Aspartat-Aminotransferase, EC 2.6.1.1); PGI-A (Phosphoglucose-Isomerase, EC 5.3.1.9); PGM-A Phosphoglucomutase, EC 2.7.5.1); 6PGDH-A (6-Phosphogluconatdehydrogenase, EC 1.1.1.44); SKDH-A (Shikimatdehydrogenase, EC 1.1.1.25); IDH-A (Isocitratdehydrogenase, EC 1.1.1.42); MNR-A *syn.* DIA-A (Menadionreduktase, EC 1.6.99.2 *syn.* Diaphorase, EC 1.6.4.3) und MDH-C (Malatdehydrogenase, EC 1.1.1.37) mit Hilfe der Stärkegelelektrophorese (Toronto-Stärke) analysiert.

Die Herstellung der Extrakte, die verwendeten Puffersysteme, Färbe- und Elektrophorese-Techniken sind bei JANSSEN (2000) beschrieben. Die Berechnung der Maßzahlen für genetische Variation erfolgte mit Hilfe der Statistikprogramme GSED (GILLET 1994) und Popgene (YEH *et al.* 1997).

3 Ergebnisse und Diskussion

3.1 ISSR-Fingerprints

Mit den jüngst entwickelten Techniken der DNA-Analytik (PCR, DNA-Polymeraseketten-reaktion), siehe auch TROGGIO *et al.* (1996), gelingt es, so genannte genetische Fingerabdrücke zu erzeugen, die belegen, dass sich einzelne Individuen in einem Buchenbestand an zahlreichen Genorten (ISSR) unterscheiden lassen. Bei den 24 untersuchten Individuen eines Bestandes (siehe Abb. 1) zeigten sich im Bereich von 1.000 bis 300 bp ca. 16 gut unterscheidbare Amplifikationsprodukte, die sich in nur zwei Fällen als monomorph erwiesen. Mit den verbleibenden 14 polymorphen Banden ist eine individuelle Unterscheidung möglich. Sieben weitere von TROGGIO *et al.* (1996), beschriebene ISSR-Primer erweitern das Spektrum der generierbaren DNA-Fragmente um ein Vielfaches. Da die ISSR-Fragmente sowohl einem codominanten als auch einem dominanten Erbgang folgen können, bedarf es einer eingehenden genetischen Analyse, um die genetische Information für weitergehende populationsgenetische Untersuchungen nutzen zu können.

3.2 Isoenzymuntersuchungen

Die von SANDER *et al.* (2000) beschriebenen molekulargenetischen Erhebungen in 13 hessischen Buchenbeständen aus 12 Wuchsgebieten zeigen an den untersuchten Genorten AAT-C (GOT), LAP-A und IDH-A eine geringe Variation der effektiven

Allelfrequenzen (N_e , siehe HARTL & CLARK 1989) zwischen Beständen, jedoch eine ausgeprägte Subpopulationsdifferenzierung (D_j) bzw. Variation einzelner Genorte innerhalb der Bestände.

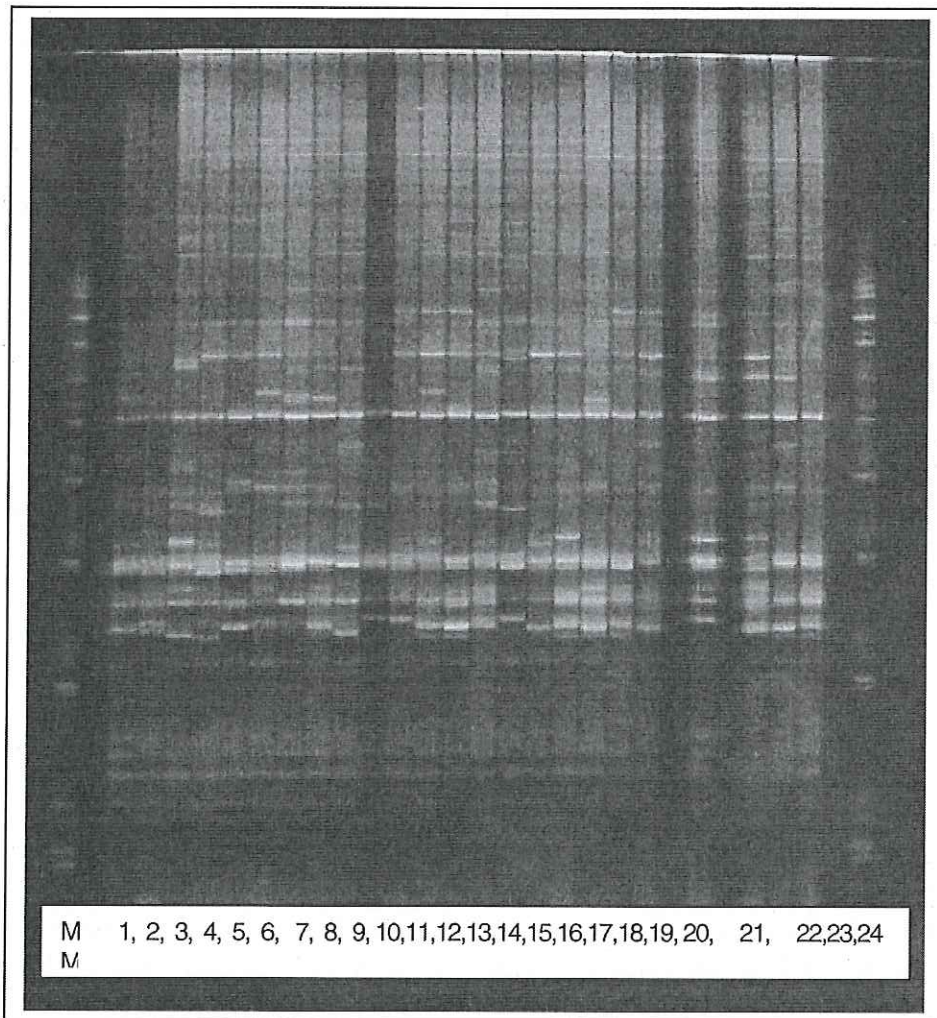


Abb. 1: Fingerprints von 24 Altbuchen eines Durchforstungsversuches im hessischen Forstamt Schotten. Der links und rechts aufgetragene DNA-Marker (M) zeigt zusätzliche, denaturierte Fragmente.

Fig. 1: Fingerprints of 24 adult beeches growing within a thinning plot located in the Hessian forest district Schotten. The marker lanes (M) on the left and right hand sites exhibit additional denatured fragments.

Dieser Befund bestätigte sich bei den Untersuchungen der unterschiedlich bewirtschafteten Buchenbestände des Forstamtes Wehretal [Privat- (WT-Privat) und Staatswald (WT-Staat)] und des Forstamtes Witzenhausen [NWR Niestehänge (NWR-Nieste) sowie Vergleichsfläche Niestehänge (Vgl-Nieste)] für alle untersuchten Genorte, siehe auch Abb. 2 und Abb. 3. Auf die Darstellung des Genortes LAP-A

(NWR-Nieste: $N_e = 3,98$; $D_j = 0,196$; Vgl-Nieste: $N_e = 3,19$; $D_j = 0,094$; WT-Staat: $N_e = 3,01$; $D_j = 0,085$; WT-Privat: $N_e = 2,99$; $D_j = 0,092$) wurde zugunsten der Proportionalität verzichtet.

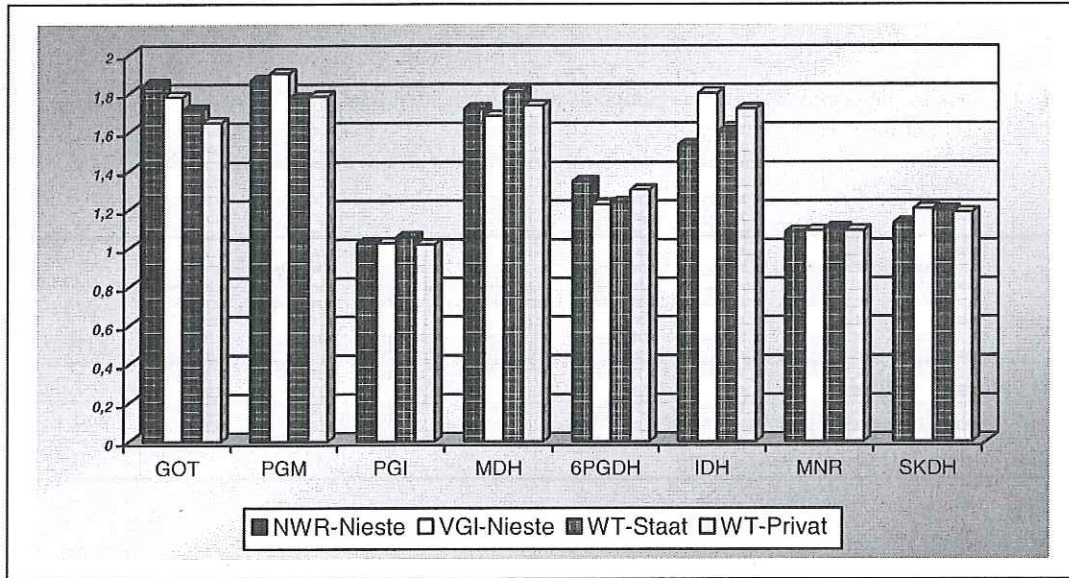


Abb. 2: Ähnlichkeit der Allelfrequenzen (N_e) zwischen den untersuchten Beständen.

Fig. 2: *Similar allelic frequencies (N_e) between the investigated stands.*

Für die Genorte GOT-B, IDH-A, SKDH-A und LAP-A wurde jeweils im NWR Niestehänge die höchste Subpopulationsdifferenzierung ermittelt.

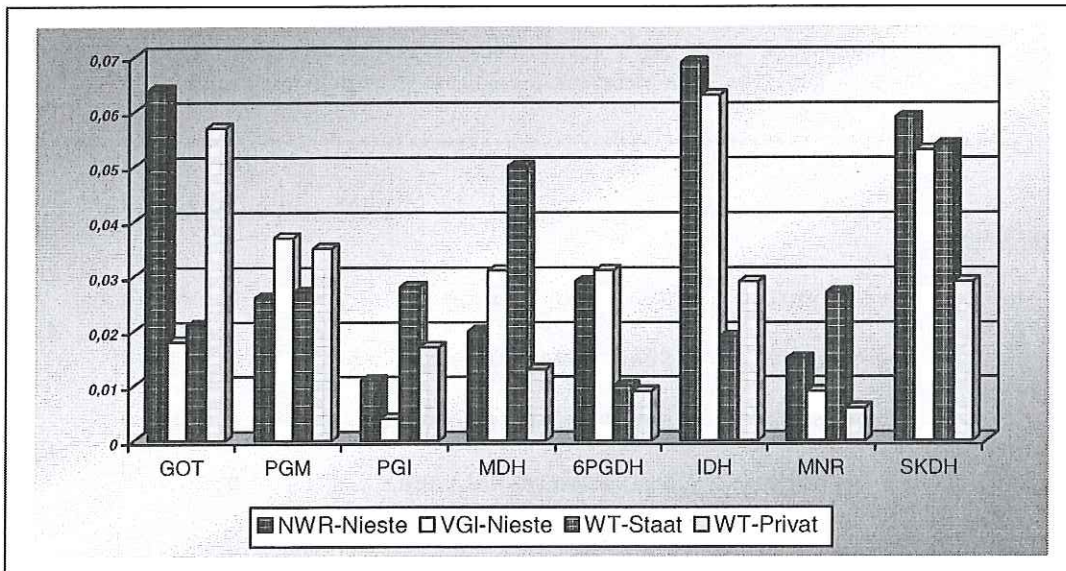


Abb. 3: Unterschiedliche Subpopulationsdifferenzierung (D_j) zwischen den Beständen.

Fig. 3: *Differing subpopulation differentiation (D_j) between the stands.*

Die Maßzahlen für die Genpooldiversität der identifizierten Einzellocus-Genotypen erwiesen sich als relativ ähnlich zwischen allen untersuchten Beständen (siehe Tab: 1). Einzig die höchste hypothetische gametische Diversität des NWR Niestehänge ($V_{gam} = 65,1$) verweist auf das beste Bildungsvermögen neuer Genotypen in diesem Bestand.

Tab. 1: Maßzahlen der Variation des Genpools der untersuchten Bestände, berechnet mit GSED (GILLET 1994).
Measures of gene pool variation of the investigated stands as calculated with GSED (GILLET 1994).

genetische Parameter	Kurzform	Bestände			
		NWR-Nieste	VGI-Nieste	WT-Staat	WT-Privat
Genpool-Diversität	V	1,491	1,496	1,51	1,475
hypothetische gametische Diversität	V_{gam}	65,1	59,1	58,6	49,1
Gesamtpopulationsdifferenzierung	δT	0,33	0,332	0,338	0,323

Wie von JANSSEN & SCHULZ (2002) für die Flächen im FA Wehrteal beschrieben, ist auch auf den normal bewirtschafteten Flächen des Staatswaldes FA Witzenhausen (Bereich Niestehänge) im Vergleich zu der nichtbewirtschafteten Fläche des Naturwaldreservates eine gesteigerte Heterozygotie (4,4%) nachzuweisen (siehe Abb. 4).

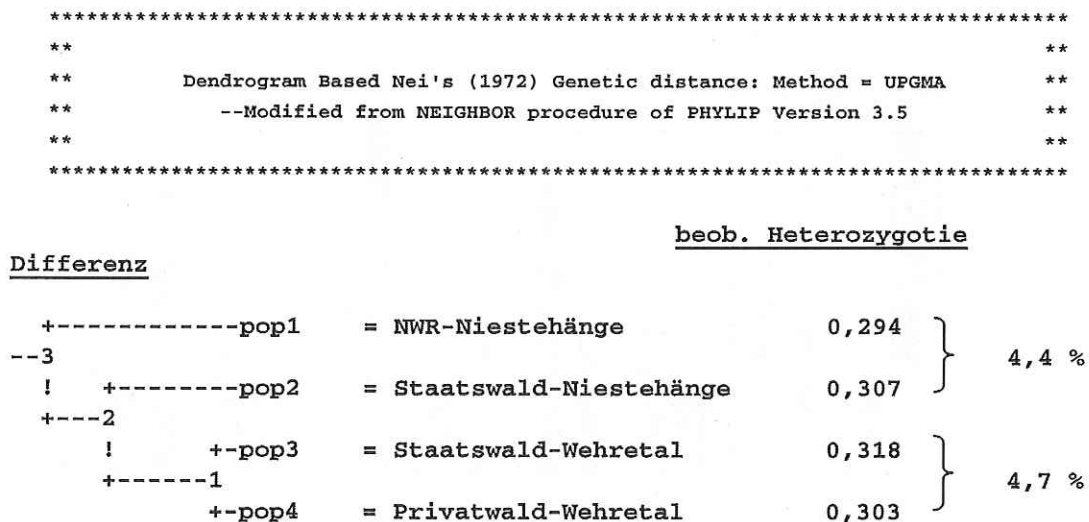


Abb. 4: UPGMA-Gruppierung (YEH *et al.* 1997) und Maßzahl der beobachteten Heterozygotie.
Fig. 4: UPGMA-Dendrogram (YEH *et al.* 1997) and degree of observed heterozygosity.

Auch eine Gruppierungsanalyse bezüglich des Genvorrats an allen untersuchten Genorten ermöglicht keine Unterscheidung der unterschiedlich bewirtschafteten Bestände im Forstamt Wehretal (Abb. 4).

4 Schlussfolgerung

Im Vergleich zu den von KONNERT *et. al.* (2000) beschriebenen Buchen-Altbeständen verschiedener deutscher Bundesländer zeigten sich in den untersuchten Beständen die für Hessen typischen relativ niedrigen Werte der Genpool-Diversität. Da diese Bestände dem Zentrum einer ökologischen Grundeinheit mit ähnlichen Umweltbedingungen zuzuordnen sind, ist anders als an den Rändern der Population ein geringerer Selektionsdruck und geringere Diversität zu erwarten. Die deutliche Subpopulationsdifferenzierung spricht für die Ausprägung von Familienstrukturen innerhalb der Bestände. Die beobachtete Veränderung genetischer Strukturen in bewirtschafteten Beständen war im Vergleich zur Nichtbewirtschaftung gering und führte zu einem etwas höheren Grad der Mischerbigkeit bei gleicher oder leicht erhöhter Genpool-Diversität.

5 Literaturverzeichnis

- FIRBAS, F. (1949, 1952): Waldgeschichte Mitteleuropas. Gustav Fischer Verlag, Jena.
- GILLET, E. (1994): GSED – Genetic structures from electrophoresis data. User's Manual Version 1.0, Univ. Göttingen, 49 pages.
- HARTL, D.L. & CLARK, A.G. (1989): Principles of population genetics. 2nd ed. Sinauer Associates, Sunderland, MA (USA), 682 pages.
- JANSSEN, A. (2000): Der Einfluss von Ernteverfahren auf die genetische Struktur von Saatgut eines Buchenbestandes. Forschungsberichte der Hessischen Landesanstalt für Forsteinrichtung, Waldforschung und Waldökologie Hann. Münden, Band 27, 142 Seiten.
- JANSSEN, A. & NOWACK, S. (2001): Beeinflussen Durchforstungen die genetische Struktur von Buchenbeständen? *AFZ/Der Wald*, 56, pp.614-615.
- JANSSEN, A. & SCHULZ, R.-D. (2002): Einfluss der Bewirtschaftungsweise aufgrund unterschiedlicher Besitzart? *AFZ/Der Wald*, 24, pp.1272-1275.
- KONNERT, M.; ZIEHE, M.; TRÖBER, U.; MAURER, W.; JANSSEN, A.; SANDER, T.; HUSSENDÖRFER, E. & HERTEL, H. (2000): Genetische Variation der Buche (*Fagus sylvatica* L.) in Deutschland: Gemeinsame Auswertung genetischer Inventuren über verschiedene Bundesländer. *Forst und Holz*, 55, pp.403-408.
- MÜLLER-STARCK, G. & STARKE, R. (1993): Inheritance of isozymes in European beech (*Fagus sylvatica* L.). *Journal of Heredity*, 84, pp.291-296.

- NEI, M. (1972): Genetic distance between populations. *American Naturalist*, 106, pp.283-292.
- SANDER, T., ROTHE, G.M., WEISGERBER, H. & JANSSEN, A. (2001): Allelic and genotypic variation of 13 European beech (*Fagus sylvatica* L.) populations in Hesse, Germany. *Forest Genetics*, 8, pp.13-24.
- SCHELTER, D. & KRABEL, D. (2002): Genetische Charakterisierung von Laubholz-Naturverjüngung unter Fichten-Reinbeständen mittels molekulargenetischer Erhebungen. GWPG-Tagung am 6.-9. Oktober 2002, Hamburg, Posterbeitrag PS-1-13.
- TROGGIO, M.; DI MASSO, E.; LEONARDI, S.; CERONI, M.; BUCCI, G.; PIOVANI, P. & MENOZZI, P. (1996): Inheritance of RAPD and I-SSR markers and population parameters estimation in European beech (*Fagus sylvatica* L.). *Forest Genetics*, 3(4), pp.173-181.
- YEH, F.C.; BOYLE, T. & RONGCAI, Y. (1997): Popgene Version 1.2 – Microsoft Window-based software for population genetic analysis; Popgene – User's guide, 27 pages at website www.rr.ualberta.ca/research/.

Anschrift des Autors:

DR. KARL GEBHARDT

HESSEN-FORST, Servicestelle für Forsteinrichtung, Information, Versuchswesen (FIV)

Prof. Oelkers-Strasse 6

D-34346 Hann. Münden

e-mail: **GebhardtK@forst.hessen.de**

***cp*DNA haplotypes of oak populations in Brandenburg and Saxony (Germany)**

HEIKE HERTEL, UTE TRÖBER & RALF KÄTZEL

Keywords: Oak populations, *Quercus*, Brandenburg, Saxony, *cp*DNA haplotypes, lineages, relationships

Because of its maternal inheritance, *cp*DNA is suitable to describe geographic differentiation and variation between populations of broad-leaved tree species. Thus, in EC projects standard methods were established to characterise *cp*DNA haplotypes of European oak species. Several main *cp*DNA lineages were found in the genus *Quercus*, deriving from different major refugia during the last ice-age (lineage A from the Balkans, lineage B from the Iberian peninsula, lineage C from the Apennine (PETIT *et al.* 2002).

Larger sample sizes are necessary for a more detailed analysis of homogeneity or heterogeneity of populations in regions with crossed migration routes or with intensive forest management activities including seed transfers.

The plant material for this study was collected from 29 mature populations distributed over the area of Brandenburg and Saxony in Germany. The populations were either pure *Quercus robur* stands (9 sites), pure *Q. petraea* stands (10 sites), or mixed populations (10 sites). A total sample size of 1035 individuals was analysed with a mean of 36 trees per population.

The determination of *cp*DNA haplotypes was carried out according to standard methods developed by DUMOLIN-LAPEGUE *et al.* (1997). Noncoding regions of chloroplast DNA were amplified with consensus primers and digested by restriction enzymes (PCR-RFLP).

A total of 8 different chloroplast variants belonging to 4 lineages were detected in the area under study. The southern part of the studied area is dominated by haplotypes from lineage A from the Balkans. The northern region is partially influenced by lineages B and C. The haplotypes 4 and 7 (lineage A from the Balkans) were most common in sessile oak. The pedunculate oak populations belong to haplotype 1 in the northern part and to several members of lineage A in the southern part of the studied area. The haplotypes 10 and 12 from the Iberian refugee (lineage B) exclusively occur in mixed stands. Mixed stands are generally more heterogeneous in their haplotype composition than pure populations.

References / Literaturverzeichnis

- DUMOLIN-LAPÈGUE, S.; DEMESURE, B.; FINESCHI, S.; LE CORRE, V.; PETIT, R.J. (1997): Phylogeographic structure of white oaks throughout the European continent. *Genetics*, 145, pp.1475-1487.
- PETIT, R.J., CSAIKL, U.M.; BORDÁCS, S.; BURG, K.; COART, E.; COTTRELL, J.; VAN DAM, B.; DEANS, J.D.; DUMOLIN-LAPÈGUE, S. & FINESCHI, S. (2002): Chloroplast DNA variation in European white oaks: Phylogeography and patterns of diversity based on data from over 2600 populations. *Forest Ecology and Management*, 156, pp.5-26.
- KÖNIG, A.O.; ZIEGENHAGEN, B.; VAN DAM, B.C.; CSAIKL, U.M.; COART, E.; DEGEN, B.; BURG, K.; DE VRIES, S.M.G.; PETIT, R.J. (2002): Chloroplast DNA variation of oaks in western Central Europe and genetic consequences of human influences. *Forest Ecology and Management*, 156, pp.147-166.

***cpDNA* haplotypes of oak populations in Brandenburg and Saxony (Germany)**

HEIKE LIESEBACH, UTE TRÖBER & RALF KÄTZEL

Schlagwörter: Eichenbestände, *Quercus*, Brandenburg, Sachsen, *cpDNA*-Haplotypen, Abstammungslinien

Wegen ihrer mütterlichen Vererbung sind *cpDNA*-Varianten zur Beschreibung geographischer Differenzierungen bei Laubgehölzen geeignet. Für die Europäischen Eichenarten wurden im Rahmen von EU-Projekten Standardmethoden entwickelt und mehrere Abstammungslinien von *cpDNA*-Haplotypen gefunden. Diese sind mit den verschiedenen eiszeitlichen Refugien assoziiert (u. a. Linie A vom Balkan, Linie B von der Iberischen Halbinsel, Linie C von der Apennin-Halbinsel (PETIT *et al.* 2002).

Detaillierte Untersuchungen in Gebieten mit sich kreuzenden Rückwanderungswegen oder mit intensiver Bewirtschaftung einschließlich Saatguttransfer erfordern große Stichprobenumfänge.

Das Material für diese Untersuchung wurde in 29 Altbeständen in Brandenburg und Sachsen gesammelt (9 Standorte mit reinen Stieleichenvorkommen; 10 Standorte mit reinen Traubeneichenvorkommen, 10 Standorte mit Mischbeständen). Insgesamt wurden 1.035 Individuen untersucht, im Mittel 36 Bäume je Population.

Die *cpDNA*-Haplotypen wurden nach Standardmethoden bestimmt (DUMOLIN-LAPEGUE *et al.* 1997). Dabei werden nichtkodierende Regionen der Chloroplasten-DNA mit Universalprimern amplifiziert und anschließend mit verschiedenen Restriktionsenzymen geschnitten.

Insgesamt wurden 8 verschiedene *cpDNA*-Haplotypen gefunden, die zu 4 Abstammungslinien gehören. Der südliche Teil des untersuchten Gebietes wird von Haplotypen der Linie A vom Balkan dominiert, während der nördliche Teil von den Linien B und C beeinflusst wird. In Traubeneichen kommen hauptsächlich die Haplotypen 4 und 7 der Linie A vor. Die Stieleichen im nördlichen Teil besitzen den Haplotyp 1 der Linie C und im südlichen Teil der untersuchten Region mehrere Typen der Linie A. Die Haplotypen 10 und 12 der Linie B aus dem Iberischen Refugium kommen nur in Mischbeständen vor. Mischbestände sind in ihrer Haplotypenzusammensetzung generell heterogener als artreine Bestände.

Anschriften der Autorinnen und des Autors:

DR. HEIKE LIESEBACH (HERTEL)

Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung,
Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft,
Eberswalder Chaussee 3A,
D-15377 Waldsiedersdorf

e-mail: h.liesebach@holz.uni-hamburg.de

UTE TRÖBER

Landesforstpräsidium Sachsen, Bonnewitzer Straße 34,
D-01796 Pirna

e-mail: ute.troeber@lfe.smul.sachsen.de

DR. RALF KÄTZEL

Landesforstanstalt Eberswalde, Abt. Waldökologie,
Alex-Möller-Strasse 1
D-16225 Eberswalde

e-mail: ralf.kaetzel@lfe-e.brandenburg.de

Wildapfel-Vorkommen in Brandenburg

RALF KÄTZEL & KARL-GUNTHER GLOWALLA

Schlagwörter: Wildapfel, *Malus sylvestris*, Artbestimmung, Generhaltung
Saatgut, Biosphärenreservat Schorfheide-Chorin,

1 Einführung

Im Rahmen der Erhaltung forstlicher Genressourcen wurden im Land Brandenburg bisher 47 Vorkommen von Wildapfel (*Malus sylvestris* L.) kartiert. Die Mehrzahl dieser Vorkommen umfasst weniger als zehn Individuen. Nur zwei ursprünglich künstlich begründete Bestände mit mehr als 100 Bäumen (Alter ca. 50-95 Jahre) weisen eine Populationsstruktur auf. Diese beiden Vorkommen bilden eine wesentliche Grundlage für die Bereitstellung von Vermehrungsgut aus einheimischen, angepassten Herkünften des Wildapfels. Für die Bewertung als Genressource und Saatgutquelle wurden die Einzelbäume u. a. hinsichtlich ihrer Wildnähe und ihres Genotyps charakterisiert und die verwendeten Methoden hinsichtlich ihrer Eignung zur Bestimmung der Wildnähe beurteilt.

2 Versuchsflächen und Methoden

Die untersuchten Wildapfel-Vorkommen liegen im Biosphärenreservat Schorfheide-Chorin (Tab. 1). Sämtliche Bäume wurden nummeriert und ihre Standortskordinaten erfasst.

Tab. 1: Ortsangaben zu den beiden Wildapfel-Vorkommen im Nordosten Brandenburgs.
Data characterizing the two wild apple populations in northeastern Brandenburg.

<i>Amt für Forstwirtschaft</i>	<i>Templin</i>	<i>Eberswalde</i>
<i>Oberförsterei</i>	Zehdenick	Grimnitz
<i>Revier</i>	Wolfsgarten	Altenhof
<i>Populationsgröße</i>	117 Bäume	108 Bäume
<i>Rechtswert</i>	4594609	5410344
<i>Hochwert</i>	5875543	5863390

Untersuchungskriterien zur Bestimmung der Wildnähe waren u. a. morphologische Merkmale von Blättern (z. B. Blattbehaarung, Blattbreite, Blattspreitenlänge, Blattspitzenform) und Früchten (Fruchtbreite, Fruchtgewicht, Deckfarbe, Stieldicke, Verhältnis Stiellänge zur Fruchthöhe) sowie biochemische Merkmale von Blättern und Früchten, die auf die Charakterisierung des Zucker- und Phenolstoffwechsels sowie auf den Säuregrad der Äpfel ausgerichtet waren. Für die Eignungsbewertung dieser Methoden wurden zusätzlich Äpfel von Kultursorten einbezogen. Die genetische Struktur der beiden Populationen wurde mit Hilfe von Isoenzymen (AAT, AAP, ADH, IDH, LAP, MDH, MR, 6-PGDH, PGM, PGI, SKDH) untersucht. Eine detaillierte Beschreibung der verwendeten Methoden gibt GLOWALLA (2003).

3 Ergebnisse

Auf der Grundlage der morphologischen Merkmale wurden 57% und 68% der jeweiligen Population als *Wildform* angesprochen (Tab. 2), wobei sich die Blattbehaarung im Gegensatz zur Blattgröße als wesentliches Unterscheidungskriterium erwies. Bei den fruktifizierenden Bäumen konnten gleichzeitig Zusammenhänge und Variationsspannen zwischen Blatt- und Fruchtmerkmalen untersucht werden. Dabei bestanden grundsätzliche Übereinstimmungen zwischen der nach FELLEBERG (2001) ermittelten Blattbehaarungsstufe und der Fruchtbreite. Alle anderen Fruchtmerkmale zeigten geringere bzw. keine Übereinstimmungen mit der ermittelten Wild- bzw. Kulturnähestufe.

Tab. 2: Prozentualer Anteil der Bäume entsprechend der Blattbehaarungsstufe (Hinweis: Die Blattbehaarungsstufe 0 repräsentiert die größte Wildnähe) (nach FELLEBERG 2001).
Portion (%) of the trees ordered according to pilosity intensity of the leaves (Notice: pilosity intensity rank 0 represents the closest wild type) (according to FELLEBERG 2001).

<i>Blattbehaarung / Leaf pilosity</i>	<i>0</i>	<i>1</i>	<i>2</i>	<i>3</i>
<i>Altenhof</i>	57%	33%	8%	2%
<i>Wolfsgarten</i>	68%	24%	6%	0%
<i>Gesamt / total</i>	64%	28%	7%	1%

Im Vergleich zu Kultursorten zeichneten sich die Früchte wildnaher Apfelbäume durch niedrigere pH-Werte, höhere Gehalte an phenolischen Inhaltsstoffen und geringere Zuckergehalte aus (KÄTZEL & GLOWALLA, in Vorbereitung).

Hinsichtlich ihrer genetischen Strukturen weisen beide Populationen eine hohe genetische Vielfalt auf. Die Genorte AAT-A, 6-PGDH-B und AAP-A sind durch ausgeprägte Majorpolymorphismen gekennzeichnet. 27 Bäume repräsentieren seltene

Genotypen. Vergleichsweise große genetische Abstände zwischen den beiden Populationen wurden bezüglich der Genorte IDH-A und AAT-A nachgewiesen. Eine genetische Differenzierung zwischen den Wildformnähestufen, welche die phänotypische Zuordnung bestätigt, war mit den untersuchten Enzymsystemen nicht möglich.

4 Literaturhinweise / References

- FELLENBERG, U. (2001): Beurteilung von Wildobst – Voraussetzung für geeignetes Vermehrungsgut zur Erhaltung von Waldgenressourcen. *Forst und Holz*, 2, pp.50-54.
- GLOWALLA, K.-G. (2003): Morphologische, phänologische und biochemisch-genetische Untersuchungen an zwei Populationen von *Malus sylvestris* MILL. im Biosphärenreservat Schorfheide-Chorin. Diplom-Arbeit an der FH Eberswalde, FB Forstwirtschaft, 117 Seiten.

Wild apple (*Malus sylvestris*) populations in Brandenburg

RALF KÄTZEL & KARL-GUNTER GLOWALLA

Schlagwörter: Wild apple, *Malus sylvestris*, species identification, gene conservation seed source, Biosphere Reserve Schorfheide-Chorin,

1 Introduction

In the framework of conserving forest genetic resources 47 wild apple occurrences have been registered up to now. The majority of these occurrences includes less than ten individuals. Only two stands of more than 100 trees (age ca. 50-95 years) established artificially are structured like a population. These two populations are the important base for supplying reproductive material originating from indigenous and adapted sources of wild apple. The individual trees were characterized among others with respect to closeness to the original wild type and genotyped. The methods applied were evaluated with respect to their suitability of assessing the closeness to the wild type.

2 Experimental plots and methods

The wild apple populations under study are located in the Biosphere Reserve Schorfheide-Chorin (Tab. 1). All trees were labeled with numbers and the coordinates of their sites registered.

Criteria for assessing the closeness to the wild type were among others morphological traits of leaves (*e.g.* leaf pilosity, leaf width, length of leaf lamina, shape of leaf apex) and fruits (fruit width, fruit weight, color of skin, thickness of fruit peduncle, ratio peduncle length-fruit height) as well as biochemical traits of leaves and fruits aiming on the characterization of the metabolism of sugars and phenolics as well as on the grade of acidity of the apples. In order to be able to valuate these methods specifically, apple cultivars were included additionally. The genetic structure of the two populations were analyzed by applying isozymes (AAT, AAP, ADH, IDH, LAP, MDH, MR, 6-PGDH, PGM, PGI, SKDH). A detailed description of the methods used is given by GLOWALLA (2003).

3 Results

Based on the morphological traits applied, 57% and 68% of the two populations were addressed as wild type (*cf.* Tab. 2). Leaf pilosity, in contrast to leaf size, proved to be the relevant differentiating criterion. Fructifying trees were used to study at the same time relationships and variation span between traits of the leaf and the fruit. Fundamental conformities between the leaf pilosity grade and fruit width as ascertained by FELLEBERG (2001) were found. All other fruit traits corresponded less or not all with the wild or cultivated type grade.

When compared with cultivars, the fruits of apple trees being close to the wild type were found to be characteristic of lower pH values, higher contents in phenolics and in lower sugar contents (KÄTZEL & GLOWALLA, in preparation)

Both populations show a high level of genetic diversity. The gene loci AAT-A, 6-PGDH-B and AAP-A are characterized by a pronounced major polymorphism. 27 trees represent rare genotypes. For the gene loci IDH-A and AAT-A, relatively large genetic distances were identified between the two populations.

By applying the given enzyme systems, it was not possible however, to differentiate between the grades of the closeness to the wild form as stated by phenotypic assignment.

Anschriften der Autoren:

DR. RALF KÄTZEL & KARL-GUNTER GLOWALLA
Landesforstanstalt Eberswalde, Abt. Waldökologie,
Alex-Möller-Strasse 1
D-16225 Eberswalde
e-mail: ralf.kaetzel@lfe-e.brandenburg.de

Genetische Variation in kommerziellen Saatgutpartien aus Erntebeständen und Samenplantagen von Winterlinde (*Tilia cordata*) und Bergahorn (*Acer pseudoplatanus*)

MONIKA KONNERT & MARTIN FROMM

Keywords: Small-leaved linden, *Tilia cordata*, sycamore maple, *Acer pseudoplatanus*, seed lots, genetic variation

Abstract

Title of the paper: Genetic variation in commercial seed lots from crop stands and seed orchards of small-leaved linden (*Tilia cordata*) and sycamore maple (*Acer pseudoplatanus*).

Commercial seed lots from seed orchards of small-leaved linden (*Tilia cordata*) and sycamore maple (*Acer pseudoplatanus*) show lower values for several genetic parameters than seed lots of forest stands. As main reasons for these low values in *T. cordata* a restricted pollen pool and poor fructification due to the young age of the seed orchard are considered. Additionally different flowering periods of the clones induce restricted gene flow. In *A. pseudoplatanus* the low genetic variability of the few number of clones and a year of poor fructification does not allow a higher genetic variation in the seed orchard progeny from the outset. Thus seed orchards are only valuable for production of seeds of high genetic quality if they are well designed and if a large number of clones is harvested in years of full mast.

Schlagwörter: Winterlinde, *Tilia cordata*, Bergahorn, *Acer pseudoplatanus*, Saatgutpartien, genetische Variation

Zusammenfassung

Handelsübliche Saatgutpartien von Winterlinde (*Tilia cordata*) und Bergahorn (*Acer pseudoplatanus*) aus Bestandsernten und Plantagenernten wurden hinsichtlich des Ausmaßes ihrer genetischen Variation verglichen. Dabei zeigten die Plantagenernten bei beiden Baumarten geringere Diversität und Heterozygotie. Als Hauptursache wird die schwache Fruktifikation (Halbmast) in den Plantagen im Erntejahr sowie die geringe Anzahl beernteter Klone angesehen. Zusätzlich wurde in der Winterlindenplantage eine hohe klonale Variation der Blühperiode festgestellt. Es wird gefolgert, dass man bei Plantagen nur in einem Jahr mit Vollmast ernten sollte und darauf achten muss, dass möglichst viele Klone geerntet werden. Andernfalls besteht die Gefahr einer genetischen Einengung im Saatgut mit negativen ökologischen und ökonomischen Folgen für die aus diesem Saatgut hervorgehende Nachkommenschaft.

1 Einführung

Bei künstlich begründeten Beständen ist unter anderem die genetische Zusammensetzung des verwendeten Vermehrungsgutes ein wichtiger Faktor für die langfristige Stabilität der Wälder und den ökonomischen Erfolg. Die Weichen dazu werden bereits bei der Saatguternte gestellt. Saatgut kann in zugelassenen

Mitteilungen aus der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Nr. 52/04, S.204-212.

Erntebeständen oder in Samenplantagen gewonnen werden. Letztere sind künstlich geschaffene Populationen, in denen Abkömmlinge von Ausleseebäumen mit bestimmten phänotypischen Eigenschaften in reproduktiven Kontakt gebracht werden mit dem Ziel früh, häufig und kostengünstig Saatgut mit guten genetischen Eigenschaften zu erhalten. Nachkommen aus Samenplantagen erwiesen sich denn auch in vergleichenden Feldversuchen besonders bei einigen stark genetisch kontrollierten Merkmalen (z.B. Stammform) den Bestandesnachkommen überlegen (z.B. RAU 1998; GROTEHUSMANN 1998).

Nachhaltige Forstwirtschaft kann sich aber nicht nur am ökonomischen Erfolg orientieren sondern muss auch um den Erhalt der genetischen Diversität als Grundlage der Anpassungsfähigkeit bemüht sein. Gerade bei Plantagensaatgut wurde aber wiederholt auf die Gefahr einer vergleichsweise geringen genetischen Variation oder höherer Selbstbefruchtung im Vergleich zu Beständen hingewiesen (z.B. MÜLLER-STARCK *et al.* 1982; MÜLLER-STARCK 1991; PRAT 1995).

Deshalb ist es wichtig zu sehen, ob es bei kommerziellen Ernten aus Plantagen und Beständen Unterschiede im Ausmaß der genetischen Variation der Saatgutpartie gibt oder nicht. Ein solcher Vergleich wurde hier für die Baumarten Winterlinde (*Tilia cordata*) und Bergahorn (*Acer pseudoplatanus*) durchgeführt.

2 Material und Methodik

Sowohl bei Winterlinde als auch bei Bergahorn wurden jeweils drei handelsübliche Saatgutpartien aus regulären Ernten, durchgeführt von privaten oder staatlichen Saatgutfirmen, in die Untersuchungen einbezogen. Zwei davon stammten jeweils aus zugelassenen Erntebeständen in Bayern, die dritte aus einer Samenplantage in Laufen (Oberbayern). Die Anzahl der Erntebäume je Bestand und der pro Partie genetisch untersuchten Samen ist in Tab. 1 eingetragen.

Tab. 1: Zusammenstellung des Probematerials.
A survey of the sampled material.

Herkunft	Linde (<i>T. cordata</i>)		Bergahorn (<i>A. pseudoplatanus</i>)	
	Anzahl Erntebäume	Anzahl untersuchter Samen	Anzahl Erntebäume	Anzahl untersuchter Samen
Bestand I	26	384	6	400
Bestand II	25	384	8	400
Plantage	44	384	21	284

Die in der Bergahornplantage beernteten Individuen repräsentieren 17 Klone. Insgesamt umfasst die Plantage 42 Klone. Die Winterlindenplantage umfasst 85 Klone von denen 29 beerntet wurden.

Nähere Angaben zu den untersuchten Enzymsystemen und den methodischen Details finden sich für Winterlinde bei FROMM (2001) und für Bergahorn bei KONNERT *et al.* (2001). Zur Datenanalyse wurde das Programm „MacGen“ (STAUBER & HERTEL 1997) eingesetzt. Berechnet wurde die Diversität v , die hypothetische gametische Multilocusdiversität v_{gam} und die beobachtete Heterozygotie (H_b) der Populationen. Außerdem wurde auch die individuelle Heterozygotie als Anteil gemischterbiger Genorte unter allen untersuchten näher betrachtet.

3 Ergebnisse

In Tab. 2 sind die Werte der genetischen Vielfalt, Diversität und Heterozygotie für die sechs Saatgutpartien eingetragen. In der Anzahl der Genvarianten unterscheiden sich die Partien nur wenig. Dennoch überrascht vor allem bei Bergahorn die hohe Vielfalt bei der geringen Anzahl von Erntebäumen in beiden Beständen. Die genetische Diversität und Heterozygotie ist bei beiden Baumarten am niedrigsten in den Plantagen-Saatgutpartien. Der Unterschied zu den Saatgutpartien aus Erntebeständen ist bei Winterlinde deutlicher als bei Bergahorn. Bei Letzterem hat nur eine der beiden Bestandespartien deutlich höhere Werte als die Plantagenpartie.

Tab. 2: Genetische Variation in drei handelsüblichen Saatgutpartien von Winterlinde und Bergahorn.
Genetic variation in tree commercial seed lots of small-leaved linden and sycamore maple.

Herkunft	Anzahl Allele A	Diversität		Heterozygotie %	F-Wert
		v	v_{gam}		
<i>Linde (Tilia cordata)</i>					
Bestand I	30	1,41	224,8	31	0,009
Bestand II	33	1,41	190,0	30	-0,026
Plantage	32	1,36	123,9	27	0,003
<i>Bergahorn (Acer pseudoplatanus)</i>					
Bestand I	37	1,51	85,4	36	-0,056
Bestand II	33	1,42	37,4	27	0,082
Plantage	34	1,37	30,6	26	0,043

Bei Winterlinde liegen alle drei F-Werte nahe Null, so dass Inzuchteffekte ausgeschlossen werden können. Bei Bergahorn gilt dies auch für den Bestand I und die Plantage. In dem Bestand II ist der F-Wert zwar etwas höher und positiv, d.h. hier liegt im Genpool ein Homozygotenüberschuss vor. Betrachtet man aber die hier nicht angeführten F-Werte an den einzelnen Genorten, so ist dieser Überschuss nicht auf Inzucht zurückzuführen.

Die etwas geringere Heterozygotie bei dem Plantagensaatgut zeigt sich auch in der Verteilungskurve der individuellen Heterozygotie, die bei beiden Baumarten für die Plantagenpartie nach links verschoben ist (vgl. Abb. 1 und Abb. 2).

So ist z.B. bei Bergahorn der Anteil der Individuen mit drei heterozygoten Genorten unter den zehn untersuchten deutlich höher als in den beiden Beständen, während der Anteil Individuen mit mehr als fünf heterozygoten Genorten geringer ist. Bei Winterlinde sind die Unterschiede vor allem bei dem Anteil Individuen mit fünf und mehr heterozygoten Genorten sehr groß.

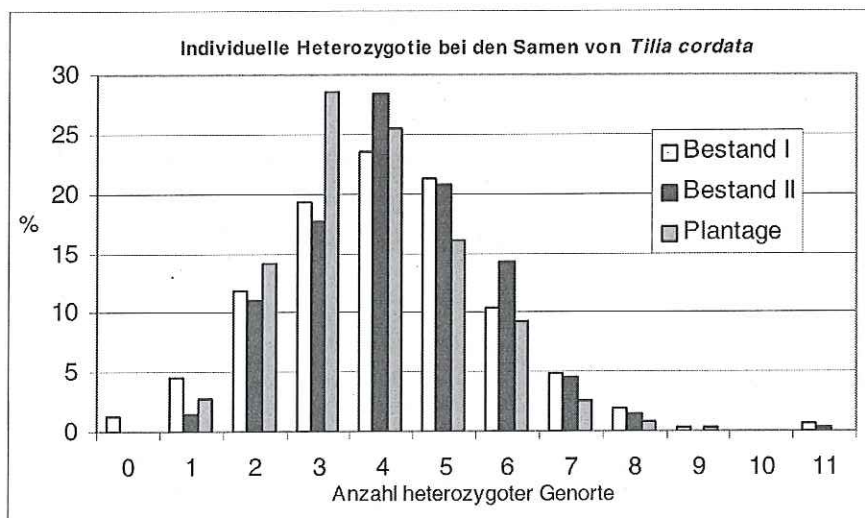


Abb. 1: Verteilung der individuellen Heterozygotie nach Untersuchung von 14 Genorten bei den Saatgutpartien der Winterlinde.

Fig. 1: Distribution of individual heterozygosity assayed at 14 enzyme loci among the seed lots of small-leaved lindens.

In den genetischen Strukturen gibt es sowohl bei Winterlinde als auch bei Bergahorn deutliche Unterschiede zwischen den drei Parteien, die im Genpool und auch an einzelnen Genorten statistisch signifikant sind. Bei Winterlinde wurden Genpoolabstände von 7% bis 8% ermittelt, bei Bergahorn waren diese mit 10% bis 15% sogar noch höher.

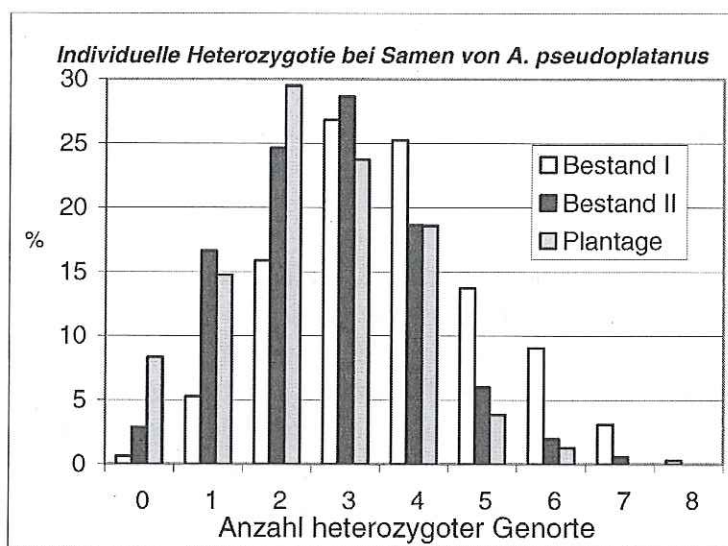


Abb. 2: Verteilung der individuellen Heterozygotie nach Untersuchung von 14 Genorten bei den Saatgutpartien von Bergahorn.

Fig. 2: *Distribution of individual heterozygosity assayed at 14 enzyme loci among the seed lots of sycamore maple.*

Die Differenzierungswerte in Tab. 3 zeigen, dass bei Winterlinde alle drei Parteien in fast gleichem Ausmaß zu der Gesamtdifferenzierung von 7% beitragen. Bei Bergahorn ist der Bestand II etwas weniger differenziert als die anderen beiden Parteien

Tab. 3: Differenzierung zwischen den Saatgutpartien von Winterlinde und Bergahorn.
Genetic differentiation between seed lots of small-leaved linden and sycamore maple.

Herkunft	Differenzierung (Dj) (%)	
	Linde (<i>T. cordata</i>)	Bergahorn (<i>A. pseudoplatanus</i>)
Bestand I	7,83	12,73
Bestand II	6,46	9,16
Plantage	6,52	11,28
Gesamt- differenzierung (δ , %)	6,93	10,05

Die Differenzierungswerte in Tab. 3 zeigen, dass bei Winterlinde alle drei Parteien in fast gleichem Ausmaß zu der Gesamtdifferenzierung von 7% beitragen. Bei Bergahorn ist der Bestand II etwas weniger differenziert als die anderen beiden Parteien. Die Gesamtdifferenzierung von ca. 10% zeigt aber noch mal, dass sich die Parteien sehr stark genetisch unterscheiden. Somit hat sowohl bei Winterlinde als auch bei Bergahorn das Plantagensaatgut, ebenso wie jede Bestandespartie, einen vergleichsweise großen Anteil an spezifischer genetischer Information, den es nicht mit den anderen Parteien teilt.

4 Diskussion

Welches sind die Ursachen für die geringere Diversität und Heterozygotie bei dem Plantagensaatgut bei beiden Baumarten? Bei *Winterlinde* sind dies mit großer Wahrscheinlichkeit das noch geringe Alter (12 Jahre) sowie die geringe Blüh- und Fruktifikationsintensität im Erntejahr. Es wurden lediglich 10% der Einzelbäume, die 34% der Klone aus der Plantage repräsentierten, beerntet. Davon hatten aber nur 16 Klone (das sind 18% aller Klone der Plantage) einen starken Samenbehang. Zusätzlich wurden in der Plantage bei einigen Klonen unterschiedliche Blühperioden beobachtet, was zu einem eingeschränkten Genfluss geführt haben kann. Die klonale Variation in Blühbeginn und Blühintensität ist eines der großen Probleme bei der Anlage und dem Management der Samenplantagen (z.B. COTRELL & WHITE 1995).

In Beständen von Winterlinde hat FROMM (2001) einen sehr effektiven Pollenfluss nachgewiesen. Es ist deshalb davon auszugehen, dass in den Erntebeständen die Anzahl der Väter bei den Saatgutpartien (der realen Pollenspender) viel größer ist als die Anzahl der Erntebäume, was sich auf das Ausmaß der genetischen Variation positiv auswirkt.

Mittels Isoenzymanalysen kann man bei Winterlinde die Hybriden zwischen Winterlinde und Sommerlinde leicht nachweisen (FROMM 1999). In der Partie von Bestand II wurden zwei der 384 Samen eindeutig als Hybride identifiziert. Zwar wirkt sich dies nicht auf die berechneten genetischen Parameter aus, ist aber auch ein Hinweis auf einen sehr effizienten Genfluss und zeigt, dass selbst bei genauester Auswahl der Erntebestände hinsichtlich der Artreinheit, eine Kontamination in Regionen, wo beide Lindenarten vorkommen, nie ganz auszuschließen ist. Hier liegt für die Samenplantagen ein wichtiger Vorteil, wenn man sie so anlegt, dass sie von anderen Lindenvorkommen isoliert sind. Allerdings muss bei der Auswahl der Plantagenklone besonders auf Artreinheit geachtet werden. Zu empfehlen ist, diese mittels genetischer Methoden (z.B. Isoenzymanalysen) zu überprüfen, um jeden Zweifel auszuräumen.

Auch bei *Bergahorn* zeigte die Plantage im Erntejahr 2000 nur eine Halbmast; nur ein Teil der insgesamt 49 Plantagenklone blühte. Selbst bei nur geringen Unterschieden in der Blühperiode, wie es bei dieser Plantage anscheinend der Fall ist, führt dies zu einem eingeschränkten polleneffektiven Populationsumfang. Wenn dann Saatgut von nur 15 % der Einzelbäume, die 35 % der Klone aus der Plantage repräsentieren, geerntet wird, bedeutet dies eine weitere Einschränkung der Population, die effektiv zur nächsten Generation beigetragen hat. Überraschend ist die vgl. hohe genetische Diversität in den Bestandsernten trotz der sehr geringen Anzahl Erntebäume. Es ist anzunehmen, dass in den Erntebeständen, vor allem in Bestand I, der intensive Pollenfluss zu einem großen Teil die doch sehr geringe Anzahl Mutterbäume ausgeglichen hat.

Die hier gefundenen Unterschiede zwischen Plantagen- und Bestandessaatgut können allerdings nicht verallgemeinert werden. Vergleichende Untersuchungen an Kiefern Saatgut und Saatgut der Sitka-Fichte (*Picea sitchensis*) aus Plantagen und Beständen (SZMIDT & MUONA 1985; CHAISURISRI & EL-KASSABY 1994) zeigten keine Unterschiede in der genetischen Diversität zwischen diesen beiden Kategorien.

Samenplantagen mit einem gut durchdachten Anlagedesign – isoliert gegen Fremdpollenkontamination, mit einer hohen Klonanzahl und möglichst einheitlicher Blühperiode – sind mit Sicherheit eine wichtige Quelle für forstliches Vermehrungsgut. Zusätzlich sind sie ein wichtiges Instrument zur Generhaltung und zur Produktion von Nachkommen mit verbessertem Anbauwert. Allerdings besteht die Gefahr, dass in Samenplantagen, wo die Ernte oft einfacher und weniger kostenintensiv ist als in Beständen, auch Ernten durchgeführt werden, wenn nur ein Teil der Klone fruktifiziert. Dies kann dann, wie mit den vorliegenden Beispielen gezeigt, dazu führen, dass im Erntegut die genetische Diversität vergleichsweise gering ist. Wird dann noch in Jahren geerntet, in denen nur ein Teil der Klone fruktifiziert, so wird die effektive Populationsgröße noch weiter eingeschränkt. Die genetische Information im Plantagensaatgut wird dann nur einen Teil der genetischen Information der Plantagenklone repräsentieren, der von Erntejahr zu Erntejahr variieren kann (z.B. CHAISURISRI & EL-KASSABY 1993; PRAT 1975; MÜLLER-STARCK 1985). Deshalb muss bei Samenplantagen noch mehr wie bei Erntebeständen darauf geachtet werden, dass möglichst viele Klone beerntet werden, bzw. dass nur in einem Jahr mit Vollmast geerntet wird. Andernfalls besteht die Gefahr einer starken genetischen Einengung bereits im Saatgut.

Es muss aber auch betont werden, dass zwischen dem Ausmaß an genetischer Variation und bestimmten forstlich relevanten phänotypischen Eigenschaften bislang noch kein Zusammenhang nachgewiesen wurde. In bisherigen Prüfungen zeigen Nachkommen von Samenplantagen oft einen verbesserten Anbauwert als Bestandesnachkommen (RAU 2001; RUETZ *et al.* 2000; SCHNECK 2001). Damit auch dieser positive ökonomische Aspekt über die Jahre Bestand hat, ist es wichtig, dass die Nachkommen einen je breiteren Ausschnitt der genetischen Information der Mutterbäume enthalten. In Feldversuchen zeigen nämlich Nachkommenschaften derselben Plantage aus unterschiedlichen Erntejahren oft deutlich unterschiedliche Leistungen (z.B. RUETZ *et al.* 2000), letztendlich ein Indiz für deren unterschiedliche genetische Zusammen-

setzung. Eine Beerntung möglichst vieler Klone einer Plantage bei Vollmast ist somit sowohl ökologisch als auch ökonomisch wichtig.

5 Literaturverzeichnis

- CHAISURISRI, K. & EL-KASSABY, Y.A. (1993): Estimation of clonal contribution to cone and seed crops in a Sitka spruce seed orchard. *Annals of Forest Science*, 50, pp.461-467.
- CHAISURISRI, K. & EL-KASSABY, Y.A. (1994): Genetic diversity in a seed production population vs. natural populations of Sitka spruce. *Biodiversity and Conservation*, 3, pp.512-523.
- COTRELL, J.E., WHITE, I.M.S. (1995): The use of isozyme genetic markers to estimate the rate of outcrossing in a Sitka spruce (*Picea sitchensis* (Bong.) Carr.) seed orchard in Scotland. *New Forests*, 10, pp.111-122.
- FROMM, M., (1999): Artbestimmung von Winterlinde, Sommerlinde und der Arthybride. *AFZ/Der Wald*, 5, S.244-246.
- FROMM, M. (2001): Reproduction of an entomophilous tree species in low density - Small-leaved linden (*Tilia cordata* Mill.) as an example. Ph.D. thesis, Universität Göttingen. <http://webdoc.sub.gwdg.de/diss/2001/fromm>.
- GROTEHUSMANN, H., (1998): Geprüftes Vermehrungsgut aus Kiefern- und Erlen-Samenplantagen. *AFZ/Der Wald*, 5, S.240-242.
- KONNERT, M.; RUETZ, W. & FROMM, M. (2001): Genetic variation in *Acer pseudoplatanus* L. I. Inheritance of isozyme variants. *Forest Genetics*, 8(1), pp.25-37.
- MÜLLER-STARCK, G.; ZIEHE, M.; BERGMANN, F.; GREGORIUS, H.-R. & HATTEMER, H.H. (1982): Die Samenplantage als Instrument der Vermehrung von Waldbäumen. *Allgemeine Forst- und Jagd-Zeitung*, 153(12), S.220-229.
- MÜLLER-STARCK, G., (1991): Genetic processes in seed orchards. In: GIERTYCH, M. & MÁTYÁS, Cs. (eds.): *Genetics of Scots Pine*. Budapest: Akadémiai Kiadó, pp.147-162.
- PRAT, D. (1995): Mating system in a clonal Douglas fir (*Pseudotsuga menziesii* (Mirb) Franco) seed orchard. II. Effective pollen dispersal. *Annals of Forest Science*, 52, pp.213-222.
- RAU, H.-M. (1998): Vermehrungsgut von Samenplantagen im Vergleich zu handelsüblichem Material. *AFZ/Der Wald*, 5, S.236-239.
- RAU, H.-M. (2001): Samenplantagen und Bestände von Schwarzerle. *AFZ/Der Wald*, 5, S.229-230.
- RUETZ, W.F.; FRANKE, A. & RAU, H.-M. (2000): Prüfung der Nachkommen einiger Bestände und Samenplantagen der Schwarzerle (*Alnus glutinosa* (L.) Gaertn.). *Forst & Holz*, 2, S.39-43.

- SCHNECK, V., (2001): Bestände und Samenplantagen von Gemeiner Kiefer. *AFZ/Der Wald*, 5, S.232–233.
- STAUBER; TH. & HERTEL. H. (1997): „MACGEN“-Auswertungsprogramm:
<http://www.mol.shuttle.de/wspc/genetik1.htm>
- SZMIDT, A.E. & MUONA O. (1985): Genetic effects of Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) domestication. *In: Lecture Notes in Biomathematics no. 60, Population Genetics in Forestry* (H.-R. GREGORIUS, ed.), pp.241-251.

Anschrift der Autorin:

DR. MONIKA KONNERT

Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP Teisendorf)

Forstamtsplatz 1

D-83317 Teisendorf

e-mail: monika.konnert@foasp-bgl.bayern.de

Erhaltung forstlicher Genressourcen in Sachsen

MATTHIAS PAUL

Schlagwörter: Generhaltung, Forstgeschichte, Sachsen, Erhaltungsstrategien

Die Erhaltung forstlicher Genressourcen war Grundlage und Bestandteil verschiedener forstlicher Aktivitäten der 1980er Jahre. Bereits in den ersten Jahren der Beschäftigung mit dem genetischen Potenzial unserer Waldbäume wurde auf dessen Gefährdung und die damit verbundene Notwendigkeit der Erhaltung hingewiesen. *"Die noch vorhandenen Bestände zweifellos urwüchsiger Bestockung, von der Fichte und der Kiefer sollte man solange wie möglich erhalten und zur Samenerziehung benutzen."* [Prof. MÜNCH am 9. Mai 1921 an der Sächsischen Forstakademie in Tharandt (MÜNCH 1921)]. Vor dem Hintergrund praktischer Erfahrungen verwies Forstmeister SPINDLER aus Carlsfeld 1924 auf die Bedeutung angepasster Fichtenvorkommen für die Stabilität der Wälder in den Hochlagen des Erzgebirges: *"Vorläufig bleibt unsere Hauptaufgabe die Ungewissheiten zu vermeiden und zunächst die Erhaltung unserer bodenständigen Rasse zu sichern."* Deshalb wurde in Sachsen mit Stichtag 15. September 1944 die erste flächendeckende Generhaltungskartierung durchgeführt.

In den Blütezeiten der Forstpflanzenzüchtung wurde der Erhaltung einer breiten genetischen Basis eine sehr hohe Bedeutung beigemessen. Sie war gleichrangiges Ziel neben der genetischen Verbesserung der Waldbäume. Professor SCHÖNBACH, der Nestor der Forstpflanzenzüchtung in Sachsen, wies wiederholt auf den Wert autochthoner Vorkommen und deren Gefährdung hin: *„Ich kann mich immer eines gewissen unbehaglichen Gefühls bei dem Gedanken nicht erwehren, dass man bei dem Bemühen der Forstwirtschaft, durch Züchtung neue produktivere Sorten zu schaffen, die Notwendigkeit der Erhaltung der an extreme Standortverhältnisse angepassten Standortsrassen, Produkte einer jahrtausendlangen natürlichen Auslese, übersieht.“* (SCHÖNBACH 1952).

Als es im Immissionsschadgebiet des Erzgebirges zum flächenmäßigen Absterben der Wälder kam, etablierte sich die forstliche Generhaltung als eigenständiges Arbeitsgebiet im Rahmen eines bis dahin nicht gekannten Krisenmanagements zur Rettung der Vegetationsform Wald. Waren es anfangs einzelne Baumarten, die im Rahmen von dringenden Maßnahmen bearbeitet wurden (Fichte und Tanne), entwickelte sich das Arbeitsgebiet sehr schnell zu einem Instrumentarium mit dem Ziel der umfassenden flächendeckenden Erhaltung forstlicher Genressourcen.

Erhaltung forstlicher Genressourcen in Sachsen

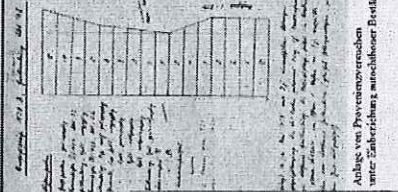
M. PAUL, Landesforstpräsidium Sachsen, Bonnewitzer Straße 34, 01796 Pirna

1921

Die Anfänge

Die Existenz von genetisch fixierten Unterschieden innerhalb der Art war zu dieser Zeit bereits anerkannt

Die Gefährdung von Genressourcen und die damit verbundene Notwendigkeit ihrer dringenden Erhaltung war hingegen ein völlig neuer Aspekt.

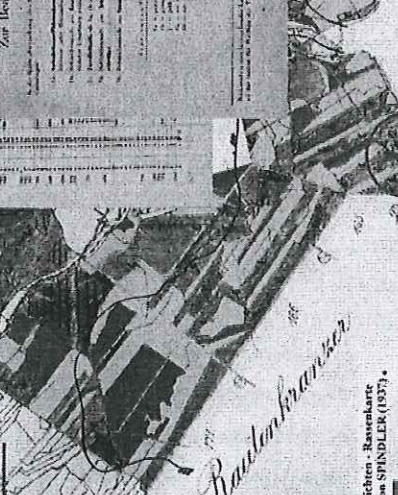


„Die noch vorhandenen Bestände zweifelslos urwüchsiger Bestockung, von der Fichte sowohl wie von der Kiefer, sollte man solange wie möglich erhalten und zur Samenerschließung benutzen.“ (entw. 9. März 1921)

1937 - 1944
erste flächendeckende Generhaltungsinventur



„Sorgfältig bildet andere Dampfungabe die Hingehörigkeit zu vermeiden und zunächst die Erhaltung unserer bodenständigen Rassen zu sichern.“
Zentralrat der Forstlichen Genressourcen
Genetische Einheit
Genetische Einheit



1951
Inventur züchterische

Auslese- und Zuchtstämme (Stand 1969)

Fichte	1348
Kiefer	649
Weiss-Tanne	102
Buche	299
Eiche	92
Erle	126
Aspe	240
Pappel	167



Das Ziel der züchterischen Inventur bestand darin, Ausgangsmaterial für Zuchtprogramme zu erfassen und zu sichern. Neben der Anlage von Samenplantagen wurde Wert darauf gelegt, der Forstpraxis geeignetes Vermehrungsgut für die Mischwaldbegründung und die Gestaltung von Waldrändern bereitzustellen.

- kontrollierte Ausbringung 1957
- 2.900 Prunus avium
 - 1.800 Pyrus pyramidalis
 - 2.400 Malus sylvestris
 - 60.000 Rosa canina
 - 500 Sambucus nigra
 - 100 Sambucus racemosa

1965

Forstliche Samenplantagen

- Die Errichtung von Samenplantagen dient:
1. der Erhaltung der in ihrem Bestande gefährdeten wertvollen Standortrassen
 2. der züchterischen Verbesserung des forstlichen Saat- bzw. Pflanzgutes
 3. der Rationalisierung der gesamten forstlichen Saatgutbeschaffung
- Schönbach 1952

Im Zeitraum von 1957 - 1965 wurden in den Forstbetrieben Sachsens auf ca. 70 ha 30 Plantagen mit über 1000 Klonen von zehn Baumarten begründet.



„Ich kann mich immer eines gewissen unbefriedigten Gefühls bei dem Gedanken nicht erwehren, dass man bei dem Bemühen, der Forstwirtschaft durch Züchtung neuer produktivere Sorten zu schaffen, die Notwendigkeit der Erhaltung der an extreme Standortverhältnisse angepassten Standortrassen, Produkte einer jahrtausendlang natürlichen Auslese, übersteht.“
Schönbach 1952

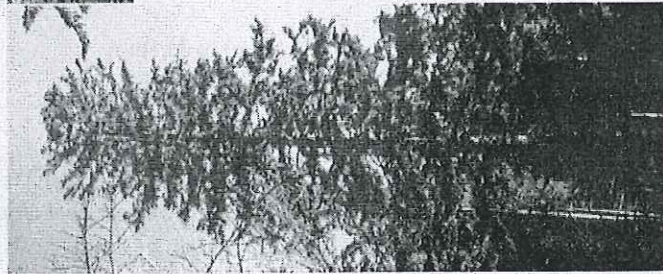
1985

Krisenmanagement

Zur Erhaltung der bestwachsensten, bodentüchtigen Fichtenbestände aus den Rauchschädigungsgebieten für spätere Zeiträume sind Erhaltungsplantagen (Genreserven) anzulegen.
(Identifiziert von Dr. Mies 1984)

1992

Forstgenbank Sachsen in Graupa

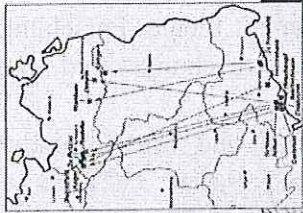


1974

Sicherung von vitalen Fichten in Immissionschädigungsgebieten

bis 1990 wurden 1467 Fichten gesichert

Achtung von Evolutionsgefährliche in unbedeutenden Gebieten 1985 - 1991



1988

Erhaltung von Genressourcen bei der Baumart Fichte

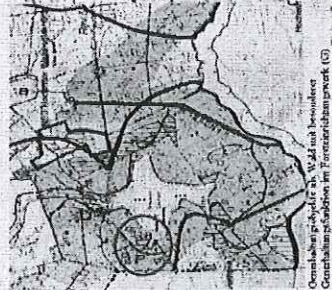
Forschungsprogramm A1

Saatzgerichte erfassen überhaupt noch möglich

autovegetative Vermehrung vorhandener Naturverjüngung

Pflanzung von Altsämlern

vegetative Vermehrung definierter Nachkommenschaften



Oonolobus pubescens (L.) W. et A. in Wald und bewirtschafteter Genhaltungssystemen im Forstzuchtanwerke (G)



Zerstückeln und Zerstörung Baumgenetische

Die Erhaltung forstlicher Genressourcen war Grundziele und Bestandteil verschiedener Aktivitäten der letzten 80 Jahre. Bereits in den ersten Jahren der Beschäftigung mit dem genetischen Potential unserer Waldbäume wurde auf dessen Gefährdung und die damit verbundene Notwendigkeit der Erhaltung hingewiesen.

In den Blütezeiten der Forstpflanzenzucht wurde der Erhaltung einer breiten genetischen Basis eine sehr hohe Bedeutung beigemessen. Sie war gleichzeitiges Ziel neben der genetischen Verbesserung der Waldbäume.

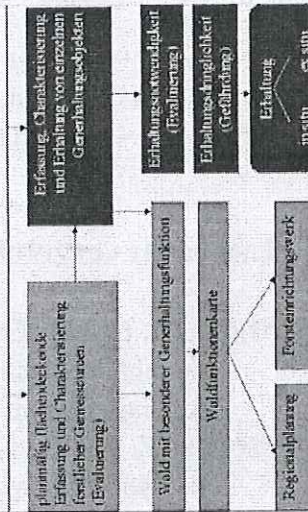
Als es im Immissionschadungsgebiet des Erzgebirges zum fächerförmigen Absterben der Wälder kam, etablierte sich die forstliche Genhaltung als eigenständiges Arbeitsgebiet im Rahmen eines bis dahin nicht gekannten Krisenmanagement zur Rettung der Vegetationsform Wald.

In der Zusammenarbeit aller beteiligter unterschiedlicher Geschlechtsgruppen gesicherten Genressourcen steht ein umfangreicher Pool von definierten genetischen Material zur Verfügung. Dieser ist bei der Lösung aktueller Aufgaben sowohl für Grundlagenforschung als auch für die Bereitstellung von geeigneten Vermehrungspartnern im Rahmen des Waldinhaltsprogramms von Bedeutung. Gleichzeitig stellt er eine Basis für künftige Züchtungsprogramme dar.

heute

Erhaltung forstlicher Genressourcen

- Strategie in Sachsen -



In der Zusammenschau aller bislang unter verschiedenen Gesichtspunkten gesicherten Genressourcen steht ein umfangreicher Pool von definiertem genetischen Material zur Verfügung. Dieser ist bei der Lösung aktueller Aufgaben sowohl für Grundlagenforschung als auch für die Bereitstellung von geeignetem Vermehrungsgut im Rahmen des Waldumbauprogramms von Bedeutung. Gleichzeitig stellt er eine Basis für künftige Züchtungsprogramme dar.

Literaturverzeichnis / References

- MIHM, M. (1988):** Erhaltung von Genressourcen bei der Baumart Fichte. Forschungsbericht A1, Institut für Forstwissenschaften Eberswalde, Forschungs- und Überleitungszentrum Graupa, 32 Seiten.
- MÜNCH, E. (1921):** Neuere Fortschritte der Pflanzenphysiologie und ihre Anwendung in der Forstwirtschaft. Antrittsvorlesung gehalten am 9.Mai 1921 in der Sächsischen Forstakademie in Tharandt, Tharandter forstliches Jahrbuch 72, S.225-244.
- PAUL, M.; HINRICHS, T.; JANSSEN, A.; SCHMITT, H.P.; SOPPA, B.; STEPHAN, B.R. & DÖRFLINGER, H. (2000):** Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland (unter Mitarbeit von W. ARENHÖVEL, A. FRANKE, R. KÄTZEL, J. KLEINSCHMIT, H.-J. MUHS, E. NATZKE, W. RUETZ, W. SCHILLING & U. TABEL). Sächsische Landesanstalt für Forsten [LAF] Pirna-Graupa, Hrsg., ISBN 3-932967-25-9, 66 Seiten.
- PAUL, M. (2000):** Erhaltung forstlicher Genressourcen in extremen Immissions-schadgebieten. *Forest, Snow and Landscape Research*, 75, pp.233-249.
- SCHÖNBACH, H. (1952):** Fragen der Forstpflanzenzüchtung, insbesondere Anlage von Saatzuchtplantagen (1. Fortsetzung). *Der Wald*, 2, S.358-360.
- SPINDLER, R. (1924):** Ergebnisse der früheren Fichtensamendarre zu Wildenthal im Sächsischen Erzgebirge und anschließende Gedanken über Ausnutzung des heurigen Samenjahres in den oberen Lagen des genannten Gebirges. *Tharandter Forstliches Jahrbuch*, 75, S.261-273.

Vorangehende Seiten :

Ausstellungsposter (Original in Farbe);
oberer Posterteil S.214, unterer Teil S.215

Pages overleaf:

Poster (originally exhibited as colour printing);
top part of the poster on page 214, bottom part on page 2159

Conservation of forest genetic resources in Saxony

MATTHIAS PAUL

Keywords: Gene conservation, forest history, Saxony, conservation strategies

Conserving genetic resources has been the base and component of a variety of forest activities in the past 1980ies. As early as in the first years of working with the genetic potential of our forest trees, it was pointed to its endangering and the concurrent necessity for conserving measures. *"Die noch vorhandenen Bestände zweifellos urwüchsiger Bestockung, von der Fichte und der Kiefer sollte man solange wie möglich erhalten und zur Samenerziehung benutzen."* [Correspondingly: *"The stands still present are undoubtedly of autochthonous stocking, from populations of Norway spruce and Scots pine as much as possible should be preserved and used for collecting seeds."*] [Professor MÜNCH on 9. Mai 1921 at the Saxon Forest Academy in Tharandt (MÜNCH 1921). Against the background of practical experience Forstmeister SPINDLER from Carlsfeld pointed out in 1924 the significance of adapted Norway spruce populations for the stability of the forests growing at higher altitudes of the Ore Mountains. *"Vorläufig bleibt unsere Hauptaufgabe die Ungewissheiten zu vermeiden und zunächst die Erhaltung unserer bodenständigen Rasse zu sichern."* [Correspondingly: *„Temporarily our main task that remains is to avoid the uncertainties and for the moment to secure the conservation of our indigenous races."*] As a consequence the first gene conservation mapping covering the total surface area was carried out in Saxony on qualifying date 15 September 1944.

In the heydays of forest plant breeding, conservation on a wide genetic base was attached very high value. It was an equivalent objective besides genetic improvement of the forest trees. Professor SCHÖNBACH, the founder of forest tree breeding in Saxony repeatedly emphasized the value of autochthonous populations and their endangering. *„Ich kann mich immer eines gewissen unbehaglichen Gefühls bei dem Gedanken nicht erwehren, dass man bei dem Bemühen der Forstwirtschaft, durch Züchtung neue produktivere Sorten zu schaffen, die Notwendigkeit der Erhaltung der an extreme Standortverhältnisse angepassten Standortsrassen, Produkte einer jahrtausendlangen natürlichen Auslese, übersieht.“* [Correspondingly: *"I always cannot help having a certain uncomfortable feeling when I think of forestry which makes its efforts to create new varieties by breeding, and by that the necessity of conserving site races adapted to extreme sites conditions, products of natural selection over thousands of years, is overlooked."*] (SCHÖNBACH 1952).

When the extensive dieback of the forests in the areas in the Ore Mountains damaged by atmospheric pollutants occurred, forest gene conservation established itself as an independent working field in the framework of before never known crisis management for saving the vegetation type forest. Initially individual tree species (Norway spruce and Scots pine) were worked on in the framework of urgent measures. However, this

field evolved very rapidly to an instrument aiming to a comprising conservation of forest gene resources covering the total surface area.

Reviewing the gene resources that have been secured under all different aspects so far, an extensive pool of defined genetic material is available. This pool is of significance in view of solving current tasks both for basic research and for providing appropriate reproductive material in the framework of the forest conversion program. Simultaneously it represents a base for future breeding programs, too.

References (cf. page 216)

Address of the author / Anschrift des Authors

FORSTOBERRAT MATTHIAS PAUL
Landesforstpräsidium Sachsen Pirna
Bonnewitzer Strasse 34
D-01796 Pirna-Graupa

e-mail: matthias.paul@lfp.smul.sachsen.de

Phänotypische, physiologische und genetische Variabilität bei verschiedenen Herkünften von Hasel (*Corylus avellana* L.) und Schneeball (*Viburnum opulus* L.)

HENDRIK RUMPF

Schlagwörter: Hasel, *Corylus avellana*, Gewöhnlicher Schneeball, *Viburnum opulus*, Herkunft, Variabilität

Aufgrund der immer schneller fortschreitenden Beanspruchung natürlicher Ressourcen durch den Menschen hat die Erhaltung der biologischen Vielfalt eine herausragende Bedeutung erlangt. Neben der Erhaltung der Lebensräume sowie der Artenvielfalt wird der Sicherung der innerartlichen Vielfalt zunehmend größere Aufmerksamkeit gewidmet. Auch im Natur- und Landschaftsbau soll der Erhaltung der biologischen Vielfalt stärker Rechnung getragen werden.

In unserer Kulturlandschaft hat die Ausdehnung künstlich begründeter Gehölzpopulationen im Vergleich zu natürlich gewachsenen Vorkommen mittlerweile überproportionale Dimensionen erreicht. Das verwendete Saat- und Pflanzgut der häufig gepflanzten Straucharten wird fast ausschließlich aus geografisch weit entfernten Klimaregionen importiert. Es wird vermutet, dass sich diese Herkünfte durch mangelnde Anpassung an die hiesigen Umweltbedingungen auszeichnen. Abgesicherte wissenschaftliche Erkenntnisse lagen bislang aber nur sehr lückenhaft vor. Inwieweit auf Dauer eine einseitige Verwendung bestimmter Herkünfte aus Süd- und Südosteuropa den Genpool gebietstypischer, einheimischer Populationen verändern mag, wurde oft sehr gegensätzlich diskutiert, ist aber letztendlich ohne Kenntnisse über die natürliche innerartliche Variabilität kaum einschätzbar.

Die an Haselnuss (*Corylus avellana*) und dem Gewöhnlichen Schneeball (*Viburnum opulus*), zweier im Landschaftsbau häufig verwendeter Straucharten mit gesamt-europäischer Verbreitung, an Sämlingspopulationen sehr unterschiedlicher geografischer Herkunft durchgeführten Untersuchungen, sollten über die natürliche Variabilität biochemisch-genetischer und anpassungsrelevanter phänotypischer Merkmale exemplarisch Aufschluss geben.

Hierzu wurden unter einheitlichen Umweltbedingungen in der Baumschule der Abt. Waldgenressourcen der Niedersächsischen Forstlichen Versuchsanstalt in Escherode (geografische Breite 51°20'N, geografische Länge 9°45'O, Höhe über NN 350 m) neben morphologischen Merkmalen an beiden Straucharten phänologische Parameter erhoben sowie das Höhenwachstum der Pflanzen beobachtet.

Die Untersuchung der Winterfrosthärte erfolgte an Container-Pflanzen unter kontrollierten Bedingungen in einer Klimakammer. Der Anteil letal geschädigter Winterknospen wurde während des Frühjahrsaustriebs im Gewächshaus ermittelt. Für *Corylus* wurden die herkunftsspezifischen „LT₅₀“ Werte hergeleitet.

Zur Einschätzung der genetischen Variabilität an Isoenzym-Genloci wurden Isoenzymanalysen unter Anwendung der Stärkegelelektrophorese durchgeführt.

Das phänologische Verhalten beider Straucharten führte insbesondere beim Vegetationsabschluss zu teilweise erheblichen Differenzierungen zwischen den Herkünften. Durch besonders lang anhaltendes Wachstum waren *Corylus*-Populationen aus Süd- und Nordostitalien sowie eine norditalienische *Viburnum*-Herkunft aus der Lombardei gekennzeichnet. Im Frühjahr trieben neben der süditalienischen *Corylus*-Herkunft Salerno vor allem ukrainische Populationen beider Arten deutlich früher als norddeutsche Herkünfte aus.

Die Einschätzung der herkunftsspezifischen Winterfrosthärte ergab in Abhängigkeit von der Strauchart sehr unterschiedliche Variationsmuster. Alle geprüften *Viburnum*-Herkünfte erwiesen sich als sehr winterfrosthart. Auch bei einer Frosteinwirkung von -32 °C wurden letale Schädigungen an Knospen kaum festgestellt. *Corylus* zeigte sich dagegen weniger winterfrosthart, wenngleich zwischen den meisten Populationen Differenzierungen erst in einem Temperaturbereich unter -30 °C auftraten. Die süditalienische Herkunft Salerno erreichte mit einem LT₅₀-Wert von -24 °C mit Abstand die geringste Frosthärte.

Die allelische Variation an Isoenzym-Genloci führte bei beiden Straucharten zu Differenzierungen in einem mit verschiedenen europäischen Laubbaumarten vergleichbaren Ausmaß. Die durchschnittlichen Allelzahlen pro Genlocus schwankten bei den *Corylus*-Populationen zwischen 2,22 und 2,66, bei den *Viburnum*-Populationen zwischen 1,57 und 1,86. Das Ausmaß allelischer Variation innerhalb der Populationen (δ_T) variierte bei beiden Arten in einer vergleichbaren Spanne von etwa 15% bis 30%. Die mittlere allelische Differenzierung δ lag zwischen den *Corylus*-Populationen mit 7,1% etwa 3% unter der bei *Viburnum* ermittelten Differenzierung. Besonders die *Corylus*-Population Salerno zeichnete sich durch deutlichere genetische Abstände d_0 zu allen anderen *Corylus*-Herkünften aus. Auch die Akkumulationsrate seltener Allele war in dieser Population vergleichsweise hoch. Bei beiden Arten waren geographisch benachbarte Populationen nicht zwangsläufig ähnlicher als solche, die geographisch weit voneinander entfernt liegen.

Mögliche Zusammenhänge zwischen allelischer und phänotypischer Merkmalsvariation wurden diskutiert. Einige vorsichtige Trends wurden aufgezeigt.

Das an *Corylus*- und *Viburnum*-Populationen insgesamt beobachtete Ausmaß natürlicher Variabilität biochemisch-genetischer und anpassungsrelevanter phänotypischer Merkmale wurde vor dem Hintergrund diskutiert, inwieweit eine herkunftsdifferenzierte Verwendung von Saat- und Pflanzgut auch bei Straucharten

sinnvoll erscheint. Der Ausschluss bestimmter, für den Anbau unter norddeutschen Klimabedingungen nicht angepasster Herkünfte, aber auch die Eignung von „Ersatzherkünften“ aus vergleichbaren ökologischen Verhältnissen sollte bei Pflanzmaßnahmen unbedingt berücksichtigt werden.

Für *Corylus avellana* und *Viburnum opulus* wurde aufgrund der beobachteten Differenzierungen innerhalb begrenzter geographischer Regionen – z.B. Norddeutschland oder Norditalien – eine Gliederung Deutschlands in wenige Herkunftsgebiete favorisiert.

Phenotypic, physiological and genetic variability of different provenances of hazel (*Corylus avellana* L.) and European cranberrybush (*Viburnum opulus* L.)

HENDRIK RUMPF

Keywords: Hazel, *Corylus avellana*, European cranberrybush, *Viburnum opulus*, provenance, variability

Due to the rapidly increasing demand on natural resources by man, conservation of biological diversity has attained eminent significance. Besides the preservation of habitats as well as the diversity of species, securing of diversity within species is given more and more attention. Also in nature protection and landscaping the conservation of biological is to be taken in greater consideration.

In our cultural landscape the extent of artificially established woody plant populations, when compared to naturally grown occurrences, has meanwhile reached disproportionate dimensions. The seed and plant stock of frequently planted woody shrub species is almost exclusively imported from climatic zones that are geographically located in far distances. It is assumed that these provenances are characterized by poor adaptation to the environmental conditions present here locally. However, tested and proved scientific knowledge is available only incomplete. It is discussed often very conflictingly to what extent the use of distinct provenances from South and Southeast Europe will be able to change the gene pool of indigenous populations. However, this fact can hardly be assessed without knowledge on the natural intraspecific variability.

The study of hazel (*Corylus avellana*) and European cranberrybush (*Viburnum opulus*) which are two woody shrub species of pan-European dispersal and are frequently used in landscaping, aimed to an insight in the natural variability of biochemical-genetic and adaptative phenotypic traits by testing seedling populations of very differing geographic origin.

For this purpose, besides morphological traits as well as the height of the plants, phenological parameters were observed for the two woody shrub species under uniform environmental conditions in the tree nursery of the Dept. Forest Gene Resources of the Lower Saxony Research Institute in Escherode (geographic latitude 51°20'N, geographic longitude 9°45'O, altitude above sea-level 350 m). The study of winter frost hardiness was carried out on container plants in a climate chamber under controlled conditions. The portion of lethally damaged dormant buds was determined in the greenhouse during flushing in spring. For hazel the „LT₅₀“ values specific for the provenances were deduced.

For assessing the genetic variability on isozyme gene loci, isozyme analyses were performed by applying starch gel electrophoresis.

The phenotypic behaviour of the two woody shrub species lead to partly significant differentiations between the provenances, in particular with respect to the vegetation termination. *Corylus* populations from South and Northeast Italy as well as a North Italian *Viburnum* provenance from Lombardy were characterized by an extremely long growth period. In spring, besides the South Italian hazel provenance Salerno, in particular Ukrainian populations of both species flushed significantly earlier than North German provenances.

The assessment of provenance specific winter frost hardiness resulted in very different variation patterns depending of the woody shrub species examined. All tested *Viburnum* provenances proved to be characterized by a very high degree of winter frost hardiness. Even when exposed to frost of -32 °C, lethal damages of the buds could hardly be observed. On the contrary, *Corylus* was found to be characterized by less winter frost hardiness, even differentiations between most populations became apparent only in the temperature range below -30 °C. The South Italian provenance Salerno had the lowest frost hardiness at a LT₅₀ value of -24 °C

The allelic variation at isozyme gene loci showed differentiations for both woody shrub species which are similar with those of different European deciduous tree species. The mean number of alleles per gene locus ranged between 2.22 and 2.66 for the *Corylus* populations, and for the *Viburnum* populations between 1.57 and 1.86. The extent of intrapopulation allelic variation (δ_T) varied for both species in a comparable span of 15% to 30%. The mean allelic differentiation δ was calculated to be 7.1%, thus being about 3% below the level of differentiation determined for *Viburnum*. In particular the *Corylus* population Salerno was characterized by more significant genetic distances to all other *Corylus* populations. In this population the accumulation rate of rare alleles

was also relatively high. Geographically adjacent populations however, were found not to be more similar than those located geographically far distant from each other.

Possible relationships between allelic and phenotypic variants of traits were discussed. Some careful trends were pointed out.

The extent of natural variability of biochemical and adaptative traits observed for *Corylus* and *Viburnum* populations was discussed against the background whether or not it is a good idea to use seed and plant stock also from woody shrub species which are differentiated according to the provenance. It is very important to exclude specific provenances that are not suited for the cultivation under North German climatic conditions, but also the suitability of "spare provenances" from comparable ecological conditions should be taken into account when performing planting measures.

Based on the observed differentiation within limited geographical regions, e.g. Northern Germany or Northern Italy, a subdivision of Germany in only few regions of provenance is favoured for *Corylus avellana* and *Viburnum opulus*.

Anschriften des Autors:

DR. HENDRIK RUMPF

Niedersächsische Forstliche Versuchsanstalt (NFV), Abt. Waldgenressourcen
Forstamtsstrasse 6, D-34355 Staufenberg-Escherode

e-mail: **hendrik.rumpf@nfv.gwdg.de**

Genetische Struktur von Wildäpfeln (*Malus sylvestris* (L.) MILL.) aus Rheinland-Pfalz und Nordrhein-Westfalen im Vergleich zu Kulturäpfeln (*Malus × domestica* BORKH.)

IRIS WAGNER, UWE TABEL, HEINZ PETER SCHMITT & WERNER D. MAURER

Schlagwörter: Wildapfel, *Malus sylvestris*, Kulturapfel, *Malus × domestica*, Isoenzym-Genmarker, Introgression

Malus sylvestris gehört zu unseren einheimischen Baumarten und ist die einzige Apfelart Mitteleuropas. Der Wildapfel zählt zu den sehr seltenen und vom Aussterben bedrohten Arten. Seine genetischen Ressourcen sollen daher durch gezielte Erhaltungsprogramme in vielen europäischen Ländern gesichert werden. Diese Ressourcen stellen auch eine potenzielle Quelle für verschiedene Resistenzen dar, z.B. Mehltairesistenz, die in der Apfelzüchtung eine große wirtschaftliche Rolle spielen. Für angemessene Erhaltungsmaßnahmen fehlen aber nach wie vor wesentliche genetische Grundlagen. Diese fehlenden Informationen betreffen heutige Vertreter der Wildart, aber auch Vertreter des Kulturapfels, der hauptsächlich als Hybridisierungsquelle gilt und infolge vermuteter Introgression eine entscheidende Gefährdungsursache für den ursprünglichen Wildapfel darstellen soll.

In dem hier vorgestellten Projekt wurden insgesamt 202 Wildäpfelbäume aus Rheinland-Pfalz [Wuchsgebiet (WG) Nördliches Oberrheinisches Tiefland, vormalige (bis 31.12.2003) Forstamtsbereiche Kandel und Bellheim] und Nordrhein-Westfalen [Forstamtsbereiche KVR–Haard (WG Westfälische Bucht), Arnsberg (WG Sauerland), Büren (heute: Paderborn) und Senne (beide WG Westfälische Bucht), Samenplantagen Merten, Delhoven (beide FA Bonn), Alverskirchen* (FA Münster)] mittels Isoenzymanalyse untersucht. Die Teilgruppen waren jeweils mit 30 bis 60 Klonen bzw. Sämlingen* (Halbgeschwister) repräsentiert. Im Vergleich dazu sind 321 alte und neue Apfelsorten, *Malus × domestica*, analysiert worden. Als Untersuchungsmaterial dienten frisch ausgetriebene Laubblätter. Die Enzymsysteme GPI, TPI, AAT, PGM, DIA, 6PGD und MDH wurden verwendet und hiervon 12 Genorte/Zonen ausgewertet. Auf der Basis neun polymorpher Genloci und ihrer Allelhäufigkeiten sind für die unterschiedlichen *Malus*-Gruppen die genetischen Parameter berechnet worden.

Die verschiedenen Teilgruppen unterscheiden sich in der mittleren Anzahl der Allele (A/L) und Genotypen (G/L) pro Locus sowie der mittleren Heterozygotie (H_a und H_c), in der Gesamtdifferenzierung (δ_T) und der Diversität (v). Die meisten der untersuchten Genloci weisen einen Majorpolymorphismus auf. An einigen Loci sind artspezifische Allele zu beobachten; *sylvestris*-spezifisch erscheinen z.B. TPI-5'c', DIA-4'a' und PGM-1'c' (vgl. Abb. 1). Das bemerkenswerte Resultat dieser Untersuchung ist der vergleichsweise hohe genetische Abstand zwischen *M. sylvestris* und *M. × domestica* (d_0), der abhängig von der jeweiligen ‚*sylvestris*‘-Gruppe, welche mit ‚*domestica*‘ verglichen wird, zwischen 0.30 und 0.45 liegt (vgl. Tab. 1 und Tab. 2). Eine intensive

Mitteilungen aus der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Nr. 52/04, S.224-230.

genetische Vermischung zwischen Wild- und Kulturapfel konnte auf der Basis der hier untersuchten Genmarker und Wildapfel-Kollektive nicht nachgewiesen werden. Wild- und Kulturapfel lassen sich deutlich in zwei unterschiedliche Genpools trennen. Obwohl der Apfel bereits seit Jahrhunderten züchterisch bearbeitet und in ganz Europa kultiviert wird, konnte der europäische Wildapfel offensichtlich seine genetische Identität bis heute bewahren. Introgression ist hingegen erkennbar (z.B. TPI-5' b' und PGM-1' d'; Absicherung an größerer ‚sylvestris‘-Stichprobe), die derzeitigen Ergebnisse weisen jedoch darauf hin, dass Genfluss weder in die eine noch in die andere Richtung in extremem Ausmaß stattgefunden hat. Diese Erkenntnisse sind in Bezug auf künftige Erhaltungsprogramme ausgesprochen ermutigend.

Genetic structure of wild apples (*Malus sylvestris* (L.) MILL.) growing in Rhineland-Palatinate and North Rhine-Westphalia in comparison to domesticated apples (*Malus × domestica* BORKH.)

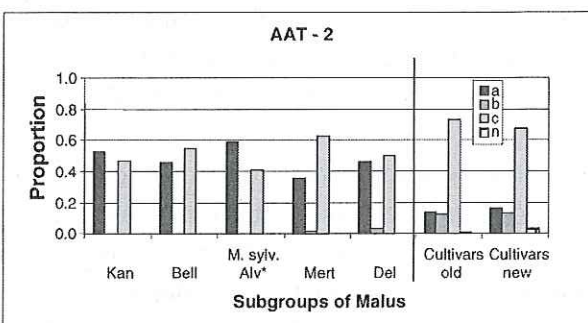
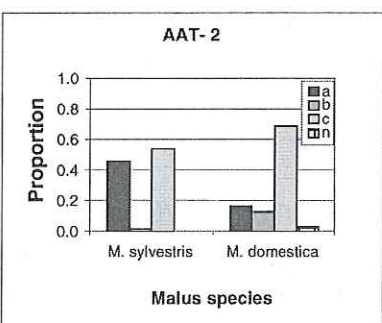
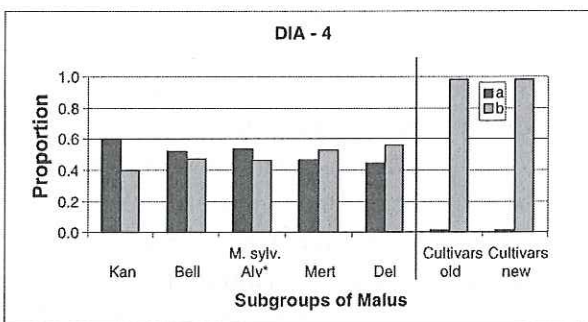
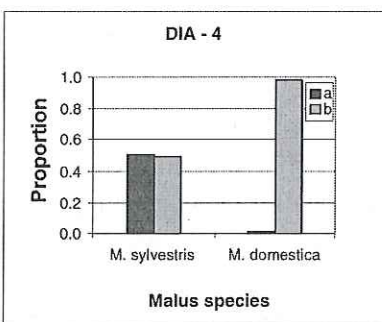
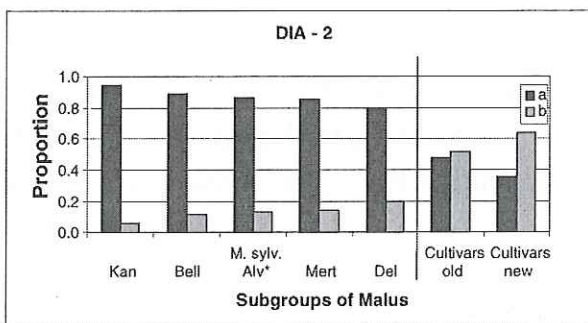
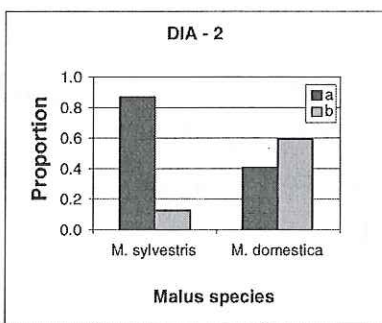
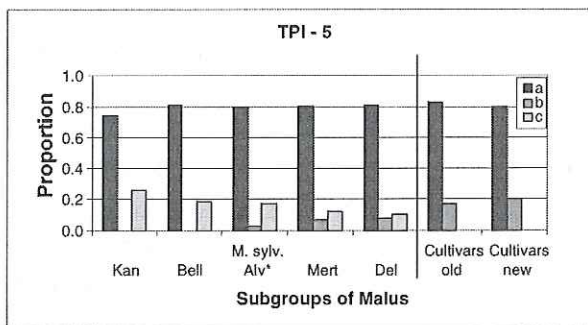
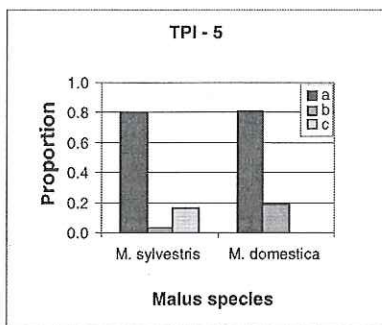
IRIS WAGNER, UWE TABEL, HEINZ PETER SCHMITT & WERNER D. MAURER

Keywords: Wild apple, *Malus sylvestris*, cultivated apple, *Malus × domestica*, isozyme gene marker, introgression

Malus sylvestris, the only *Malus* species native to Central Europe, belongs to the species considered to be very rare and thus to be seriously endangered. The genetic resources of this forest tree are a potential source for horticultural apple breeding due to several disease resistances. One major obstacle to develop conservation strategies appropriate to protect this native fruit tree from becoming extinct is the lack of genetic knowledge concerning its natural constitution and the influence of introgression by *Malus × domestica*. The most common markers used for genetic inventories in forest trees are enzyme gene loci still.

Isozyme analyses were performed to describe the genetic structure of 202 trees representing *M. sylvestris* from different western regions in Germany in comparison to 321 old and new cultivars of *M. × domestica*. Twelve isozyme loci/zones from the enzyme systems GPI, TPI, AAT, PGM, DIA, 6PGD, and MDH have been investigated using fresh leaves. Genetic parameters were calculated on the basis of allele frequencies of nine polymorphic loci within different *Malus* groups.

The various gene pools differ in their mean number of alleles (A/L) and genotypes (G/L) per locus, mean heterozygosity (H_a and H_c), total differentiation (δ_T), and diversity (v). Most loci show major polymorphism. The most important result is the relatively high genic distance (d_0) between *M. sylvestris* and *M. × domestica* that ranges from 0.30 to 0.45 depending on the gene pools compared. Introgression can be observed but the results of this study indicate that gene flow in either direction has not occurred to a large extent.



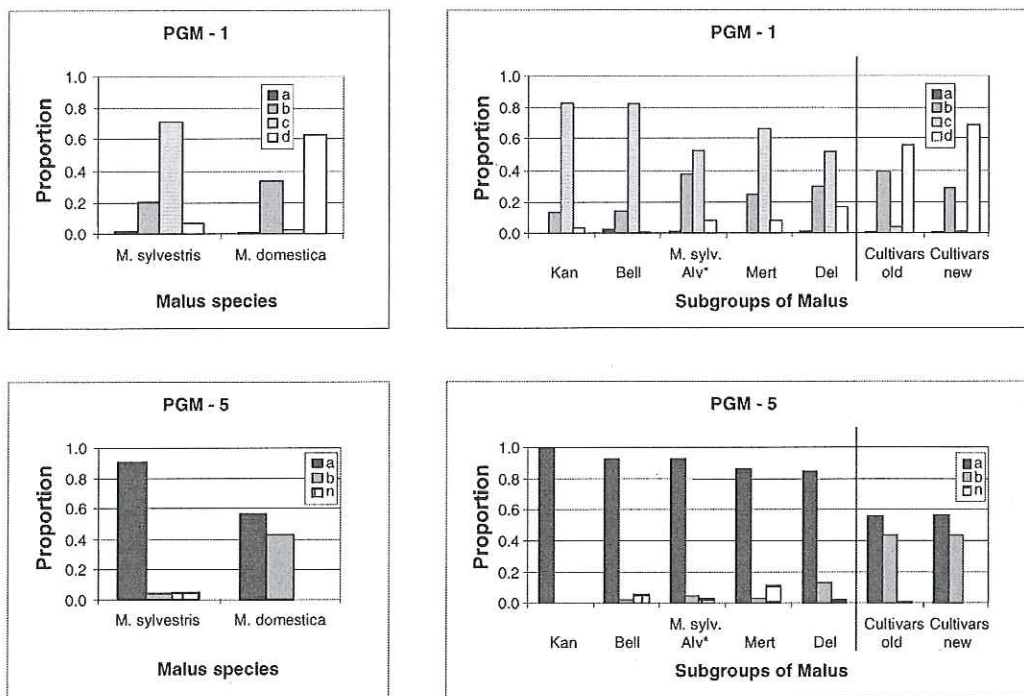


Abb. 1: Allelhäufigkeiten von TPI-5, DIA-4, AAT-2, PGM-1, PGM-5 und DIA-2 in den *Malus* Gruppen (MDH-4, 6PGD-1 und AAT-1 zeigen ähnlich wie DIA-2 auffällige Unterschiede und Gradienten der Allelhäufigkeiten zwischen den Kollektiven; ‚*sylvestris*‘ nach d_0 gruppiert).

Fig. 1: Allele frequencies for TPI-5, DIA-4, AAT-2, PGM-1, PGM-5 and DIA-2 in *Malus* groups (MDH-4, 6PGD-1 and AAT-1 show obvious differences and gradients of allele frequencies between the groups such as DIA-2; ‚*sylvestris*‘ grouped by d_0).

Tab. 1: Genetische Struktur von *Malus sylvestris* (nur Klone) und *Malus* \times *domestica*.
Genetic structure of *Malus sylvestris* (clones only) and *Malus* \times *domestica*.

Genetic parameters	Malus species	
	<i>Malus sylvestris</i> N = 165	<i>Malus</i> \times <i>domestica</i> N = 321
Measures of		
Variation between samples		
d_0	0.353	
Genetic distance	0.342 _{old} - 0.369 _{new}	
Variation within samples		
Total population different. δ_T	0.396	0.415
Diversity v	1.653	1.708
Diversity v_{gam}	134	254
A/L	3.00	2.89
G/L	5.22	5.22
P	1.00	1.00
Heterozygosity		
H_a	0.328	0.419
H_c	0.599	0.765

Tab. 2: Genetische Struktur in Kollektiven von Wildapfel und Kulturapfel.
Genetic structure of subgroups within wild and cultivated apples.

Genetic parameters ²	<i>Malus sylvestris</i>					<i>M. × domestica</i> cultivars	
	Kandel	Bellheim	Alverskir. ¹	Merten	Delhoven	old	new
Var. between							
D_0	0.445	0.407	0.351	0.338	0.295		
to cultivars	0.438-0.456	0.400-0.420	0.327-0.371	0.319-0.356	0.277-0.314		
Var. within							
δ_T	0.352	0.359	0.383	0.390	0.425	0.412	0.413
v	1.530	1.552	1.608	1.624	1.725	1.697	1.700
v_{gam}	68	74	114	103	202	235	239
A/L	2.44	2.67	2.56	2.78	2.89	2.78	2.89
G/L	3.33	3.89	3.44	3.89	4.67	4.78	4.56
P	0.89	1.00	0.89	1.00	1.00	1.00	1.00
Heterozygosity							
H_a	0.310	0.316	0.373	0.331	0.353	0.433	0.409
H_c	0.710	0.674	0.639	0.621	0.602	0.776	0.763

¹ Special subgroup (seedlings, no clones); Alv* in Fig. 1

² For abbreviations see Tab. 1 and text

Danksagung

Wir bedanken uns sehr herzlich bei HERRN MASSIMILIANO CIGLIANO und FRAU CHRISTINE GEIBEL für die technische Unterstützung bei den Isoenzymanalysen im Labor. HERRN PROF. DR. MANFRED FISCHER, Genbank Obst in Dresden-Pillnitz, und HERRN MEINOLF HAMMERSCHMIDT, Baumschule „Alte Obstsorten“ in Sörup, danken wir sehr dafür, dass sie Apfelsorten für eine Beprobung zur Verfügung gestellt haben.

Die Förderung der Studie erfolgte durch die FAWF Rheinland-Pfalz und die LÖBF Nordrhein-Westfalen.

Literaturhinweise / References

- BÜTTNER, R. (1999):** *Malus sylvestris* (L.) Mill. – eine potenzielle Quelle für Mehltreueresistenz in der Apfelzüchtung. *Erwerbsobstbau*, 41, S.100-1001.
- COART, E., VEKEMANS, X., SMULDERS, M.J.M., WAGNER, I., VAN HUYLENBROECK, J., VAN BOCKSTAELE, E. & ROLDAN-RUIZ, I. (2004?):** I. Genetic variation in the endangered wild apple (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) in Belgium as revealed by AFLP and microsatellite markers. *Molecular Ecology* (accepted 9.12.2002, in press).
- GILLET, E.M. (2001):** GSED „Genetic Structures from Electrophoresis Data“. User's Manual, Version 1.1h – Aug. '01;
<http://www.uni-forst.gwdg.de/forst/fg/software.htm>.
- LAMBOY, W.F.; YU, J.; FORSLINE P.L. & WEEDEN, N.F. (1996):** Partitioning of Allozyme Diversity in Wild Populations in *Malus sieversii* L. and Implications for Germplasm Collections. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 121, pp.982-987.
- MAURER, W.; REMMY, K.; TABEL, U. & WAGNER, I. (2002):** Einleitende morphologische und genetische Untersuchungen an 'Wildäpfeln' zur Frage ihrer Wildformnähe zur Art *Malus sylvestris* (L.) Mill. Berichte des Forschungszentrums Waldökosysteme, Reihe B, S.68.
- MORGAN, J. & RICHARDS, A. (1993):** The Book of Apples. Ebury Press, London.
- MÜLLER-STARCK, G. (1996)** Beiträge der Forstgenetik zur nachhaltigen Waldbewirtschaftung. In: G. MÜLLER-STARCK. (Hrsg.): Biodiversität und nachhaltige Forstwirtschaft. Ecomed-Verlagsgesellschaft, Landsberg, S.259-283.
- RAJORA, O.P. & ZSUFFA, L. (1990):** Allozyme divergence and evolutionary relationships among *Populus deltoides*, *P. nigra* and *P. maximowiczii*. *Genome*, 33, pp.44-49.
- STEPHAN, R., WAGNER, I. & KLEINSCHMIT, J. (2003):** EUFORGEN Technical Guidelines for genetic conservation and use for wild apple and pear (*Malus sylvestris* and *Pyrus pyraeaster*). International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy. 6 pages
- WAGNER, I.; SCHMITT, H.P.; MAURER, W. & TABEL, U. (2004?):** Isozyme polymorphism and genetic structure of *Malus sylvestris* (L.) Mill. in western areas of Germany with respect to *Malus x domestica* Borkh. *Acta Horticulturae* (in review)
- WAGNER, I. & WEEDEN, N.F. (2000):** Isozymes in *Malus sylvestris*, *Malus domestica* and in related *Malus* species. *Acta Horticulturae*, 538, pp.51-56.

- WAGNER, I. & WEEDEN, N.F. (2001):** Genetische Identifizierung von *Malus sylvestris* als Voraussetzung für seine nachhaltige Nutzung. In: Nachhaltige Nutzung forstgenetischer Ressourcen. Schriftenreihe aus der Sächsischen Landesanstalt für Forsten, S.145-150.
- WEEDEN, N.F. & LAMB, R.C. (1985):** Identification of Apple Cultivars by Isozyme Phenotypes. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 110, pp.509-515.

Anschriften der Autorin und der Autoren:

DR. IRIS WAGNER

Forschungsinstitut Pro Arbore
Gustav-Adolf-Strasse 3,
D-01219 Dresden

e-mail: **iriswagner@aol.com**

FORSTDIREKTOR I.R. UWE TABEL

Hohenstaufenstrasse 1
D-76855 Annweiler

e-mail: **uwe.tabel@gmx.de**

FORSTDIREKTOR HEINZ PETER SCHMITT

Landesanstalt für Ökologie, Bodenordnung und Forsten Nordrhein-Westfalen,
- Forstgenbank -, Obereimer 2a
D-59821 Arnsberg

e-mail: **heinz-peter.schmitt@loebf.nrw.de**

DR. WERNER D. MAURER

SGD Süd, Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz,
Abt. Genressourcen und Forstpflanzenerzeugung, Schloss,
D-67705 Trippstadt

e-mail: **werner.maurer@wald-rlp.de**

Liste der Teilnehmerinnen und Teilnehmer / *List of participants*

Adressen (Stand 1. Januar 2004) / *Addresses (up to January 1, 2004)*

DR. EBERHARD **ALDINGER**

Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg (FVA)

Abt. Waldökologie, Wonnhaldestrasse 4

D-79100 Freiburg

fon: +49-761-4018-183, fax: +49-761-4018-333

e-mail: Eberhard.Aldinger@forst.bwl.de

FD I.R. ROLF **ALTHERR**

Kaiserstrasse 50

D-66849 Landstuhl

e-mail: Realtherr@aol.com

DR. PATRICIA **BALCAR**

SGD Süd, Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz

(FAWF), Abt. Wald- und Wildökologie, Schloss

D-67705 Trippstadt

fon: +49-6306-911-119, fax: +49-6306-911-200

e-mail: patricia.balcar@wald-rlp.de

DR. ION **BARBU**

Forest Research Institute, Department of Forest Ecology

Calea Bucovinei Nr. 73

RO-725100 Campulung-Moldovenesc (Romania)

fon: 0040-230-3147-47, fax: 0040-230-3147-46

e-mail: barbu.ion@icassv.ro

LFD ALBRECHT **BEHM**

Bayerisches Amt für forstliche Saat und Pflanzenzucht (ASP)

Forstamtsplatz 1

D-83317 Teisendorf

fon: +49-8666-9882-23, fax: +49-8666-9882-30

e-mail: albrecht.behm@foasp-bgl.bayern.de

DR. FRITZ **BERGMANN**

Sollingstrasse 81

D-37081 Göttingen

fon: +49-551-93578

e-mail: Bergmann.Fritz@gmx.de

EVA CREMER

Niedersächsische Forstliche Versuchsanstalt (NFV)

Abt. Waldgenressourcen, Forstamtstrasse 6

D-34355 Staufenberg-Escherode

fon: +49-5543-9408-54, fax: +49-5543-9408-61

e-mail: eva.cremer@nfv.gwdg.de

MARIE-CARMEN DACASA-RUEDINGER

Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg (FVA)

Abt. Waldökologie, Wonnhaldestrasse 4

D-79100 Freiburg

fon: +49-761-4018-182, fax: +49-761-4018-333

e-mail: Marie-Carmen.Dacasa-Ruedinger@forst.bwl.de

MR I.R HELMUT DÖRFLINGER

Schubertstrasse 70

D-53359 Rheinbach

fon: +49-2226-3239

DR. AIKATERINI DOUNAVI

Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg (FVA)

Abt. Waldökologie, Wonnhaldestrasse 4

D-79100 Freiburg

fon: +49-761-4018-159, fax: +49-761-4018-333

e-mail: Aikaterini.Dounavi@forst.bwl.de

DR. WALTER EDER

Ministerium für Umwelt und Forsten Rheinland-Pfalz, Abt. Forsten

Kaiser-Friedrich-Strasse 1, D-55116 Mainz

fon: +49-6131-1659-57, fax: +49-6131-1659-26

e-mail: walter.eder@muf.rlp.de

DR. HARALD EGIDI

Ministerium für Umwelt und Forsten Rheinland-Pfalz, Abt. Forsten

Kaiser-Friedrich-Strasse 1, D-55116 Mainz

fon: +49-6131-1659-57, fax: +49-6131-1659-26,

e-mail: hegidi@wald-rlp.de

FD HANS-PETER EHRHARD

Forstamt Edenkoben, Weinstrasse 29 (aufgelöst 1.1.2004)

D-67480 Edenkoben

fon: +49-6323-2151, fax: +49-6323-2226

e-mail: hans-peter.ehrhart@wald-rlp.de

PD DR. MATTHIAS FLADUNG

BFH, Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung

Sieker Landstrasse 2

D-22927 Großhansdorf

fon: +49-4102-696-159, fax: +49-4102-696-200

e-mail: mfladung@uni-hamburg.de

FOR ALBRECHT FRANKE

Forstdirektion Freiburg, Außenstelle Güntertalstrasse 72

D-79100 Freiburg i.B.

fon: +49-761-70436-216

e-mail: albrecht.franke@forst.bwl.de

PROF. DR VELITCHKO GAGOV

University of Forestry Sofia, Dept. Forest Genetics and Tree Breeding

Kliment Ohridski Blvd. 10

BG-1756 Sofia (Bulgaria)

fon: 00359-8831-5274; fax: 00359-2-928-4648

e-mail: vgagov@ltu.acad.bg

DR. KARL GEBHARD

Hessen-Forst – Servicestelle Forsteinrichtung, Information und Versuchswesen (FIV),

Prof. Oelkers-Strasse 6

D-34346 Hann-Münden

fon: +49-5541-7004-57, fax: +49-5541-7004-73

e-mail: GebhardtK@forst.hessen.de

KARL-GUNTER GLOWALLA

Landesforstanstalt Eberswalde

Alex-Möller-Strasse 1

D-16225 Eberswalde

OFR BOLKO HAASE

Staatliche Samenklengle Rheinland-Pfalz, Schankstrasse 2, D-67471 Elmstein

fon: +49-6328-982-112, fax: +49-6328-982-130 sowie seit 1.1.2004:

SGD Süd, Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft (FAWF)

Rheinland-Pfalz, Abt. Genressourcen und Forstpflanzenerzeugung, Schloss

D-67705 Trippstadt

fon: +49-6306-911-117, fax: +49-6306-911-200

e-mail: bolko.haase@wald-rlp.de

PROF. DR. EM. **HANS HEINRICH HATTEMER**
Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung der
Georg-August-Universität Göttingen, Büsgenweg 2
D-37077 Göttingen
e-mail: hhattem@gwdg.de

FORSTAMTMANN **PATRICK HEINTZEN**
SGD Süd, Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft (FAWF)
Rheinland-Pfalz, Abt. Genressourcen und Forstpflanzenenerzeugung, Schloss
D-67705 Trippstadt
fon: +49-6306-911-118, fax: +49-6306-911-200
e-mail: patrick.heintzen@wald-rlp.de

DR. HEIKE **HERTEL** (LIESEBACH)
BFH, Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung
Eberswalder Chaussee 3A
D-15377 Waldsiedersdorf
fon: +49-33433-157-174, fax: +49-33433-157-199
e-mail: hertel@holz.uni-hamburg.de

ORR THORSTEN **HINRICHS**
Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und
Landwirtschaft (BMVEL), Rochusstrasse 1
D-53123 Bonn
fon: +49-228-529-4287, fax: +49-228-529-4318
e-mail: Thorsten.Hinrichs@bmvel.bund.de

DR. BERNHARD **HOSIUS**
ISOGEN, Heiligenstädterstrasse 1
D-37133 Reckershausen
fon: +49-5504-8809, fax: +49-5504-8809
e-mail: hosius@aol.com

ENG. VLADIMI **JANECEK**
Czech University of Agriculture Prague, Kamýcká,
CZ-16500 Praha 6 – Suchbát (Czech Republic)

DR. RALF **KÄTZEL**
Landesforstanstalt Eberswalde, Alex-Möller-Strasse 1
D-16225 Eberswalde
fon: +49-3334-65-230, fax: +49-3334-65-239
e-mail: ralf.kaetzel@lfe-e.brandenburg.de

DR. RAPHAEL TH. KLUMPP

Universität für Bodenkultur Wien, Institut für Waldbau

Peter-Jordanstrasse 70

A-1190 Wien (Austria)

fon: 00431-47654-4063, fax: 00431-47654-4092

e-mail: raphael.klumpp@boku.ac.at

PROF. DR. JAROSLAV KOBLIHA

Czech University of Agriculture Prague

Dept. Dendrology and Forest Improvement, Kamýcká

CZ-16500 Praha 6 - Suchdol (Czech Republic)

fon: 0042-321679836, fax: 0042-321679836

e-mail: kobliha@kostelec.czu.cz; kobliha@lf.czu.cz

DR. MONIKA KONNERT

Bayerisches Amt für forstliche Saat und Pflanzenzucht (ASP)

Forstamtsplatz 1

D-83317 Teisendorf

fon: +49-8666-9883-13, fax: +49-8666-9883-0

e-mail: monika.konnert@foasp-bgl.bayern.de

OFR JOACHIM LANGSHAUSEN

Ministerium für Umwelt und Forsten Rheinland-Pfalz, Abt. Forsten

Kaiser-Friedrich-Strasse 1

D-55116 Mainz;

fon: +49-6131-1659-63, fax: +49-6131-1659-26

e-mail: joachim.langshausen@wald-rlp.de

DR. LUDGER LEINEMANN

Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung der

Georg-August-Universität Göttingen

Büsgenweg 2

D-37077 Göttingen

fon: +49-551-39-9512, fax: +49-551-39-8367

e-mail: lleinem@gwdg.de

RALF LIESCHIED

Forstamt Kastellaun, Forsthausstrasse 3

D-56288 Kastellaun

fon: +49-6762-7279, fax: +49-6762-7412

e-mail: Ralf.Lieschied@wald-rlp.de

DR. ROMAN LONGAUER
Forest Research Institute, Dept. Forest Management
T.G. Masaryka 22
SK-96092 Zvolen (Slovakia)
fon: 00421-4553-14327, fax: 00421-4553-21883
e-mail: longauer@fris.sk

DR. WERNER D. MAURER
SGD Süd, Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft (FAWF)
Rheinland-Pfalz, Abt. Genressourcen und Forstpflanzenerzeugung, Schloss
D-67705 Trippstadt
fon: +49-6306-911-134, fax: +49-6306-911-200
e-mail: werner.maurer@wald-rlp.de

PROF. DR. LEON MEJNARTOWICZ
Polish Academy of Sciences, Institute of Dendrology, Biochemical Genetic Laboratory
PL-62-035 Kornik (Poland)
fon: 0048-618170-033, fax: 0048-618170-166
e-mail: lmejart@man.poznan.pl

PROF. DR. EM. GEORG HEINRICH MELCHIOR
Christian-Rinck-Strasse 11
D-35392 Gießen
fon: +49-641-28313, fax: +49-6405-3788

DR. FERDINAND MÜLLER
Bundesamt und Forschungszentrum für Wald (BFW)
Institut für Waldbau, Hauptstrasse 7
A-1140 Wien (Austria)
fon: 0043-187838-2206, fax: 0043-187838-2250
e-mail: Ferdinand.Mueller@bfw.gv.at

PROF. DR. GERHARD MÜLLER-STARCK
Technische Universität München, Wissenschaftszentrum Weihenstephan für
Ernährung, Landnutzung und Umwelt, Fachgebiet Forstgenetik
Am Hochanger 13
D-85354 Freising
fon: +49-8161-7146-72, fax: +49-49-8161-7148-61
e-mail: mueller-starck@forst.tu-muenchen.de

FOR MATTHIAS PAUL

Landesforstpräsidium Sachsen, Bonnewitzer Straße 34
D-01796 Pirna

fon: +49-3501-542-228, fax: +49-3501-542-213

e-mail: matthias.paul@lfp.smul.sachsen.de

DR. HENDRIK RUMPF

Niedersächsische Forstliche Versuchsanstalt (NFV)

Abt. Waldgenressourcen, Forstamtsstrasse 6

D-34355 Staufenberg-Escherode

fon: +49-5543-9408-52, fax: +49-5543-9408-61

e-mail: hendrik.rumpf@nfv.gwdg.de

FD ARMIN SCHICK

Forstamt Kastellaun, Forsthausstrasse 3

D-56288 Kastellaun

fon: +49-6762-7279, fax: +49-6762-7412

e-mail: Armin.Schick@wald-rlp.de

FD HEINZ PETER SCHMITT

LÖBF-Forstgenbank Nordrhein-Westfalen, Obereimer 2a

D-59821 Arnsberg

fon: +49-2931-5243-21, fax: +49-2931-5243-20

e-mail: heinz-peter.schmitt@loebf.nrw.de

DR. WILFRIED STEINER

Niedersächsische Forstliche Versuchsanstalt (NFV)

Abt. Waldgenressourcen, Forstamtsstrasse 6

D-34355 Staufenberg-Escherode

fon: +49-5543-9408-10, fax: +49-5543-9408-61

e-mail: wilfried.steiner@nfv.gwdg.de

FD I.R. UWE TABEL

Hohenstauferstrasse 1

D-76855 Annweiler

fon: +49-6346-698353, fax: +49-6346-698353

e-mail: uwe.tabel@gmx.de

DR. ERIC TEISSIER DU CROS

National Institute for Agricultural Research (INRA)

Centre of Avignon, Laboratory of Mediterranean Forestry Research

12, Avenue Antoine Vivaldi

F-84000 Avignon (France)

fon: 0033-4901-359-11, fax: 0033-4901-359-9

e-mail: erichteissierducros@avignon.inra.fr

FORST-ING. MARCUS ULBER

Eidgenössische Forschungsanstalt WSL, Abteilung Genetische Ökologie

Zürcherstrasse 111

CH-8903 Birmensdorf (Switzerland)

fon: 0041-1739-2493, fax: 0041-1739-2215

e-mail: marcus.ulber@wsl.ch

WOLFGANG VOTH

Landesamt für Forsten und Großschutzgebiete, Außenstelle Schwerin

Zeppelinstrasse 3

D-19061 Schwerin

fon: +49-385-67001-12, fax: +49-385-67001-02

e-mail: w.voth@lfg.mvnet.de

DR. IRIS WAGNER

Forschungsinstitut Pro Arbore, Gustav-Adolf-Strasse 3

D-01219 Dresden;

fon: +49-351-4759619, fax: +49-351-4759619

e-mail: iriswagner@aol.com

PROF. DR. BIRGIT ZIEGENHAGEN

Phillips-Universität Marburg,

Fachbereich Biologie, Naturschutzbiologie

Karl von Frisch-Straße

D-35032 Marburg

fon: +49-6421-28265-85, fax: +49-6421-28265-88

e-mail: ziegenha@staff.uni-marburg.de

Bisher sind folgende Mitteilungen aus der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz erschienen:

53/2004	JAHRESBERICHT 2003 / <i>Annual Report 2003</i> ISSN 0931-9662 ISSN 0936-6067	
52/2004	MAURER (Hrsg.): Zwei Jahrzehnte Genressourcen-Forschung in Rheinland-Pfalz: Umsetzung des Konzepts zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen – <i>Tagungsbericht zum Internationalen Genressourcen-Kolloquium am 28./29. Oktober 2003 auf dem Hambacher Schloss bei Neustadt/Wstr.</i>	€ 15,--
51/2003	JAHRESBERICHT 2002 / <i>Annual Report 2002</i> ISSN 0931-9662 ISSN 0936-6067	
50/2003	MAURER (Hrsg.): Ökologie und Waldbau der Weißtanne – <i>Tagungsbericht zum 10. Internationalen IUFRO Tannensymposium am 16.-20. September 2002 an der FAWF in Trippstadt</i> ISSN 1610-7705	€ 15,--
49/2002	MAURER (Hrsg.): Vom genetischen Fingerabdruck zum gesicherten Vermehrungsgut: Untersuchungen zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in Rheinland-Pfalz ISSN 1610-7705	€ 15,--
48/2002	JAHRESBERICHT 2001 / <i>Annual Report 2001</i> ISSN 0931-9662 ISSN 0936-6067	
47/2001	JAHRESBERICHT 2000 / <i>Annual Report 2000</i> ISSN 0931-9662 ISSN 0936-6067	
46/1999	JAHRESBERICHT 1999 ISSN 0931-9662 ISSN 0936-6067	
45/1999	DELB, BLOCK Untersuchungen zur Schwammspinnerkalamität von 1992–1994 in Rheinland-Pfalz ISSN 0931-9662	€ 13,--
44/1998	JAHRESBERICHT 1998 ISSN 0931-9662 ISSN 0936-6067	
43/1997	JAHRESBERICHT 1997 ISSN 0931-9662 ISSN 0936-6067	
42/1997	BÜCKING, EISENBARTH, JOCHUM Untersuchungen zur Lebendlagerung von Sturmwurfholz der Baumarten Fichte, Kiefer, Douglasie und Eiche ISSN 0931-9662	€ 10,--

41/1997	MAURER, TABEL (Hrsg.) [AUTORENKOLLEKTIV]: Stand der Ursachenforschung zu Douglasienschäden – derzeitige Empfehlungen für die Praxis ISSN 0931-9662	€ 10,--
40/1997	SCHRÖCK (Hrsg.): Untersuchungen an Waldökosystemdauerbeobachtungsflächen in Rheinland- Pfalz – <i>Tagungsbericht zum Kolloquium am 04. Juni 1996 in Trippstadt</i> - ISSN 0931-9662	€ 8,--
39/1997	JAHRESBERICHT 1996 ISSN 0931-9662 ISSN 0936-6067	
38/1996	BALCAR (Hrsg.) [AUTORENKOLLEKTIV]: Naturwaldreservate in Rheinland-Pfalz: Erste Ergebnisse aus dem Naturwaldreservat Rotenberghang im Forstamt Landstuhl ISSN 0931-9662	€ 13,--
37/1996	HUNKE: Differenzierte Absatzgestaltung im Forstbetrieb - Ein Beitrag zu Strategie und Steuerung der Rundholzvermarktung ISSN 0931-9662	€ 10,--
36/1996	JAHRESBERICHT 1995 ISSN 0931-9662 ISSN 0936-6067	
35/1995	BLOCK, BOPP, BUTZ-BRAUN, WUNN: Sensitivität rheinland-pfälzischer Waldböden gegenüber Bodendegradation durch Luftschadstoffbelastung ISSN 0931-9662	€ 8,--
34/1995	MAURER, TABEL (Hrsg.) [AUTORENKOLLEKTIV]: Genetik und Waldbau unter besonderer Berücksichtigung der heimischen Eichenarten ISSN 0931-9662	€ 8,--
33/1995	EISENBARTH: Schnittholzeigenschaften bei Lebendlagerung von Rotbuche (<i>Fagus sylvatica</i> L.) aus Wintersturmwurf 1990 in Abhängigkeit von Lagerart und Lagerdauer ISSN 0931-9662	€ 6,--
32/1995	AUTORENKOLLEKTIV Untersuchungen an Waldökosystem-Dauerbeobachtungsflächen in Rheinland- Pfalz ISSN 0931-9662	€ 6,--
31/1995	JAHRESBERICHT 1994 ISSN 0931-9662 ISSN 0936-6067	
30/1994	SCHÜLER: Ergebnisse forstmeteorologischer Messungen für den Zeitraum 1988 bis 1992 ISSN 0931-9662	€ 6,--
29/1994	FISCHER: Untersuchung der Qualitätseigenschaften, insbesondere der Festigkeit von Douglasien-Schnittholz (<i>Pseudotsuga Menziesii</i> (Mirb.) Franco), erzeugt aus nicht-wertgeästeten Stämmen ISSN 0931-9662	€ 6,--

28/1994	SCHRÖCK: Kronenzustand auf Dauerbeobachtungsflächen in Rheinland-Pfalz - Entwicklung und Einflußfaktoren - ISSN 0931-9662	€ 6,--
27/1994	OESTEN, ROEDER: Zur Wertschätzung der Infrastrukturleistungen des Pfälzerwaldes ISSN 0931-9662	€ 6,--
26/1994	JAHRESBERICHT 1993 ISSN 0931-9662 ISSN 0936-6067	
25/1994	WIERLING: Zur Ausweisung von Wasserschutzgebieten und den Konsequenzen für die Forstwirtschaft am Beispiel des Pfälzerwaldes ISSN 0931-9662	€ 6,--
24/1993	BLOCK: Verteilung und Verlagerung von Radiocäsium in zwei Waldökosystemen in Rheinland-Pfalz insbesondere nach Kalk- und Kaliumdüngungen ISSN 0931-9662	€ 6,--
23/1993	HEIDINGSFELD: Neue Konzepte zum Luftbildeinsatz für großräumig permanente Waldzustandserhebungen und zur bestandesbezogenen Kartierung flächenhafter Waldschäden ISSN 0931-9662	€ 10,--
22/1993	JAHRESBERICHT 1992 ISSN 0931-9662 ISSN 0936-6067	
21/1992	AUTORENKOLLEKTIV: Der vergleichende Kompensationsversuch mit verschiedenen Puffersubstanzen zur Minderung der Auswirkungen von Luftschadstoffeinträgen in Waldökosystemen - Zwischenergebnisse aus den Versuchsjahren 1988 - 1991 - ISSN 0931-9662	€ 6,-- vergriffen
20/1992	JAHRESBERICHT 1991 ISSN 0931-9662 ISSN 0936-6067	
19/1991	AUTORENKOLLEKTIV: Untersuchungen zum Zusammenhang zwischen Sturm- und Immissionsschäden im Vorderen Hunsrück - "SIMS" - ISSN 0931-9662	€ 6,--
18/1991	SCHÜLER, BUTZ-BRAUN, SCHÖNE: Versuche zum Bodenschutz und zur Düngung von Waldbeständen ISSN 0931-9662	€ 6,--
17/1991	BLOCK, BOPP, GATTI, HEIDINGSFELD, ZOTH: Waldschäden, Nähr- und Schadstoffgehalte in Nadeln und Waldböden in Rheinland-Pfalz ISSN 0931-9662	€ 6,--

16/1991	BLOCK, BOCKHOLT, BORCHERT, FINGERHUT, HEIDINGSFELD, SCHRÖCK: Immissions-, Wirkungs- und Zustandsuntersuchungen in Waldgebieten von Rheinland-Pfalz - Sondermeßprogramm Wald, Ergebnisse 1983-1989 ISSN 0931-9662	€ 6,--
15/1991	JAHRESBERICHT 1990 ISSN 0931-9662 ISSN 0936-6067	
14/1990	BLOCK: Ergebnisse der Stoffdepositionsmessungen in rheinland-pfälzischen Waldgebieten 1984 - 1989 ISSN 0931-9662	€ 6,-- vergriffen
13/1990	SCHÜLER Der kombinierte Durchforstungs- und Düngungsversuch Kastellaun - angelegt 1959 - heute noch aktuell ? ISSN 0931-9662	€ 6,--
12/1990	JAHRESBERICHT 1989 ISSN 0931-9662 ISSN 0936-6067	
11/1989	BLOCK, DEINET, HEUPEL, ROEDER, WUNN: Empirische, betriebswirtschaftliche und mathematische Untersuchungen zur Wipfelköpfung der Fichte ISSN 0931-9662	€ 6,--
10/1989	HEIDINGSFELD: Verfahren zur luftbildgestützten Intensiv-Waldschadenserhebung in Rheinland-Pfalz ISSN 0931-9662	€ 13,--
9/1989	JAHRESBERICHT 1988 ISSN 0936-6067	
8/1988	GERECKE: Zum Wachstumsgang von Buchen in der Nordpfalz ISSN 0931-9662	€ 13,--
7/1988	BEUTEL, BLOCK: Terrestrische Parkgehölzschadenserhebung (TPGE 1987) ISSN 0931-9662	€ 6,--
6/1988	JAHRESBERICHT 1987 ISSN 0931-9662	
5/1988	Die Forstliche Versuchsanstalt Rheinland-Pfalz im Dienste von Wald und Forstwirtschaft - Reden anlässlich der Übergabe des Schlosses Trippstadt als Dienstsitz am 10.04.1987 - ISSN 0931-9662	€ 6,--
4/1987	BEUTEL, BLOCK: Terrestrische Feldgehölzschadenserhebung (TFGE 1986) ISSN 0931-9662	€ 6,-- vergriffen
3/1987	BLOCK, FRAUDE, HEIDINGSFELD: Sondermeßprogramm Wald (SMW) ISSN 0931-9662	€ 6,--