

Genetische Vielfalt nordwestdeutscher Buchenwälder

Genetic diversity of beech forests in northwest Germany

Alwin Janßen, Karl Gebhardt und Wilfried Steiner

Zusammenfassung

Seit 1991 wird die genetische Variation der Buche in Hessen und Niedersachsen mit dem Ziel untersucht und erfasst, Entscheidungshilfen für ein genetisches Management auf Bestandesebene zur Verfügung zu stellen. Dazu wurde die genetische Variation von 19 hessischen Beständen in 12 Wuchsgebieten und in verschiedenen Höhenlagen beschrieben. Daneben wurden der Einfluss verschiedener Saatguternte- und Anzuchtverfahren sowie der Effekt unterschiedlicher Bewirtschaftungskonzepte und Intensitätsgrade von Durchforstungen auf die genetischen Strukturen untersucht.

Insbesondere vor dem Hintergrund stärkerer Witterungsextreme und der prognostizierten Klimaänderung, die hohe Anpassungsleistungen der Baumart Buche erfordern werden, sollte ein genetisches Monitoring erfolgen, das Auskunft über die Intaktheit ihres genetischen Systems und über dessen mögliche zeitliche und räumliche Veränderungen geben kann.

Stichworte: Buche, genetische Variation, Anpassungsfähigkeit, waldbaulicher Einfluss, genetisches Monitoring

Abstract

In Hesse and Lower Saxony, Germany, the genetic variation in beech has been investigated and recorded since 1991 to provide decision support for the management of this forest genetic resource. Thus, the genetic variation of 19 stands in Hesse, located in 12 ecological regions at different elevations, has been described. In addition, the effect of different seed harvest and propagation methods, and of different management practices and thinning intensities on genetic structures were investigated.

In the face of greater weather extremes and predicted climate change, which will call for high adaptability from beech, genetic monitoring of beech should be undertaken to gain a better understanding of its genetic integrity, and identify any temporal and spatial variation.

Keywords: beech, genetic variation, adaptability, influence of silviculture, genetic monitoring

1 Einleitung

Die 1992 bei der UNCED-Konferenz in Rio de Janeiro beschlossene Konvention über die Biologische Vielfalt beinhaltet den Schutz und die nachhaltige Nutzung der Biodiversität (SECRETARIAT OF THE CONVENTION ON BIOLOGICAL DIVERSITY 2005). Die genetische Vielfalt ist ein essentieller Bestandteil der Biodiversität, auf der die Anpassungsfähigkeit von Baumarten an sich ändernde Umweltbedingungen und damit ihre Überlebensfähigkeit basieren (ZIEHE et al. 1999). Die Vielfalt genetischer Strukturen bestimmt neben der Anpassungsfähigkeit auch die Leistungsfähigkeit von Wäldern. Sie ist Grundlage einer nachhaltigen und stabilen Entwicklung von Waldbeständen.

Im Zuständigkeitsbereich der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt (Bundesländer Hessen, Niedersachsen, Sachsen-Anhalt und Schleswig-Holstein) bilden die Buchenwälder unter den jetzigen Standortbedingungen in weiten Teilen die Klimaxgesellschaften. Etwa 75 % der betreuten Fläche wären unter natürlichen Bedingungen mit Buchenwald bedeckt. Nach FIRBAS (1949, 1952) ist für Hessen seit etwa 5.000 Jahren von einem geschlossenen Buchenwald auszugehen. Die Buche konnte sich also über rund 20 Buchengenerationen an die in Nordwestdeutschland herrschenden Umwelt- und Standortbedingungen anpassen. Dabei muss in diesem Bereich für die Buche momentan noch von optimalen Wuchsbedingungen ausgegangen werden.

Viele unserer heimischen Wälder waren Anfang der 1980er Jahre akut durch Luftschadstoffimmissionen gefährdet. In den Hochlagen des Erzgebirges waren zu dieser Zeit bereits ganze Bestände abgestorben. Der Deutsche Bundesrat hatte deshalb 1985 „Maßnahmen zur Erhaltung der genetischen Vielfalt der Waldbaum-

arten“ beschlossen (BUNDESRAT 1985). Daraufhin hat eine Bund-Länder-Arbeitsgruppe ein entsprechendes Konzept zur Erhaltung forstlicher Genressourcen erstellt (MELCHIOR et al. 1989), das inzwischen aufgrund der veränderten politischen Konstellation und aufgrund neuer Erkenntnisse angepasst worden ist (PAUL et al. 2001). Neben der Erhaltung seltener Baumarten lag ein Schwerpunkt in Hessen und Niedersachsen auf der Beerntung von Buchenbeständen. Das Buchensaatgut wurde zum Teil in Forstgenbanken eingelagert, zum Teil wurden Erhaltungsflächen als „genetische Kopien“ der Erntebestände angelegt. Vor dem Hintergrund der zu dieser Zeit herrschenden Unkenntnis über die genetische Variation der Buche in Deutschland und über die genetischen Strukturen der Buchenbestände wurde sowohl in Hessen als auch in Niedersachsen ein umfassendes Untersuchungsprogramm zur Klärung genetischer Fragestellungen begonnen, deren wichtigste Ergebnisse im Folgenden dargestellt werden.

Gerade auch im Hinblick auf die prognostizierten Klimaänderungen ermöglichen die genetischen Untersuchungen zusammen mit den Ergebnissen aus Herkunftsversuchen und Nachkommenschaftsprüfungen eine Aussage aus genetischer Sicht über die zukünftige Eignung von Beständen und daraus geerntetem Vermehrungsgut.

2 Untersuchungen zur genetischen Vielfalt von Buchenbeständen

2.1 Untersuchungen hessischer Bestände

Die genetischen Untersuchungen wurden mit Hilfe von Isoenzymanalysen durchgeführt. Variation an Isoenzymgenorten lässt sich über elektrophoretische Untersuchungen und anschließende enzyspezifische Anfärbungen von Isoenzymen sichtbar machen (MÜLLER-STARCK u. STARKE 1993, ROTHE 1994). 19 Buchenbestände aus allen Wuchsgebieten in Hessen wurden in den Jahren 1991 bis 1996 in die Untersuchungen einbezogen (s. Abb. 1). Ziel war die Klärung folgender Fragestellungen:

- Wie groß ist die genetische Vielfalt der Buche in Hessen?
- Ist diese genetische Vielfalt ausreichend groß oder müssen spezielle Erhaltungsmaßnahmen durchgeführt werden?
- Gibt es regionale oder höhenspezifische Unterschiede zwischen den untersuchten Beständen?

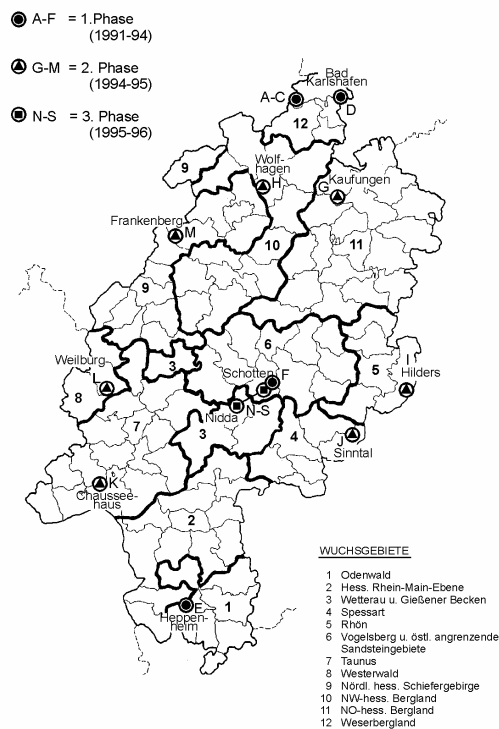


Abbildung 1: Hessische Wuchsgelände (1-12) und Lage der 19 untersuchten Buchenbestände (A-S) (JANßEN 1998)

Die genetische Variation ist innerhalb der untersuchten Bestände (99 %) weitaus größer als zwischen den Beständen (1 %). Dieses deutet auf eine ausreichend große genetische Vielfalt der Buche in Hessen hin. Spezielle Erhaltungsmaßnahmen wie Saatgutbeerntungen, Saatguteinlagerungen in der Forstgenbank oder die Anlage von *Ex-situ*-Beständen sind daher nicht erforderlich (SANDER et al. 2001).

Die relativ hohen Subpopulationsdifferenzierungen (s. Abb. 2) resultieren aus den markanten Familienstrukturen in den Beständen. Der Verwandtschaftsgrad nimmt dabei mit der räumlichen Entfernung stark ab. Die Ergebnisse decken sich mit denen anderer bundesdeutscher Untersuchungen (KONNERT et al. 2000, ZIEHE et al. 2002).

Bei der Analyse von sechs autochthonen Beständen entlang eines Höhengradienten am Vogelsberg (150-660 m ü. NN) korrelierte die Häufigkeit bestimmter Genotypen mit der Höhenlage (s. Abb. 3). Beim Enzymsystem AAT ist eine Abnahme des Genotyps C1C1 von 17 % im Tieflagenbestand R (150-180 m ü. NN) bis hin zu 9 % im am höchsten gelegenen Bestand O (600-660 m ü. NN) zu beobachten. Beim Genotyp A2A3 des Enzymsystems SKDH findet sich ein

Anstieg in der Häufigkeit von 1 % in den Beständen R, S und Q bis zu 13 % im Bestand O. Umgekehrt verhält es sich beim Genotyp A2A2, der von 98 % im Bestand R bis auf 87 % im Bestand O abnimmt (SANDER et al. 2000). Eine höhen-spezifische Anpassung bestimmter Genotypen und Allele wird auch bei vergleichbaren Untersuchungen am Schauinsland im Schwarzwald attestiert (LÖCHELT u. FRANKE 1995).

Dieser nachgewiesene Zusammenhang hat in das Forstsaatgutrecht bereits Eingang gefunden. Seit Mitte der 1990er Jahre werden die Herkunftsgebiete regional größer und zusätzlich nach Höhenstufen getrennt ausgewiesen.

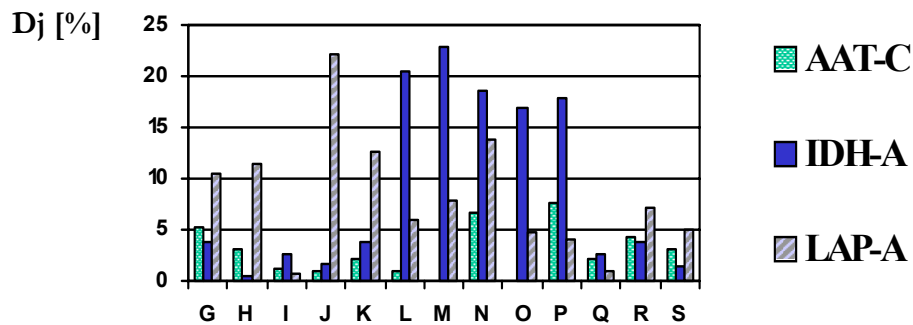


Abbildung 2: Subpopulationsdifferenzierung (D_j) von 13 hessischen Buchenbeständen an drei Isoenzym-Genorten (AAT-C, IDH-A, LAP-A) (SANDER et al. 2001)

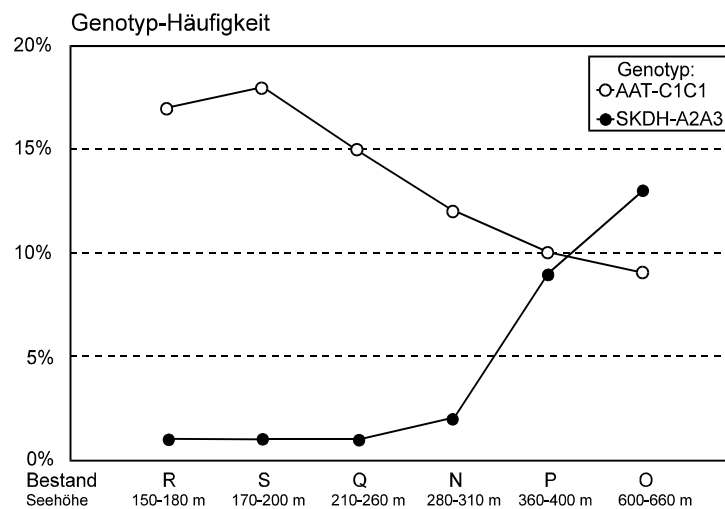


Abbildung 3: Genetische Differenzierung von Rotbuche in sechs Höhenzonen in Hessen, dargestellt an den Genorten AAT-C und SKDH-A (JANZEN 1998)

2.2 Untersuchungen in einem Naturwaldreservat

Diese Untersuchungen wurden im Jahr 2001 begonnen und sind längerfristig im Sinne eines genetischen Monitorings angelegt. Zunächst wurden im 1988 ausgewiesenen Naturwaldreservat „Niestehänge“ im damaligen Hessischen Forstamt Witzenhausen, die Buchen an den 100 x 100 m – Gitternetzpunkten sowohl in der Kernzone als auch in einem angrenzenden bewirtschafteten Vergleichsbestand genetisch analysiert. Danach wurden sowohl im Naturwaldreservat als auch im Wirtschaftswald jeweils 4 Hektar große Vergleichsflächen ausgewählt und alle dort vorhandenen 648 Altbuchen genetisch untersucht.

Die Maßzahlen für die Genpool-Diversität der identifizierten Einzellocus-Genotypen erwiesen sich als relativ ähnlich zwischen den untersuchten Beständen (s. Tab. 1). Einzig die höhere hypothetische gametische Multilocus-Diversität des Naturwaldreservats Niestehänge ($v_{\text{gam}} = 65,1$) verweist auf das bessere Bildungsvermögen unterschiedlicher Genotypen in diesem Bestand. Der Anteil der Heterozygoten war wiederum in der bewirtschafteten Vergleichsfläche des Staatswaldes höher (4,4 %) als im Naturwaldreservat.

Neben den Isoenzymanalysen kamen bei Buchen auch DNA-Analysen zum Einsatz (GEBHARDT 2003). Mit PCR-basierten Techniken der DNA-Analytik ist es gelungen, sogenannte genetische Fingerabdrücke zu erzeugen. Damit können einzelne Individuen eines Buchenbestandes an zahlreichen ISSR-Genorten (Inter-Simple Sequenz Repeats) unterschieden werden. Es wird so möglich, einen Einzelbaum zweifelsfrei zu identifizieren. 2003 wurde mit dem Aufbau einer Bank mit genomischer DNA von Buchen aus unterschiedlichen hessischen Beständen begonnen. Die Bank umfasst derzeit 1.250 Akzessionen, die für diverse Untersuchungen verfügbar sind.

Tabelle 1: Genetische Maße (GILLET 1994) der Vergleichsflächen im Naturwaldreservat „Niestehänge“ (NWR-Nieste) und angrenzendem Wirtschaftswald (VGl-Nieste), Quelle: GEBHARDT (2003)

Genetische Parameter	Kurzform	Bestände	
		NWR-Nieste	VGl-Nieste
Genpool-Diversität	v	1,491	1,496
Hypothetisch gametische Multilocus-Diversität	v_{gam}	65,1	59,1
Totale Populationsdifferenzierung	δ_T	0,33	0,332

2.3 Untersuchungen in waldwachstumskundlichen Versuchen

Im Rahmen eines Forschungsprojektes zu genetischen Auswirkungen von Durchforstungen (siehe Abschnitt 3.6) wurden insgesamt sieben waldwachstumskundliche Versuche mittels Isoenzymen genetisch charakterisiert. Drei Versuchsflächen liegen in Niedersachsen (Lauterberg, Uslar, Unterlüß), jeweils zwei in Rheinland-Pfalz (Mayen, Winnweiler) und Sachsen (Hirschberg, Olbernhau). Die genetischen Strukturen der unbehandelten Nullflächen unterscheiden sich dabei zum Teil deutlich. Die mittlere Differenzierung liegt mit $\delta = 6,1\%$ etwas höher, als die bei anderen Untersuchungen festgestellten Werte für Buche in Mitteleuropa mit rund 4% (KONNERT et al. 2000). Tabelle 2 zeigt die genetischen Variationsmaße der sieben unbehandelten Versuchsbestände sowie die Maßzahlen für genetische Vielfalt, allelische Diversität, aktuelle Heterozygotie und Differenzierung.

Die Werte lassen auf ausgeprägte genetische Unterschiede schließen. Die mittleren genotypischen Abstände liegen zwischen $6,1\%$ und $19,3\%$. Die mittleren allelischen Abstände variieren zwischen $4,1\%$ und $13,9\%$ mit dem überwiegenden Teil der Werte über 6% . An allen Genorten sind die genetischen Unterschiede signifikant auf dem $99,9\%$ Niveau.

Tabelle 2: Genetische Variation von sieben unbehandelten Versuchsflächen in drei Bundesländern (Maße siehe GILLET 1994)

Bestand	N	genetische Vielfalt			allelische Diversität		aktuelle Heterozygotie	Differenzierung	
		A/L	P [%]	Gp	v_{pool}	v_{gam}	H_a [%]	δ_T [%]	D_j [%]
Hirschberg	500	2,3	100	$8,75 \cdot 10^3$	1,498	13,7	29,5	29,1	6,2
Olbernhau	504	2,4	100	$1,75 \cdot 10^4$	1,443	11,3	26,7	28,0	8,1
Lauterberg	832	2,4	100	$1,09 \cdot 10^4$	1,400	9,2	24,1	25,8	4,8
Mayen	179	2,7	100	$5,83 \cdot 10^4$	1,414	9,4	15,6	25,6	7,7
Unterlüß	345	2,3	89	$7,29 \cdot 10^3$	1,421	9,8	23,7	26,1	2,5
Uslar	307	2,9	100	$9,72 \cdot 10^4$	1,423	9,9	19,9	26,4	8,8
Winnweiler	149	2,6	100	$2,9 \cdot 10^4$	1,442	10,8	21,8	27,0	8,0

3 Beeinflussungen der genetischen Variation

3.1 Untersuchungen zur Art der Beerntung

Bei Bestandesbeerntungen interessiert vor allem die Frage, inwieweit das geerntete Saatgut den Ausgangsbestand genetisch repräsentiert. Um dies zu überprüfen wurde der Genfluss in einem der unter Abschnitt 2.1 genannten Bestände im

damaligen Hessischen Forstamt Bad Karlshafen (Bestand A, s. Abb. 1) untersucht. Nach genetischer Analyse der Altbäume und nach Aufnahme des Blühverhaltens wurde systematisch anhand eines Rasterverfahrens Saatgut geerntet und genetisch analysiert. Aus den Daten wurde ein Computersimulationsmodell erstellt, an dem unterschiedliche Beerntungsverfahren getestet wurden (JANßEN 2000).

Daraus konnten Empfehlungen zur Saatguternte abgeleitet werden, die im Beitrag von KLEINSCHMITT et al. in diesem Band dargestellt sind.

3.2 Abstammungsrekonstruktion

Für Zwecke der Zertifizierung und Kontrolle von Saatgutpartien, die in den Handel gelangen oder aus denen Pflanzen angezogen werden, kann eine Abstammungsrekonstruktion mithilfe genetischer Marker vorgenommen werden. Wie WYPUKOL et al. (2008) berichten, war es für die rückwirkende Unterscheidung von fünf hessischen Saatguterntebeständen erforderlich, vier Kern-Mikrosatelliten-Genorte an 14 bis 15 potenziellen Erntebäumen zu charakterisieren. Die Zuordnung des mit Netzen geernteten Saatgutes zum Erntebestand wurde durch DNA-Analyse der Bucheckern-Schalen möglich, da der Genotyp der Schalen dem des Mutterbaumes 1:1 entspricht (s. Abb. 4). Außerdem wiesen alle Bestände an unterschiedlichen Loci private Allele auf, allerdings in sehr geringen Häufigkeiten.

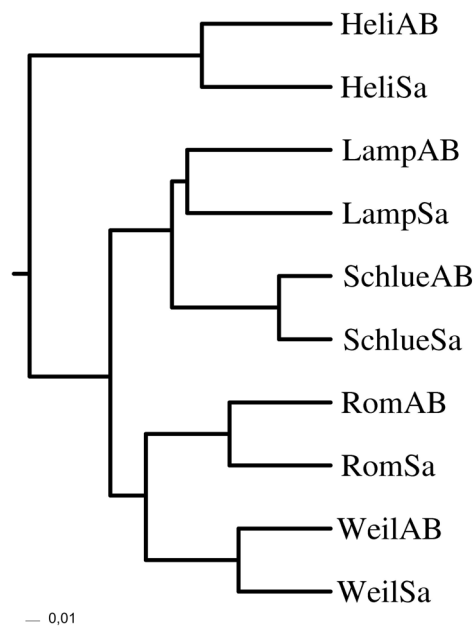


Abbildung 4: Gruppierung (UPGMA-Methode) der Multilocus-Genotypen der Altbäume (AB) und Samenschalen (Sa) von 5 hessischen Buchenbeständen (Heli: Hess. Lichtenau, Lamp: Lampertheim, Schlue: Schlüchtern, Rom: Romrod, Weil: Weilburg)

Unter der Voraussetzung, dass bei der Saatguternte eine repräsentative Stichprobe eingelagert wird, ergibt sich nach der Anzucht von Pflanzen die Möglichkeit der Rückverfolgung, da die Allelhäufigkeiten der im Saatgut vorhandenen Embryonen denen der daraus angezogenen Pflanzen entsprechen müssen.

3.3 Einflüsse in der Anzuchtphase

In der Anzuchtphase können Einflüsse wie beispielsweise die Größensortierung oder unterschiedliche Beschattung die genetischen Strukturen des Vermehrungsgutes verändern. Dazu wurden Bucheckern aus 16 verschiedenen Beständen (Saatgut aus 12 hessischen Beständen sowie aus je einem Bestand aus Schweden, Belgien, Bayern und Niedersachsen), während dreier Jahre im Freiland und unter einer Beschattung von 60 % bzw. 80 % angezogen. Dabei überlebten unter den jeweiligen Beschattungen nur ein Drittel bzw. ein Viertel der Buchenpflanzen im Vergleich zu den ohne Beschattung aufgewachsenen Buchen. Dabei gab es sehr große Unterschiede zwischen den Mortalitätsraten der Herkünfte. Dies weist auf ein hohes Selektionspotenzial durch die Beschattung bzw. die damit einhergehenden Umweltbedingungen (z. B. Infektionsdruck durch Pilze) hin.

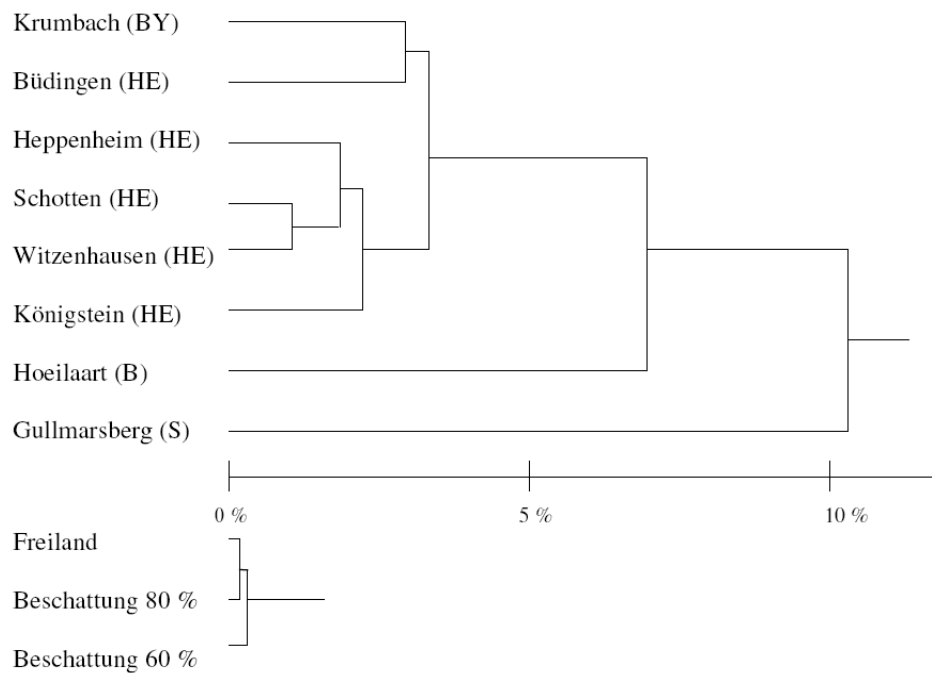


Abbildung 5: Genetische Abstände zwischen den Bestandesabsaat (oben) und zwischen den Anzuchtvarianten mit unterschiedlichem Beschattungsgrad (unten) (JANSEN et al. 2002) (Abk.: B = Belgien, BY = Bayern, HE = Hessen, S = Schweden)

Auch der Höhenwuchs und das Austriebverhalten wurden signifikant von der Beschattung beeinflusst. Darüber hinaus wiesen die verschiedenen Herkünfte zueinander in ihren phänotypischen Merkmalen deutliche Unterschiede auf. Die genetischen Untersuchungen ergaben, berechnet über alle Beschattungsvarianten, einen signifikanten Unterschied zwischen den einzelnen Beständen, was auf die Herkunftsunterschiede zurückzuführen war (JANßEN et al. 2002). So waren beispielsweise die Buchenpflanzen der schwedischen Herkunft mit einem genetischen Abstand von 10,2 % deutlich von den anderen Herkünften zu unterscheiden. Die Beschattung führte, berechnet über alle Herkünfte, an den untersuchten Isoenzym-Genorten trotz der extrem unterschiedlichen Mortalitätsraten zu keinen Unterschieden an den untersuchten Genorten (s. Abb. 5).

3.4 Vergleich phänotypisch unterschiedlicher Absaaten

Im Allgemeinen gibt es im Forstbereich keine genetischen Marker, die für die forstlich relevanten Parameter, insbesondere Wuchs- und Qualitätsleistung, verantwortlich sind. Die zur Verfügung stehenden Marker erlauben jedoch eine allgemeine Beschreibung der genetischen Strukturen hinsichtlich Vielfalt und Diversität auf allelischer und genotypischer Ebene. Es lässt sich die Variation innerhalb von Populationen beschreiben und auch die Differenzierung zwischen Populationen. Ob dabei die forstlich relevanten und erwünschten Merkmale (Qualität und Wuchsleistung) mit besonderen genetischen Strukturen einhergehen, ist nur in wenigen Fällen untersucht.

Im Buchen-Herkunftsversuch von 1959 im Niedersächsischen Forstamt Münden (KLEINSCHMITT u. SVOLBA 1996) wurden vier Versuchsglieder genetisch untersucht, darunter die Provenienzen Zwiesel-Ost und Metzingen, die sich bezüglich der Stammqualität extrem unterscheiden. An den Ergebnissen zeigte sich, dass die auffallenden Qualitätsunterschiede hier mit genetischen Unterschieden an den Isoenzym-Genorten korrelieren (STEINER et al. 2008).

Die hervorragende Herkunft „Zwiesel-Ost“ wies bei der allelischen Diversität (sowohl bei der Genpool-Diversität als auch bei der hypothetisch gametischen Multilocus-Diversität) und der Heterozygotie die höchsten Werte auf. Die qualitativ sehr schlechte Herkunft Metzingen hatte diesbezüglich die niedrigsten Werte (s. Abb. 6). Die genetischen Untersuchungen unterstützen damit die phänotypisch-morphologischen Beobachtungen: Forstlich relevante Qualität ist nicht nur auf waldbauliches Handeln, sondern zu beträchtlichen Teilen auch auf genetisch vorhandene Unterschiede zurückzuführen.

Bei zwei weiteren Provenienzen aus Niedersachsen (Knobben und Kupferhütte) konnten auch die in den ursprünglichen Erntebeständen entstandenen Naturverjüngungen beprobt und genetisch untersucht werden. Auffällig ist, dass die unterschiedlichen Wuchsbedingungen während der letzten 45 Jahre (Freiflächenpflanzung nach Anzucht im Kamp gegenüber Naturverjüngung unter

Schirm) nur zu sehr geringen Unterschieden in den populationsgenetischen Merkmalen führten.

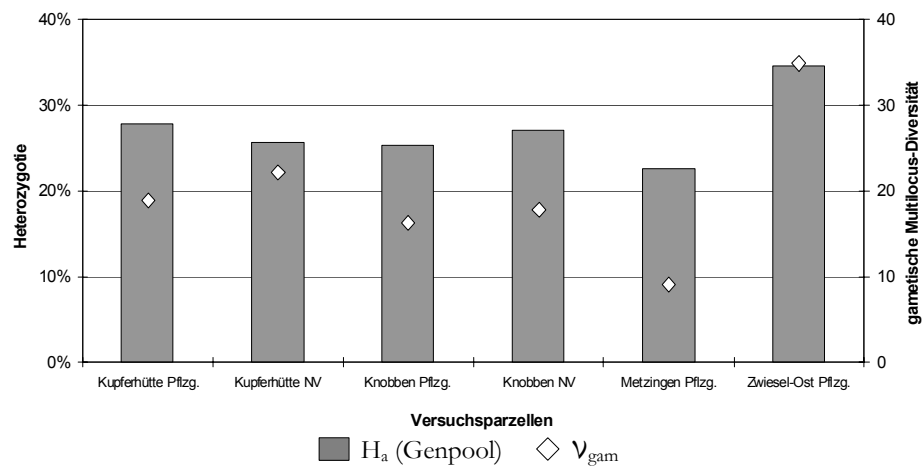


Abbildung 6: Heterozygotie und hypothetische gametische Multilocus-Diversität (v_{gam}) gepflanzter und naturverjüngter Buchenberkünfte (STEINER et al. 2008)

3.5 Einfluss der Bewirtschaftungsart

Zwei direkt benachbarte etwa 120-jährige Buchenbestände im Hessischen Forstamt Wehretal zeigen deutliche Unterschiede in phänotypischen Merkmalen wie Höhenwuchs, Kronenansatzhöhe, Astreinigung, Durchmesser oder Zwieselbildung (s. Tab. 3). Beide Bestände sind im gleichen Zeitraum durch Naturverjüngung entstanden und konnten sich während der Entstehungsphase über Polleneinträge genetisch austauschen. Während der eine Bestand im Kleinprivatwaldbesitz mittelwaldartig mit der hauptsächlichen Zielsetzung der Brennholzentnahme bewirtschaftet wurde, ist der benachbarte Bestand, der sich im Landesbesitz befindet, als Hochwald zur Stammholzproduktion bewirtschaftet worden.

Tabelle 3: Phänotypische Merkmale der Altbuchen im Privat- und Staatswald

	Baum- höhe [m]	BHD [cm]	Kronen- ansatz [m]	Kronen- prozent [%]	Zwiesel [%]	Bäume mit Astreinigung [%]	
						mäßig	schlecht
alle Parzellen	30,2	36,4	11,9	60,6	28,0	31,6	10,6
Staatswald	33,6	40,4	15,5	53,7	25,2	13,7	4,6
Privatwald	26,7	32,2	8,2	69,4	30,8	49,7	16,6

Beide Bestände wurden mit Hilfe von Isoenzymanalysen genetisch untersucht. Allerdings wurden kaum genetische Unterschiede zwischen den Beständen gefunden (s. Tab. 4). Die unterschiedliche Bewirtschaftung über 120 Jahre, die durch die phänotypischen Merkmale deutlich belegt ist, ließ sich an den untersuchten Isoenzymgenorten nicht nachweisen (JANßEN u. SCHULZ 2002).

Tabelle 4: Genetische Maße bei unterschiedlicher Bewirtschaftung

	Genpool-Diversität	Hypothetisch gametische Multilocus-Diversität	Genpool-Distanz
alle Parzellen	1,469	48,4	
Staatswald	1,469	48,8	
Privatwald	1,467	47,7	2,3 %

3.6 Genetische Untersuchungen in Durchforstungsversuchen in Niedersachsen und Rheinland-Pfalz

Um zukünftig Aspekte der genetischen Anpassungsfähigkeit bei waldbaulichen Eingriffen berücksichtigen zu können, wurden auf fünf waldwachstumskundlichen Versuchsflächen in Niedersachsen und Rheinland-Pfalz undurchforstete Teilbestände (Nullflächen) mit durchforsteten Teilbeständen verglichen. Zusätzlich wurden zwei undurchforstete Bestände aus Sachsen in die Untersuchungen einbezogen.

Außerdem wurden auf den unbehandelten Nullflächen Simulationen verschiedener Durchforstungsvarianten durchgeführt und ihre Auswirkungen auf die genetischen Strukturen des ausscheidenden bzw. verbleibenden Bestandes untersucht. Die Ergebnisse sind bei DOÚNAVI et al. (2002), SCHÜTE u. RUMPF (2003) sowie CREMER et al. (2005) dokumentiert.

Insgesamt betrachtet scheinen einmalige Pflegeeingriffe anhand der vorliegenden Untersuchungsergebnisse einen eher geringen Einfluss auf die genetischen Strukturen von Buchenbeständen bzw. geringe Selektionswirkungen zu haben. Außerdem ist kein Trend dahingehend zu erkennen, dass mit Zunahme der Durchforstungsstärke die genetische Variation wesentlich geringer wird.

Ein sehr ähnliches Bild ergibt sich, wenn Durchforstungseingriffe innerhalb der Nullflächen simuliert werden. Erst bei extrem starken Eingriffen ist ein deutlicher Verlust an allelischer Diversität nachweisbar. Ansonsten sind die durch Durchforstungen verursachten Veränderungen viel geringer als die bereits ursprünglich vorhandenen Unterschiede zwischen den Versuchsflächen.

Die Entnahme der qualitativ guten und starken Bäume (Wertträger) im Zuge der Zielstärkennutzung hat keine wesentlichen Auswirkungen auf die genetischen

Strukturen des verbleibenden Bestandes und folglich auch nicht auf die des Folgebestandes an den untersuchten Genorten. Geht man allerdings von regelmäßigen, immer wiederkehrenden Durchforstungsmaßnahmen aus, die sich über einen Zeitraum von mehreren Jahrzehnten erstrecken, kann aufgrund dieser Ergebnisse nicht völlig ausgeschlossen werden, dass es zu einer Einengung der genetischen Variation kommen kann.

Ein gleichmäßiger waldbaulicher Eingriff bzw. eine gleichmäßige Entnahme von Bäumen über die Fläche reduziert für seltene Allele, die vorwiegend geklumpt vorkommen, die Gefahr, dass sie als Gruppe entnommen werden.

3.7 Untersuchungen in hessischen Durchforstungsversuchen

Um den Einfluss von Durchforstungen auf die genetischen Strukturen von Buchenbeständen zu untersuchen, wurden in zwei waldwachstumskundlichen Versuchen im Stadtwald Laubach und im Staatswald Schotten die nicht oder kaum bewirtschafteten Bestände (Nullparzellen) mit durchforsteten Beständen bezüglich ihrer genetischen Strukturen verglichen. Die genetische Diversität ist dabei in den durchforsteten Beständen etwas höher als in den Nullparzellen. Der Anteil heterozygoter Buchen ist hier ebenfalls in beiden Versuchen höher (s. Tab. 5).

In Bezug auf die genetische Diversität der untersuchten Isoenzym-Genorte ist daher die Bewirtschaftung eher positiv zu sehen. Während unter natürlichen Bedingungen ohne menschlichen Einfluss in den Nullparzellen nur nach dem Gesichtspunkt der Vitalität selektiert wird, kommt in den durchforsteten Parzellen der menschliche Einfluss in Form von qualitativen Selektionskriterien hinzu. Eine qualitativ gute, aber weniger vitale Buche hat hier unter Mithilfe des selektierenden Försters eine größere Überlebenswahrscheinlichkeit (JANßEN u. NOWACK 2001).

Tabelle 5: Genetische Maße in den waldwachstumskundlichen Versuchen Laubach und Schotten

	Laubach		Schotten	
	Nullparzelle	Durchforstung	Nullparzelle	Durchforstung
Multilocus-Diversität	17,3	23,1	20,6	22,2
Differenzierung	29,8	32,3	31,5	32,0
Heterozygotenanteil	29,3 %	30,6 %	30,2 %	32,0 %

4 Diskussion und Ausblick

Für eine heimische Hauptbaumart wie der Buche ist die Kenntnis über die genetischen Strukturen innerhalb der Bestände und über von außen einwirkende Effekte auf die genetische Struktur unbedingt notwendig, um diese zielgerichtet bewirtschaften und verjüngen zu können. In Zeiten prognostizierter Klimaänderungen in relativ kurzer Zeit und in erheblichem Umfang mit bis zu 4 °C Durchschnittstemperaturanstieg in den nächsten 50 bis 100 Jahren sind diese Kenntnisse außerordentlich wichtig. Aber auch andere Baumarten, die, wie beispielsweise die Traubeneiche, von solchen Klimaänderungen profitieren könnten, dürfen bei den genetischen Untersuchungen nicht außer Acht gelassen werden. Dies gilt natürlich auch für Baumarten wie der Fichte, für die die vorhergesagten Klimaänderungen mit einem Risikoanstieg behaftet sind.

In großen, der Natur überlassenen Gebieten wie dem Buchennationalpark Kellerwald-Edersee oder dem Nationalpark Harz sollte ein genetisches Monitoring installiert werden, um möglichst frühzeitig Auswirkungen von Klimaänderungen, die nicht von unmittelbaren menschlichen Eingriffen überdeckt werden, feststellen zu können. Änderungen der Anpassungsfähigkeit sind von essentieller Bedeutung für die Überlebensfähigkeit. Genetisches Monitoring, wie es von einer Expertengruppe der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ beschrieben wurde, dient somit der Bewahrung der Intaktheit der genetischen Systeme bzw. einer ausreichend hohen Anpassungsfähigkeit (<http://www.genres.de/fordeu/genetisches-monitoring/>). Durch die wiederholte Erfassung des Zustandes der genetischen Systeme wird es möglich, Veränderungen und Entwicklungen aufzuzeigen, die Einflussgrößen zu charakterisieren und Maßnahmen zur Erhaltung der genetischen Vielfalt abzuleiten.

Neben dem Einsatz bewährter Isoenzymanalytik besteht die Möglichkeit eine nahezu unbegrenzte Anzahl von DNA-Markern anzuwenden. Da es sich bei den bisher eingesetzten DNA-Markern, siehe auch DOÚNAVI (2000), SCHELTER u. KRABEL (2002) sowie GEBHARDT et al. (2002), vielfach um anonyme Marker (simple sequence repeats = SSR und Inter-SSR) handelt, deren Bedeutung für das pflanzliche Wachstum und insbesondere für die Entwicklung waldbaulich relevanter Eigenschaften (z. B. Geradschaftigkeit) noch ungeklärt ist, muss ihre Eignung für die Beantwortung spezifischer Fragestellungen jeweils überprüft oder entsprechende Entwicklungsarbeit geleistet werden. Für Biodiversitätsstudien haben sich neben Isoenzymen vielfach kernkodierte Mikrosatelliten und extrachromosomale, uniparentale DNA-Marker bewährt (GILLET 1999).

Zur Klärung der Autochthonie müssen die räumlichen Muster genetischer Diversität, beispielsweise der chloroplastischen Erbinformation (cp-DNA), analysiert werden. Die möglichen Methodiken sind von mehreren Autoren für die Baumarten Eiche, Tanne sowie für die südliche Buche (*Nothofagus nervosa*) in der Literatur hinreichend beschrieben worden (DUMOLIN-LAPEQUE et al. 1997,

KONNERT u. BERGMANN 1995, VENDRAMIN u. ZIEGENHAGEN 1997, MARCHELLI et al. 1998). Bei diesen Baumarten hat es sich gezeigt, dass der Genpool einer Baumart ganz wesentlich durch die bei der nacheiszeitlichen Rückwanderung wirksamen populationsgenetischen Prozesse (Flaschenhalseffekte) und durch den Rückwanderungsweg beeinflusst ist.

Autochthonieuntersuchungen sollten durchgeführt werden, um zum einen die Herkunftssicherheit in Zukunft zu erhöhen und zum anderen Saatgutverbringungen über größere Entfernungen zu ermitteln. Sollten Makrofossilien (Holz, Blätter, Samen) gefunden werden, könnten paläogenetische Untersuchungen Hinweise zur Rückwanderung der Buche und zur Anpassungsgeschichte geben.

Nach heutigem Kenntnisstand wird die Bedeutung der Anpassungsfähigkeit unserer Waldbaumpopulationen mit zunehmender Umweltvariabilität noch steigen. Da wir nicht wissen, welche Gene im Einzelnen unter zukünftigen Umweltbedingungen die Überlebens- und Leistungsfähigkeit sichern werden, kommt der genetischen Diversität als Basis der Anpassungsfähigkeit eine zentrale Bedeutung zu. Die Forstwirtschaft braucht Informationen und Empfehlungen, wie verschiedene Bewirtschaftungsmethoden unter dem Aspekt der genetischen Vielfalt zu bewerten sind. Unter Umständen wird es sogar eines aktiven Genpool-Managements bedürfen, um nicht allein auf die natürlich, aber sehr langsam ablaufenden Anpassungsvorgänge der Mutation, Selektion und Migration angewiesen zu sein.

Literatur

- BUNDES RAT (1985): Entschließung des Bundesrates über Maßnahmen zur Erhaltung der genetischen Vielfalt der Waldbaumarten vom 8.2.1985. Drucksache 573/85
- CREMER, E.; RUMPF, H.; WOLF, H.; MAURER, W. u. STEINER, W. (2005): Führen Durchforstungen zu Veränderungen der genetischen Strukturen von Buchenbeständen? Forst und Holz 60, 184-188
- DOÚNAVI, A. (2000): Familienstrukturen in Buchenbeständen (*Fagus sylvatica*). Dissertation Universität Göttingen, 142 S.
- DOÚNAVI, K.; STEINER, W. u. MAURER, W.D. (2002): Effects of different silvicultural treatments on the genetic structure of European beech populations (*Fagus sylvatica* L.). In: GADOW, K. v.; NAGEL, J. u. SABOROWSKI, J. (eds.): Managing Forest Ecosystems (vol. 4, special issue): Continuous Cover Forestry – Assessment, Analysis, Scenarios. Kluwer Academic Publishers: Dordrecht, Boston, London, 81-90
- DUMOLIN-LAPEGUE, S.; DEMESURE, B.; FINESCHI, S.; LE CORRE, V. u. PETIT, R.J. (1997): Phylogeographic structure of white oaks throughout the European continent. Genetics 146, 1475-1487
- FIRBAS, F. (1949): Waldgeschichte Mitteleuropas, Bd. 1. Gustav Fischer, Jena
- FIRBAS, F. (1952): Waldgeschichte Mitteleuropas, Bd. 2. Gustav Fischer, Jena
- GEBHARDT, K. (2003): Genetische Diversität der Buche (*Fagus sylvatica* L.) im hessischen Staatswald. Mitt. aus der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz 52/04, 189-196
- GEBHARDT, K.; POHL, A. u. VORNAM, B. (2002): Genetic inventory of Black Poplar populations in the Upper Rhine floodplains: conclusions for conservation of an endangered plant species. In: VAN DAM, B.C. u. BORDÁCS, S. (eds.): Proceedings of an Int. Symposium „Genetic diversity in

- river populations of European Black Poplar“ held 16. – 20. May 2001 in Szekszárd, Hungary, printed by C. Nyomda Ltd. Budapest, Hungary, 145-156
- GILLET, E.M. (1994): GSED – Genetic structures from electrophoresis data. User's Manual version 1.0, Universität Göttingen, 49 S.
- GILLET, E.M. (ed.) (1999): "Which Marker for Which Purpose?" Final Compendium of the Research Project "Development, optimisation and validation of molecular tools for assessment of biodiversity in forest trees"; <http://webdoc.sub.gwdg.de/ebook/y/1999/whichmarker/index.htm>, gedruckt als: Mitteilungen der Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft, Hamburg, Nr. 198, 164 + iv pp., Kommissionsverlag Max Wiedebusch, Hamburg, 2000
- JANßEN, A. (1998): Untersuchungen zur genetischen Variation der Buche in Hessen. In: HLFWW (Hrsg.): Jahresberichte 1996/1997. Hessische Landesanstalt für Forsteinrichtung, Waldforschung und Waldökologie, Hann. Münden, 15-17
- JANßEN, A. (2000): Der Einfluß von Ernteverfahren auf die genetische Struktur von Saatgut eines Buchenbestandes. Forschungsberichte der Hessischen Landesanstalt für Forsteinrichtung, Waldforschung und Waldökologie, Band 27, 142 S.
- JANßEN, A. u. NOWACK, S. (2001): Beeinflussen Durchforstungen die genetische Struktur von Buchenbeständen? AFZ/Der Wald 56, 614-615
- JANßEN, A. u. SCHULZ, R.-D. (2002): Einfluss der Bewirtschaftungsweise aufgrund unterschiedlicher Besitzart? AFZ/Der Wald 57, 1272-1275
- JANßEN, A.; SCHULZ, R.-D. u. HOLZBERG, H. (2002): Einfluß verschiedener Beschattungsvarianten in der Anzuchtphase auf die genetischen und phänotypischen Strukturen von Bestandesabsaaten. Forst und Holz 57, 338-341
- KLEINSCHMIT, J. u. SVOLBA, J. (1996): Ergebnisse der Buchenherkunftsversuche von KRAHL-URBAN. AFZ/Der Wald 14, 780-782
- KONNERT, M. u. BERGMANN, F. (1995): The geographical distribution of genetic variation of silver fir (*Abies alba*, Pinaceae) in relation to its migration history. Plant Systematics and Evolution 195, 19-30
- KONNERT, M.; ZIEHE, M.; TRÖBER, U.; MAURER, W.; JANßEN, A.; SANDER, T.; HUSSENDÖRFER, E. u. HERTEL, H. (2000): Genetische Variation der Buche (*Fagus sylvatica* L.) in Deutschland: Gemeinsame Auswertung genetischer Inventuren über verschiedene Bundesländer. Forst und Holz 55, 403-408
- LÖCHELT, S. u. FRANKE, A. (1995): Bestimmung der genetischen Konstitution von Buchen-Beständen (*Fagus sylvatica* L.) entlang eines Höhentransektes von Freiburg auf den Schauinsland. Silvae Genetica 44, 947-949
- MARCHELLI, P.; GALLO, L.; SCHOLZ, B. u. ZIEGENHAGEN, B. (1998): Chloroplast DNA markers revealed a geographical divide across Argentinean southern beech *Nothofagus nervosa* (Phil.) Dim. et Mil. distribution area. Theoretical and Applied Genetics 97, 642-646
- MELCHIOR, G.H.; BECKER, A.; BEHM, A.; DOERFLINGER, H.; KLEINSCHMIT, J.; MUHS, H.J.; SCHMITT, H.-P.; STEPHAN, B.R.; TABEL, U.; WEISGERBER, H. u. WIDMAIER, T. (1989): Erhaltung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland. Forst und Holz 44, 379-404
- MÜLLER-STARCK, G. u. STARKE, R. (1993): Inheritance of isozymes in European beech (*Fagus sylvatica* L.). J. Heredity 84, 291-296
- PAUL, M.; HINRICHS, T.; JANßEN, A.; SCHMITT, H.-P.; SOPPA, B.; STEPHAN, B.R. u. DÖRFLINGER, H. (2001): Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland. Schriftenreihe der Sächsischen Landesanstalt, 66 S.
- ROTHER, G.M. (1994): Electrophoresis of Enzymes: Laboratory Methods. Springer Verlag, Berlin-Heidelberg. 307 S.
- SANDER, T.; KÖNIG, S.; ROTHER, G.M.; JANßEN, A. u. WEISGERBER, H. (2000): Genetic variation of European beech (*Fagus sylvatica* L.) along an altitudinal transect at mount Vogelsberg in Hesse, Germany. Molecular Ecology 9, 1349-1361

- SANDER, T.; ROTHE, G.M.; WEISGERBER, H. u. JANBEN, A. (2001): Allelic and genotypic variation of 13 European beech (*Fagus sylvatica* L.) populations in Hesse, Germany. *Forest Genetics* 8, 13-24
- SCHELTER, D. u. KRABEL, D. (2002) Genetische Charakterisierung von Laubholz-Naturverjüngung unter Fichten-Reinbeständen mittels molekulargenetischer Erhebungen. GWPG-Tagung 6.-9. Okt. 2002, Hamburg, Poster PS-1-13
- SCHÜTE, G. u. RUMPF, H. (2003): Untersuchungen waldbaulicher Einflüsse auf die genetische Struktur naturverjüngter Buchenbestände (*Fagus sylvatica* L.). *Forstarchiv* 74, 90-96
- SECRETARIAT OF THE CONVENTION ON BIOLOGICAL DIVERSITY (2005): Handbook of the Convention on Biological Diversity Including its Cartagena Protocol on Biosafety, 3rd edition, (Montreal, Canada)
- STEINER, W.; RUMPF, H. u. GAERTNER, U. (2008): Genetische und phänotypische Unterschiede an einigen Provenienzen im Buchenherkunftsversuch von 1959. (in Vorbereitung)
- VENDRAMIN, G.G. u. ZIEGENHAGEN, B. (1997): Characterization and inheritance of polymorphic plastid microsatellites in *Abies*. *Genome* 40, 857-864
- WYPUKOL, H., LIEPELT, S., ZIEGENHAGEN, B. u. GEBHARDT, K. (2008): Genetische Methoden zur Abstammungsanalyse und Prüfung von Sortenechtheit und -reinheit. In: Tagungsbericht des Symposiums „Herkunftskontrolle“, 7.-8.2.08 in Kassel (im Druck)
- ZIEHE, M.; HATTEMER, H.H.; MÜLLER-STARCK, R. u. MÜLLER-STARCK, G. (1999): Genetic structures as indicators for adaptation and adaptational potentials. In: MÁTYÁS, Cs. (ed.): *Forest Genetics and Sustainability*. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, The Netherlands, pp. 75-89
- ZIEHE, M.; VORNAM, B.; MÜLLER-STARCK, R.; TUROK, J.; HATTEMER, H.H.; MAURER, W.D. u. TABEL, U. (2002): Genetische Strukturen der Buche in Rheinland-Pfalz. In: MAURER, W.D.: *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 (ISSN 1610-7705), Nr. 49/02, 99-118

Korrespondierender Autor:

Dr. Alwin Janßen
Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt
Abteilung Waldgenressourcen
Prof.-Oelkers-Str. 6
34346 Hann. Münden
E-Mail: Alwin.Janssen@nw-fva.de
URL: www.nw-fva.de

Dr. Karl Gebhardt
Dr. Wilfried Steiner
Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt