©Bayerische Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege (ANL)

Laufener Seminarbeiträge 2/98, 53-60 Bayer. Akad. Natursch. Landschaftspfl. – Laufen/Salzach 1998

Genetische Vielfalt im Wald – wie erkennen? wie erhalten?

Monika KONNERT

1. Bedeutung der genetischen Vielfalt für das Ökosystem Wald

Der Begriff „biologische Vielfalt" oder „Biodiversität" (im englischen „Biodiversity") ist wegen seiner Komplexität schwer faßbar und wird auch von Fachleuten oft mißverständlich gebraucht, meist als Synonym für Artenvielfalt. Dabei ist biologische Diversität eigentlich viel mehr als nur Artenvielfalt. Sie impliziert nämlich:
- die Vielfalt der Lebensräume,
- die Vielfalt der Arten und
- die Vielfalt der Erbanlagen (oder die genetische Vielfalt).

Für Waldökosysteme ist die genetische Vielfalt, d.h. die Verschiedenheit der genetischen Ausstattung der Bäume eines Bestandes, besonders wichtig. Waldbäume gehören zu den langlebigsten Organismen unserer Erde. Sie sind zudem ortsgebunden und wachsen auf unterschiedlichsten Standorten, an die sie sich jeweils anpassen müssen. Sie sind während ihres langen Lebenszyklus häufig wechselnden Umwelteinflüssen ausgesetzt, die vom Menschen nur begrenzt beeinflußbar sind. All dies unterscheidet sie grundlegend von fast allen lebenden Organismen. Es unterscheidet sie auch von den landwirtschaftlichen Nutzpflanzen mit vergleichsweise sehr kurzem Lebenszyklus, die meist in einer homogenen und vom Menschen massiv manipulierten Umwelt wachsen. Für Waldbäume und für Waldbaumpopulationen (Bestände) ist also die Fähigkeit, sich an variierende Umweltbedingungen anpassen zu können, besonders wichtig. Voraussetzung dafür ist die genetische Variation sowohl auf der Ebene des Einzelbaumes (hoher Anteil heterozygoter Genorte) als auch auf der Ebene der Population (Waldbestand) (z.B. GREGORIUS *et al.* 1985, GEBUREK 1994, MÜLLER-STARCK *et al.* 1995).

Bäume mit Genvarianten, die an die derzeitigen ökologischen Bedingungen am besten angepaßt sind, haben eine höhere Fitneß, d.h. eine Vitalitäts- und Fertilitätsüberlegenheit. Ändern sich diese Bedingungen, so muß sich die Population entsprechend anpassen. Diesen Anpassungsprozeß werden die Träger bestimmter Genvarianten möglicherweise gar nicht oder in ihrer Fitneß geschwächt überleben, während die Träger anderer Genvarianten unter den neuen Bedingungen eine höhere Fitneß haben werden. Man spricht in der Forstgenetik in diesem Sinne von einem operierenden (aktiven) genetischen Potential, bestehend aus den in der momentanen Situation anpassungsrelevanten Genen, und von einem latenten genetischen Potential, gebildet aus Genen, die derzeitig nicht anpassungsrelevant sind (BERGMANN et al. 1990).

Damit ein Anpassungsvorgang stattfinden kann, muß also genetische Variation vorhanden sein. Gerade in unserer Zeit, wo sich die Umwelt schnell und grundlegend verändert – Ozonloch, Treibhauseffekt, Luft- und Bodenbelastung durch Immissionen sind nur einige Stichworte dafür – ist eine breite genetische Basis für unsere Waldökosysteme zu ihrem langfristigen Überleben dringend notwendig. Genetische Vielfalt muß also in unseren Wäldern erhalten werden:
a) aus biologischen Gründen: sie bietet die Basis für die Anpassungsfähigkeit an Umweltbedingungen, die sich schnell räumlich und zeitlich ändern können.
b) aus ökonomischen Gründen: weil künftig auch andere als die z.Zt. vorrangigen und wirtschaftlich wichtigen Eigenschaften Bedeutung erlangen können.
c) aus ethischen Gründen: um die natürlichen Waldökosysteme mit einer möglichst großen Artenvielfalt und genetischen Mannigfaltigkeit für kommende Generationen zu bewahren und diese Populationen und Arten möglichst unbeschadet weiterzugeben.

Anlaß zur Besinnung auf die Notwendigkeit der Erhaltung der genetischen Vielfalt bzw. des genetischen Potentials unserer Wälder war das Waldsterben. Als die Waldschäden einen solchen Umfang angenommen hatten, daß bei manchen Baumarten ein Aussterben regional angepaßter Populationen befürchtet werden mußte, war Handeln notwendig. Denn selbst, wenn eine Art noch bei weitem nicht vollständig verschwindet, kann ihr Genbestand doch so stark verarmen, daß ihre Anpassungsfähigkeit drastisch reduziert wird und sie dadurch früher oder später vom Aussterben bedroht ist. Wir sprechen in diesem Fall von Genverlust, der zu Genverarmung und/oder Generosion führt. Maßnahmen zur Erhaltung der genetischen Vielfalt der Wälder, sog. Generhaltungs- oder Genkonservierungsmaßnahmen wurden eingeleitet. Im vorliegenden Band wird von BEHM (1996) über das „Konzept zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland" berichtet. Wichtig ist bei solchen Maßnahmen, daß sie auch wirklich das erreichen, wozu sie geplant und durchgeführt werden: die genetische Ressource, d.h. möglichst viel von deren genetischen Variation zu erhalten. Bei der Auswahl der Generhaltungsobjekte müssen vernünftige Prioritäten gesetzt werden; es müssen Entscheidungen getroffen werden über die Anzahl von Beständen, die in solche Maßnahmen einbezogen werden, über die Anzahl der Einzelbäume, die berücksichtigt werden müssen, über die Art der Erhaltung (z.B. vor Ort – „in situ" oder ausgelagert – „ex situ") etc. Dazu sind Kenntnisse über die phänotypische und genetische Varia-

©Bayerische Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege (ANL)

tion notwendig. Wichtig ist es nämlich unter den aufgrund ihres phänotypischen Erscheinungsbildes als angepaßt eingestuften Beständen die anpassungsfähigsten, d.h. die mit hoher genetischer Vielfalt und/oder Diversität zu erhalten (RUETZ *et al.* 1996).

2. Bestimmung und Quantifizierung der genetischen Variation von Waldbaumpopulationen

2.1 Bestimmung der genetischen Variation

Mit der Erarbeitung geeigneter Methoden zur Bestimmung genetischer Variation von Waldbäumen wurde in der Forstgenetik vor etwa 25 Jahren begonnen. Inzwischen ist vor allem die Isoenzymanalyse, ein schon seit langem in der Populationsgenetik eingesetztes Verfahren, auch bei vielen Baumarten serienmäßig anwendbar. Es ist für die Forstgenetik vor allem deshalb interessant, weil es erlaubt, mit relativ geringem Zeit- und Kostenaufwand große Probezahlen zu bearbeiten. Bei dieser Methode erfolgt die genetische Untersuchung nicht direkt an der Erbsubstanz (DNA), sondern an Eiweißstoffen, mit katalytischer Funktion im Stoffwechsel, Enzyme genannt. Die Zusammensetzung dieser Enzyme (ihre Aminosäurenfolge) steht in eindeutiger Beziehung zu der Basenabfolge bestimmter Abschnitte der DNA, den Genen. Man kann somit von Enzymen unterschiedlicher Zusammensetzung, aber gleicher katalytischer Funktion, den Isoenzymen, auf unterschiedliche Varianten eines Gens, Allele genannt, schließen.

Isoenzyme können nach Extraktion aus dem pflanzlichen Gewebe mittels geeigneter chemischer Methoden, wie Elektrophorese, getrennt werden. Das Ergebnis einer solchen „Isoenzymanalyse" ist ein aus farbigen Linien gebildetes Muster – das Zymogramm (BREITENBACH 1989, SCHROEDER 1986). Nach einer genetischen Analyse, die auf den Vererbungsgesetzen Mendels beruht, kann man aus den Mustern der Zymogramme auf den Genotyp, d.h. auf die Kombination der von Vater und Mutter vererbten Gene schließen (z.B. HATTEMER *et al.* 1993). Trägt der Baum an einem Genort zwei gleiche Allele, so ist er an diesem Genort homozygot, im gegenteiligen Fall aber heterozygot (Abb. 1).

2.2 Quantifizierung der genetischen Variation

Durch die Untersuchung einer repräsentativen Stichprobe eines Bestandes (Waldbaumpopulation) kann auf die Art und Anzahl unterschiedlicher Genotypen und Allele (Varianten eines Gens) in der Population geschlossen werden. Die Häufigkeitsverteilung dieser genetischen Typen wird als genetische Struktur (genotypische oder allelische Struktur) bezeichnet. Eine Waldbaumpopulation ist also genetisch umso variabler, je mehr Genotypen und/oder Allele in ihr vorkommen. Genetische Variation ist nicht mit Artenvielfalt gleichzusetzen. So kann z.B. eine Fichtenmonokultur genetisch hoch variabel sein, ein Mischbestand aber kann, bezogen auf die einzelnen Baumarten, durchaus genetisch wenig variabel sein.

Ausgehend von den genetischen Strukturen kann mittels bestimmter Parameter die genetische Variation von Einzelbäumen und Populationen quantifiziert werden. Der Heterozygotiegrad eines Baumes zeigt den Anteil heterozygoter Genorte unter den untersuchten Genorten. Die genetische Variation innerhalb einer Population wird durch die genetische Vielfalt und Diversität beschrieben. Die Parameter zur Quantifizierung der genetischen Vielfalt berücksichtigen nur die Anzahl unterschiedlicher genetischer Varianten in einem Bestand, die Parameter für die genetische Diversität sowohl die Anzahl als auch die Häufigkeiten dieser Varianten. Je mehr Genvarianten in einem Bestand vorkommen, umso größer ist seine genetische Vielfalt; je gleich-

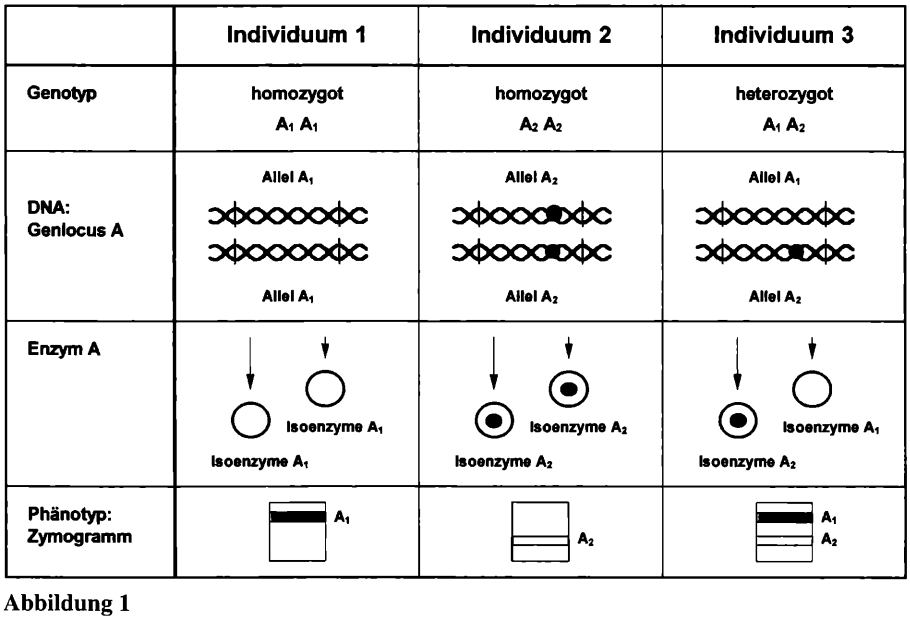


Abbildung 1

Isoenzyme: Produkte multipler Allele eines Genortes (nach SCHROEDER 1986).

©Bayerische Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege (ANL)

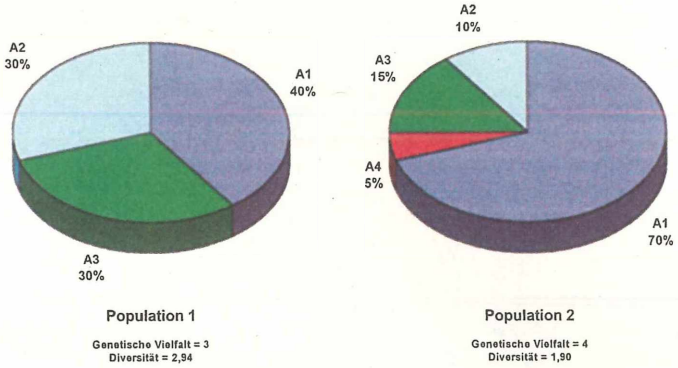


Abbildung 2

Allelische Struktur, genetische Vielfalt und Diversität in zwei Fichtenpopulationen.

mäßiger diese Genvarianten verteilt sind, umso größer ist seine genetische Diversität. In Abb. 2 ist dies an einem hypothetischen Beispiel für zwei Populationen dargestellt.

Die Unterschiede in den genetischen Strukturen zwischen Populationen werden durch den genetischen Abstand oder die genetische Differenzierung beschrieben. Der genetische Abstand zwischen zwei Populationen zeigt, welchen relativen Anteil der genetischen Elemente (Allele, Genotypen) man austauschen müßte, um aus der genetischen Struktur der einen Population die der anderen entstehen zu lassen. Die Differenzierung zwischen mehreren Populationen ist gleich dem genetischen Abstand jeder Population von ihrem Komplement - das sind die restlichen Populationen zusammengenommen.

Zur Berechnung genetischer Parameter, die in der Forstgenetik eingesetzt werden, siehe z.B. HATTEMER *et al.* (1993) und HATTEMER (1994). Es sei darauf hingewiesen, daß sich alle Werte zur genetischen Variation natürlich nur auf den experimentell untersuchten Teil der Erbanlagen beziehen.

3. Genetische Variation (Vielfalt, Diversität) und Forstwirtschaft

3.1 Allgemeine Betrachtungen

Erhaltung genetischer Variation kann zum einen im Rahmen gezielter Generhaltungsmaßnahmen realisiert werden. Dies ist natürlich nur für einen kleinen Teil des Waldes möglich. Deshalb müssen zunehmend Überlegungen angestellt werden, um auch in Wirtschaftswäldern der Erhaltung der genetischen Variation verstärkte Aufmerksamkeit zu schenken. Denn Waldbewirtschaftung und Erhaltung der Biodiversität auf allen drei Ebenen schließen sich nicht, wie oft fälschlich behauptet, von vornherein aus. Waldbewirtschaftung kann Biodiversität sowohl fördern als auch beeinträchtigen. Deshalb sollten waldbauliche Maßnahmen zunehmend so gestaltet werden, daß sie auch die Biodiversität des Ökosystems Wald, und damit seine Anpassungsfähigkeit, im Auge behalten. Sie sollten seine Artenvielfalt, die Vielfalt seiner Lebensräume und die genetische Vielfalt nachhaltig sichern.

Zur Erhaltung und Erhöhung der Artenvielfalt seien nur einige Schlagwörter erwähnt: Umbau von Monokulturen in Laubmischwälder, Anreicherung baumartenarmer Waldgesellschaften mit geeigneten Mischbaumarten, kontrolliertes Einbringen bewährter fremdländischer Baumarten etc.

Die Vielfalt der Strukturen kann vor allem über die Bestandespflege und Verjüngungsform reguliert werden. So führen z.B. lange Verjüngungszeiträume zum Aufbau ungleichaltrig strukturierter Bestände mit unterschiedlichen ökologischen Nischen.

Die Idee der Sicherung der genetischen Vielfalt im Forst ist noch relativ neu und wird von der Praxis erst zögernd akzeptiert. Man spricht neuerdings zunehmend von der „genetischen Nachhaltigkeit" (HATTEMER *et al.* 1993, MÜLLER-STARCK 1993, 1996). Zur Realisierung dieses wichtigen Ziels waren und sind die über biochemisch-genetische Methoden gewonnenen Erkenntnisse zur genetischen Variation in Waldbaumpopulationen wichtig.

3.2 Ergebnisse von Isoenzymanalysen als Entscheidungshilfen für waldbauliche Maßnahmen

Beispiel 1: Genetische Inventuren

Um der waldbaulichen Praxis wichtige Entscheidungshilfen z.B. bei der Durchführung von Generhaltungsmaßnahmen, zur Abgrenzung von Herkunftsgebieten, bei der Zulassung von Erntebeständen und/oder der Herkunftsidentifizierung bieten zu können, sind Kenntnisse über die genetische Variation der Baumarten in ihrem natürlichen Verbreitungsgebiet dringend erforderlich. Diese werden über sog. „genetische Inventuren" gewonnen. Dabei werden Bestände aus vielen Teilbereichen nach derselben Methodik untersucht und verglichen. Solche Inventuren wurden für Bayern bislang von der LSP Teisendorf für Weißtanne *(Abies alba)* und Fichte *(Picea abies)* durchgeführt, an der Inventur der Buche wird z.Zt. gearbeitet. Andere Baumarten sollen folgen. Die Ergebnisse werden mit denen anderer Arbeitsgruppen verglichen, so daß ein möglichst breites Bild des genetischen Variationsmusters einer Baumart entsteht.

Für Tanne z.B. zeigten solche Untersuchungen in Süddeutschland deutliche regionale Unterschiede in den genetischen Strukturen. An mehreren Genorten wurde die stetige Zu- bzw. Abnahme der Häufigkeiten bestimmter Allele mit der geographi-

©Bayerische Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege (ANL)

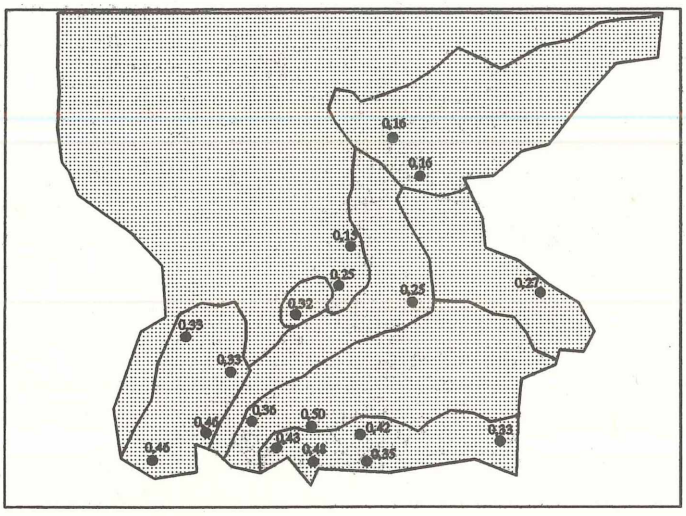


Abbildung 3

Häufigkeiten des Allels IDH-B2 in Weißtannenpopulationen aus verschiedenen Regionen Süddeutschlands

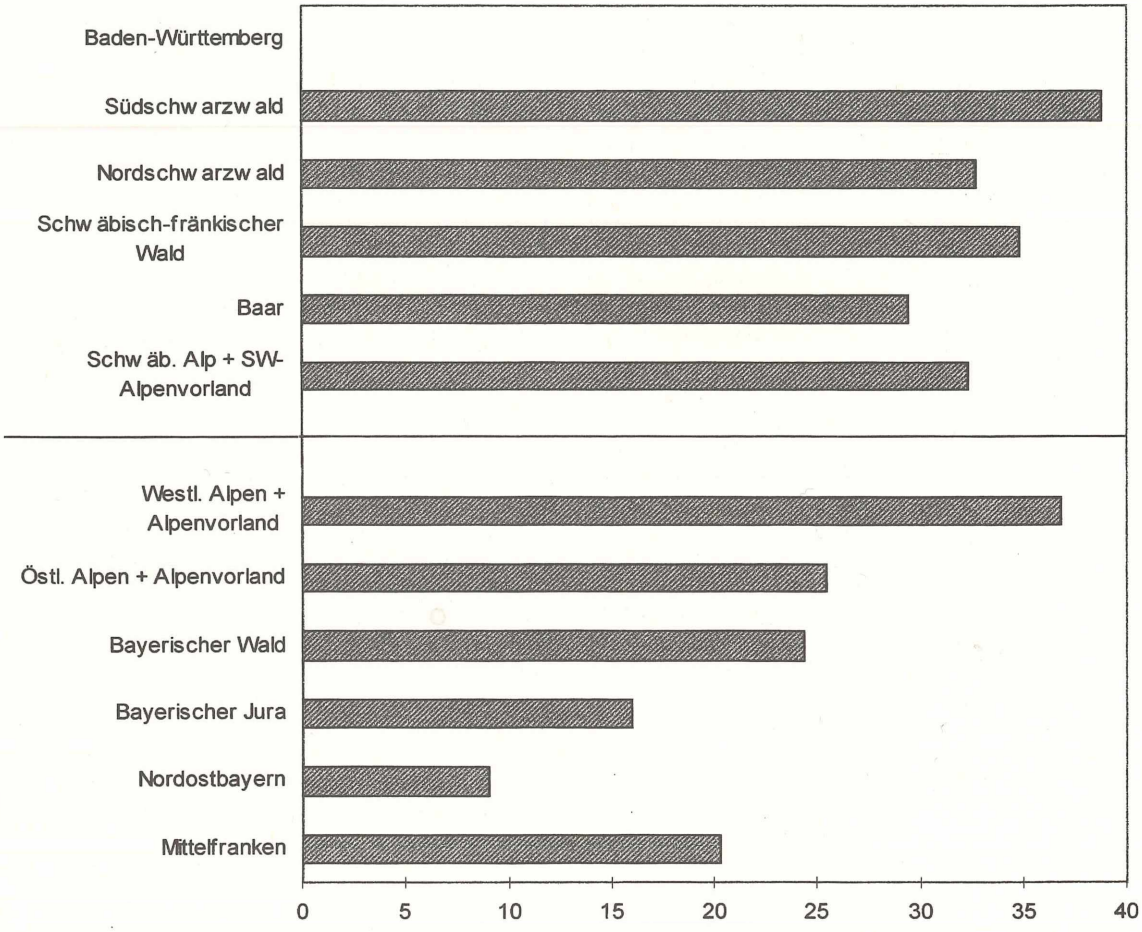


Abbildung 4

Genetische Diversität in Weißtannenpopulationen aus verschiedenen Regionen Süddeutschlands.

schen Länge und/oder Breite beobachtet. So nimmt z.B. das Allel IDH-B_2 in Süddeutschland von West nach Ost und von Süd nach Nord ab. Es ist am häufigsten im Südschwarzwald und Allgäu (bis zu 50 %) und erreicht in den nordostbayerischen und thüringischen Mittelgebirgen nur noch 10-18 % (Abb.3).

Gleichzeitig haben Tannenpopulationen aus Südwestdeutschland (Schwarzwald, Baar, westl. Alpen u. Alpenvorland) eine höhere Diversität als solche aus Südostdeutschland (östl. Alpen u. Alpenvorland, Bayerischer Wald). Noch weniger divers sind die Tannenpopulationen aus Nordostbayern und Thüringen (Abb.4) (KONNERT 1994).

Diese spezifische Variation der Weißtanne wird durch ihre nacheiszeitliche Rückwanderungsgeschichte erklärt (BREITENBACH-DORFER *et al.* 1992, KONNERT u. BERGMANN 1995). Je länger die Wanderwege aus den nacheiszeitlichen Refugien waren, umso stärker war der Selektions-

©Bayerische Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege (ANL)

druck, vor allem durch die starke Konkurrenz der Buche. Einige Genotypen hatten dabei wahrscheinlich einen Selektionsvorteil, während andere zum großen Teil nicht überleben konnten. Die Folge war eine genetische Verarmung, wie wir sie heute im Frankenwald, Fichtelgebirge und Thüringer Wald finden. Diese Erkentnisse sind bei der Abgrenzung von Herkunftsgebieten und bei der Erarbeitung von Herkunftsempfehlungen sowie Wiedereinbringungsmaßnahmen berücksichtigt worden (z.B. RAU *et al.* 1995, HENKEL *et al.* 1996); zum einen soll das Saatgut aus Regionen mit genetischer Einengung nicht in andere Regionen gebracht werden, zum anderen soll in Gebieten mit niederer Diversität eine genetische Anreicherung mit Vermehrungsgut aus anderen Gebieten mit vergleichbaren standörtlichen Bedingungen stattfinden.

Beispiel 2:
Untersuchungen zur Erfassung der Dynamik genetischer Variation

Bestandesverjüngung ohne Saat und Pflanzung bezeichnet man als „natürlich" Die genetische Zusammensetzung der Folgegeneration hängt dabei u.a. von der Zusammensetzung des Altbestandes, den Reproduktionsverhältnissen, den Standortsverhältnissen und vor allem von dem verwendeten Verjüngungsverfahren ab (HATTEMER *et al.* 1993, MÜLLER 1990). Naturverjüngungsverfahren mit langen Verjüngungszeiträumen oder mit kleinflächig gestaffeltem Vorgehen gewährleisten am besten die Weitergabe eines möglichst großen Teils der Erbanlagen des Elternbestandes an den Folgebestand. Es ist davon auszugehen, daß bei natürlicher Verjüngung die Anpassung an den jeweiligen Standort am besten erhalten bleibt. Das heißt nicht, daß die genetische Struktur der Naturverjüngung mit der des Altbestandes identisch sein muß, sondern daß möglichst viele Genvarianten des Altbestandes in der Naturverjüngung zu finden sind, so daß eine breite genetische Ausgangsbasis für die im Laufe der Entwicklung eintretenden Selektionsprozesse (ein Großteil der Pflanzen scheidet im Laufe des Bestandeslebens aus) vorhanden ist. Wichtig ist also, daß ein Höchstmaß an genetischer Vielfalt und Diversität erhalten bleibt, damit auch die Folgegeneration ihre Anpassungsfähigkeit nicht verliert. Beides kann man durch den Vergleich von Altbeständen und Naturverjüngung überprüfen.

Eine solche vergleichende Untersuchung in sechs zum Teil schon stark geschädigten Tannenbeständen aus Baden-Württemberg zeigte, daß die genetische Vielfalt und Heterozygotie der Naturverjüngung der der Altbestände vergleichbar ist, während ihre Diversität in einigen Fällen sogar substantiell höher liegt. Ausgehend von diesen Ergebnissen wurde empfohlen in diesen Beständen die natürliche Verjüngung anzustreben, weil sie trotz starker Schädigung noch die Weitergabe der kompletten natürlich gegebenen genetischen Vielfalt des Altbestandes gewährleistet. Ähnliche Ergebnisse wurden bei der Untersuchung eines Buchenaltbestandes und seiner Naturverjüngung aus dem FoA Scheßlitz gefunden (Tab. 1).

Ist der Altbestand bereits genetisch stark eingeengt, so birgt die Verjüngung ausschließlich auf natürlichem Wege die Gefahr weiterer genetischer Einengung. Untersuchungen im Bereich des Gemeindewaldes Sugenheim (KONNERT 1996) in Tannenvorkommen, die nur noch aus einigen Bäumchen bestehen, zeigten eine deutliche genetische Einengung (Drifteffekte) sowohl des Altbestandes als auch der Naturverjüngung. Die Diversitätwerte liegen weit unter denen anderer Tannenpopulationen Süddeutschlands. Außerdem zeigen die hohen positiven Werte der Inzuchtkoeffizienten (F_{mittel} = +0.104), daß viele der Nachkommen aus Selbstung oder Paarung von verwandten Individuen stammen. Es wurde deshalb empfohlen, die Naturverjüngung unbedingt mit Vermehrungsgut aus anderen Tannengebieten anzureichern, um die genetische Basis zu erweitern.

Weitere Untersuchungen zum Vergleich von Altbestand und Naturverjüngung finden sich u.a. bei KONNERT (1991), WITTLAND (1992), STARKE u. MÜLLER-STARCK (1992). Wegen der Bedeutung dieser Problematik werden in den nächsten Jahren auch bei der LSP Teisendorf vergleichende Untersuchungen von Altbestand, Naturverjüngung und Kunstverjüngung intensiviert durchgeführt werden, um für die Praxis konkrete Empfehlungen zu den Verjüngungsverfahren zu erarbeiten.

Beispiel 3:
Untersuchungen zur Auswirkung gängiger forstlicher Praktiken auf die genetische Struktur

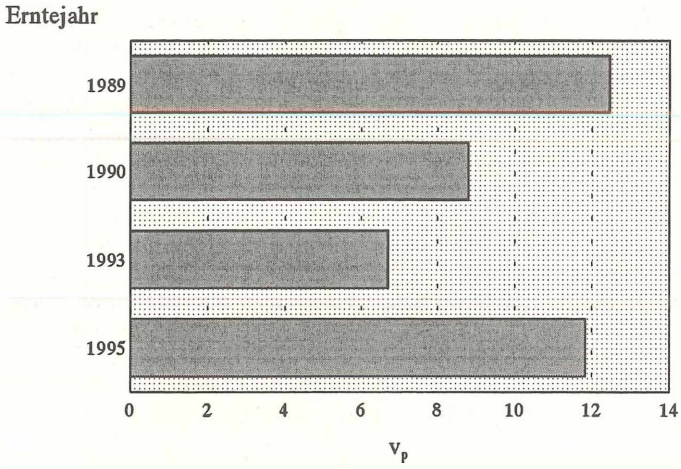
Bei künstlicher Bestandesverjüngung hat schon die Saatgutgewinnung einen großen Einfluß auf die genetische Vielfalt, weil sie über die Zusammensetzung der späteren Kulturen entscheidet. Saatgutgewinnung ist folglich so durchzuführen, daß sie eine möglichst vollständige Erfassung der genetischen Vielfalt garantiert. Dazu muß Saatgut von einer möglichst großen Anzahl von Erntebäumen im Erntebestand gesammelt werden bzw. von mehreren Herkünften eines Herkunftsgebietes die Ernte zusammengelegt werden. Untersuchungen zu dieser Problematik gibt es noch wenige. Bei einem Vergleich der Embryonen von Tannensamen, die in vier verschiedenen Jahren in demselben Bestand geerntet worden waren, zeigten sich große Unterschiede in der genetischen Vielfalt und Diversität (Abb. 5). Im Jahr 1993 war die genetische Diversität nur halb so groß wie in den Jahren 1989 und 1995. Dies hängt natürlich neben der Anzahl der Erntebäume von den Blüh- und Bestäubungsverhältnissen ab.

Tabelle 1

Werte der genetischen Vielfalt, Diversität und Heterozygotie in einem Buchen-Altbestand und seiner Naturverjüngung.

Parameter	Altbestand	Naturverjüngung
Genetische Vielfalt	2,57	2,71
Diversität	221,5	258,5
Heterozygotie (%)	29,0	29,0

©Bayerische Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege (ANL)



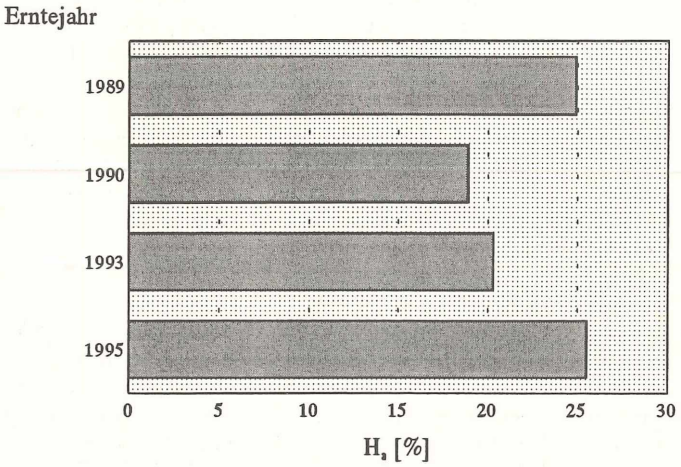


Abbildung 5

Genetische Diversität und Heterozygotiegrad in Embryonen von Tannensamen aus vier verschiedenen Ernten im gleichen Bestand

Forstpflanzen einer Altersstufe werden im Handel üblicherweise in mehreren Größen angeboten, so daß vom Verbraucher die dem Standort und dem Pflanzverfahren am besten entsprechenden Sorten ausgesucht werden, d.h. vor dem Verkauf wird eine Größensortierung vorgenommen. Erste Untersuchungen für Fichte und Tanne, von der LSP Teisendorf im Pflanzgarten Laufen vorgenommen, zeigten, daß diese Größensortierung deutliche Auswirkungen auf die genetischen Strukturen der Pflanzenpopulationen hat und unter genetischem Gesichtspunkt durchaus als kritisch zu beurteilen ist. Zum einen unterscheiden sich die Teilkollektive „große Pflanzen" und „kleine Pflanzen" stark in ihren genetischen Strukturen und zum anderen hat das Kollektiv der großen Pflanzen die kleinste genetische Variation (Tab. 2) und unterscheidet sich am stärksten von dem Ausgangsbestand.

Diese Ergebnisse, untermauert durch weitere Untersuchungen, sollen dazu verwendet werden, den Forstbetrieben zu empfehlen, keine übertriebene Größenselektion von Pflanzen bei der Anzucht vorzunehmen, weil dies die deutliche Gefahr der genetischen Einengung in sich birgt.

Auch Nutzungen beeinflussen die genetischen Strukturen von Beständen. Am Beispiel der Buche wurde z.B. untersucht, inwieweit zwei weitverbreitete Nutzungsverfahren, die Zielstärkennutzung und die Auslesedurchforstung, die genetischen Strukturen von Beständen verändern. Bei der Zielstärkennutzung werden bevorzugt dicke Stämme genutzt, schwächere Bäume mit guten Schaftqualitäten sollen in die durch die Nutzung freiwerdenden Standräume hineinwachsen. Aus den zunächst im Dickenwachstum zurückgebliebenen Bäumen soll später die Oberschicht des Bestandes gebildet werden. Bei der Auslesedurchforstung dagegen werden die Bäume nach Vitalität und Qualität ausgewählt und durch die Entnahme der Konkurrenten gefördert (KONNERT u. SPIECKER 1996).

Es zeigte sich, daß unter genetischem Gesichtspunkt die Zielstärkennutzung ungünstiger ist, denn

Tabelle 2

Genetische Diversität in den durch Sortierung erhaltenen Fichten- und Tannenkollektiven und den Ausgangspopulationen.

Kollektiv	Diversität (vp)	
	Fichte	Tanne
Ausfall	51,09	67,43
15 - 30 cm	59,37	87,03
25 (30) - 50 cm	49,46	63,29
Ausgangspopulation	54,13	72,63

©Bayerische Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege (ANL)

hier werden genau die Bäume entnommen, die in der Regel bei einem natürlichen Differenzierungsprozeß die höchsten Überlebenschancen gehabt hätten, d.h. die genetische Zusammensetzung der Folgegeneration ist der unter natürlichen Bedingungen verbleibenden entgegengesetzt. Erfolgt diese Nutzung schon relativ früh, so werden die entnommenen Bäume nicht durch ihre Samen zur Bildung des zukünftigen Bestandes beitragen. Genetische Einengung, d.h. ein Verlust an Diversität konnte weder bei der Zielstärkennutzung noch bei der Auslesedurchforstung beobachtet werden. Es gibt erst sehr wenige Untersuchungen dieser Art (z.B. auch HOSIUS 1993). Die Notwendigkeit, sie zu intensivieren, wurde aber durchaus erkannt (z.B. HATTEMER *et al.* 1993, FRANKE 1995).

5. Schlußbemerkungen

Die Forstgenetik hat in den letzten Jahren mit der Isoenzymanalyse (und zunehmend auch mit der DNA-Analyse) das Werkzeug entwickelt, um Untersuchungen zu genetischen Aspekten der praktischen forstlichen Tätigkeit schnell und sicher durchzuführen. Auf dieser Grundlage kann der Erhalt der forstgenetischen Ressourcen in ihrer ganzen Vielfalt in forstwirtschaftliche Strategien einbezogen werden, um auch die Nachhaltigkeit in genetischem Sinne sicherzustellen. Bleibt zu hoffen, daß die Forstwirtschaft diese Chance intensiver als bisher nutzt zum Wohle ihrer Existenzgrundlage, des Ökosystems Wald.

6. Literatur

BEHM, A. (1996):
Generhaltungsmaßnahmen im Forst. Vortrag Seminar „Schutz der genetischen Vielfalt", o6-o7.Nov., Regensburg

BERGMANN, F.; H.-R. GREGORIUS, J.B. LARSEN (1990):
Levels of genetic variation in European silver fir *(Abies alba)*. – Genetica, 82, 1-10.

BREITENBACH-DORFER, G.; W. PINSKER,R. HACKER, F. MÜLLER (1992):
Clone identification and clinal allozyme variation in populations of *Abies alba* (Mill.) from the Eastern Alps (Austria). – Plant.Syst.Evol. 181, 109-120.

BREITENBACH, G. (1989):
Biochemische und molekulargenetische Verfahren in der Forstgenetik. – Österreichische Forstzeitung 11, 43-44.

FRANKE, A. (1995):
Naturnaher Waldbau und forstgenetische Aspekte. In: Waldwirtschaft und Waldökologie. Beiträge aus der Betriebsforschung. Fachtagung am 10-11.Okt. in Freiburg i.Br., 112-119.

GEBUREK, Th. (1994):
Genetische Strategien für das forstwirtschaftliche Handeln angesichts klimatischer Änderungen. IN: Klimaänderung in Österreich – Herausforderungen an Forstgenetik und Waldbau. Berichte der FBVA, 81, 19-37.

GREGORIUS, H.-R.; H.H. HATTEMER, F. BERGMANN, G. MÜLLER-STARCK (1985):
Umweltbelastung und Anpassungsfähigkeit von Baumpopulationen. – Silvae Genetica 34, 230-241.

HATTEMER, H.H.; F. BERGMANN, M. ZIEHE (1993):
Einführung in die Genetik für Studierende der Forstwissenschaft (2. Aufl.). – Sauerländers Verlag, Frankfurt a.M., 429 S.

HATTEMER, H.H. (1994):
Die genetische Variation und ihre Bedeutung für Wald und Waldbäume. – Schweiz. Zeitschrift f. Forstwesen 145, 12, 953-975.

HENKEL, W.; M. KONNERT, B. HOSIUS (1996):
Genetische Untersuchungen an der Weißtanne (*Abies alba* MILL.) in Thüringen mit waldbaulichen Konsequenzen. – Vortrag 8. IUFRO-Tannensymposium, Sept. 1996, Bulgarien.

HOSIUS, B. (1993):
Wird die genetische Struktur eines Fichtenbestandes von Durchforstungseingriffen beeinflußt? – Forst und Holz 48, 306-308.

KONNERT, M. (1991):
Vergleich der genetischen Strukturen verschiedener Generationen zweier natürlich verjüngter Fichtenbestände des Schwarzwaldes. – Silvae Genetica 40, 61-65.

——— (1994):
Ergebnisse isoenzymatischer Untersuchungen bei der Weißtanne als Entscheidungshilfen für forstliche Maßnahmen. In: Proceedings 7. – IUFRO-Tannensymposium, 31.10.-4.11, Altensteig, 30-44.

KONNERT, M.; F. BERGMANN (1995):
The geographical distribution of genetic variation of silver fir *(Abies alba, Pinaceaea)* in relation to its migration history. – Plant. Syst. Evol. 196, 19-30.

KONNERT, M. (1996):
Untersuchungen bei Weißtanne aus dem FoA Uffenheim. Ergebnisbericht der LSP Teisendorf (unveröffenlicht).

KONNERT, M.; H. SPIECKER (1996):
Beeinflussen Nutzungen einzelner Bäume die genetische Struktur von Beständen? – AFZ/Der Wald, 23, 1284-1291.

MÜLLER-STARCK, G.; E. HUSSENDÖRFER, CH. SPERISEN (1995):
Genetische Diversität bei Waldbäumen – eine Voraussetzung für das Überleben unserer Wälder.In: Eidgenössische Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft (Hrsg.): Erhaltung der Biodiversität – eine Aufgabe für Wissenschaft, Praxis und Politik. – Forum für Wissen 1995, 23-33.

MÜLLER-STARCK, G. (1993):
Auswirkungen von Umweltbelastungen auf genetische Strukturen von Waldbeständen am Beispiel der Buche *(Fagus sylvatica L.)*: Schriften aus der Forstl. Fakultät der Univ. Göttingen u. der Niedersächsischen Forstl. Versuchsanstalt, 112, 163 S.

——— (1996):
4 Beiträge der Forstgenetik zur nachhaltigen Waldbewirtschaftung. – Tagungsbericht Forum „Genetik-Wald-Forstwirtschaft" Freising Okt. 96 (in Druck).

RAU, H.-M.; R. BROCKHAUS (1995):
Neue Verordnung über Herkunftsgebiete für forstliches Vermehrungsgut. – AFZ 6, 315-319.

RUETZ, W.; M. KONNERT, A. BEHM (1996):
Sind Waldschäden auch eine Frage der Herkunft? – AFZ/Der Wald 14, 759-761.

SCHROEDER, S. (1986):
Isoenzym-Untersuchungen als Arbeitsmethode der Forstpflanzenzüchtung. – Mitt. Ver. f. Standortskunde und Forstpflanzenzüchtung, 32, 81-85.

©Bayerische Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege (ANL)

STARKE, R.; G. MÜLLER-STARCK (1992):
Genetische Untersuchungen über die Reproduktion in zwei Beständen der Buche *(Fagus sylvatica L.)*. In: Biochemische Untersuchungen zur Genetik der Waldbaumpopulationen. Schriftenr. der Landesanst. f. Forstwirtschaft Nordrhein-Westfalen, 57-67.

WITTLAND, K. (1992):
Die genetische Struktur von Naturverjüngung und Pflanzbeständen im Vergleich zu der Struktur des gemeinsamen Fichten-Altbestandes. – Forstw. Dipl.Arb. Univ. Göttingen.

Anschrift der Verfasserin:

Dr. Monika Konnert
Bayerische Landesanstalt für
forstliche Saat- und Pflanzenzucht
Forstamtsplatz 1
83317 Teisendorf

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: Laufener Spezialbeiträge und Laufener Seminarbeiträge (LSB)

Jahr/Year: 1998

Band/Volume: 2_1998

Autor(en)/Author(s): Konnert Monika

Artikel/Article: Genetische Vielfalt im Wald - wie erkennen? wie erhalten? 53-60