



*Typische Dauerbeobachtungsfläche für das genetische Monitoring:  
Buchenbestand mit fruktifizierenden Altbäumen und Naturverjüngung  
im südlichen Hunsrück (Rheinland-Pfalz) Foto: W.D. Maurer*

## **Anleitung zur Durchführung des genetischen Monitorings für bestandesbildende Baumarten**

*erarbeitet von der*

**Expertengruppe „Genetisches Monitoring“  
in der  
Bund-Länder-Arbeitsgruppe (BLAG)  
„Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“**

**März 2008**

# Inhaltsverzeichnis

<b>Grundsätzliches</b> .....	<b>3</b>
<b>Teil A: Genetisches Monitoring auf Intensivmessflächen</b>	
1 Auswahl der Monitoringflächen .....	3
2 Flächeneinrichtung .....	5
3 Einmessen und Markieren der Bäume auf der Monitoringfläche .....	5
3.1 Reproduktionsfähige Bäume .....	6
3.2 Verjüngung .....	6
4 Probenahme zur Erstaufnahme der genetischen Variation .....	6
5 Wiederkehrende Aufnahmen (Folgeaufnahmen) .....	6
6 Erhebung genetischer Merkmale .....	7
6.1 Sicherung des Probenmaterials .....	7
6.2 Auswahl der Genmarker .....	7
7 Erhebung phänologischer Merkmale .....	8
7.1 Beobachtung der Blühintensität .....	8
7.2 Beobachtung der Fruktifikationsintensität .....	8
8 Bewertung der Saatgutqualität .....	9
9 Schnittstellen zu anderen Erhebung des forstlichen Umweltmonitorings .....	9
10 Auswertung der Erhebungsdaten .....	9
10.1 Datenmanagement .....	9
10.2 Datenauswertung .....	10
10.3 Veröffentlichungen zum genetischen Monitoring .....	10
<b>Teil B Erweitertes genetisches Monitoring auf Level I-Flächen</b>	
11 Auswahl der Monitoringflächen .....	11
12 Probenahme zur Ermittlung der genetischen Variation .....	11
13 Folgeaufnahmen .....	11
14 Erhebung genetischer Merkmale .....	11
15 Auswertung der Erhebungsdaten .....	11
15.1 Datenmanagement .....	11
15.2 Datenauswertung .....	11
15.3 Schnittstellen zu anderen Erhebung des forstlichen Umweltmonitorings .....	11
<b>Teil C Anhang Datenauswertung</b>	
16 Berechnung genetischer Parameter .....	12
16.1 Genetische Vielfalt und Diversität .....	12
16.2 Genetische Unterschiede .....	12
16.3 Paarungssystem sowie Pollen- und Samenverteilung .....	12
16.4 Räumlich-genetische Struktur .....	13
16.5 Bewertung der genetischen Parameter .....	13
16.6 Simulationsstudien .....	13
16.7 Interdisziplinäre Datenauswertung .....	13
16.8 Zitierte Literatur zur Datenauswertung .....	14
<b>Mitglieder der BLAG-Expertengruppe „Genetisches Monitoring“ .....</b>	<b>16</b>

# Anleitung zur Durchführung des genetischen Monitorings für bestandesbildende Baumarten

## Grundsätzliches

**Ziel des genetischen Monitorings** ist es, den Zustand und die räumlichen und zeitlichen Veränderungen genetischer Systeme von Baum- und Straucharten anhand von Kriterien, Indikatoren und Verifikatoren zu erfassen. Hierzu erarbeitete die Experten-Gruppe „*Genetisches Monitoring*“ im Jahre 2004 im Auftrag der Bund-Länder-Arbeitsgruppe (BLAG) „*Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht*“ ein „*Konzept zum genetischen Monitoring für Waldbaumarten in der Bundesrepublik Deutschland*“ vor (BLAG-EXPERTENGRUPPE „GENETISCHES MONITORING“ 2004). Das zu beobachtende „genetische System“ umfasst alle Prozesse zur Speicherung, Neusynthese, Realisierung, Reparatur und Weitergabe seiner genetischen Informationen, die damit den eigenen Fortbestand über Generationen sichern.

Ein kosteneffizientes Monitoring, das großräumige Auswertungen und generalisierende Aussagen ermöglicht, muss nach **bundesweit einheitlicher Methodik** durchgeführt werden. Dies betrifft insbesondere Stichprobenstrategie, Aufnahmeverfahren, Markerauswahl, Analysenmethodik sowie die Dokumentation und Auswertung der Daten. Die vorliegende Anleitung dient hierzu als Grundlage zur Umsetzung des Konzeptes.

Als **Monitoringflächen** sind vorrangig solche auszuwählen, für die bereits eine hohe Datendichte insbesondere zu Einzelbäumen sowie eine genaue Flächendokumentation vorliegt, wie beispielsweise für Dauerbeobachtungsflächen des forstlichen Umweltmonitorings, Naturwaldreservate, genetische Versuchsflächen und waldwachstumskundliche Dauerbeobachtungsflächen.

Für **bestandesbildende Wirtschaftsbaumarten** ist das genetische Monitoring hinsichtlich der Flächenauswahl und der Beobachtungsintensität ausgerichtet auf eine **Doppelstrategie**:

(i) Zum einen sind die Untersuchungen auf vergleichsweise wenigen Intensivmessflächen (z.B. Level II-Flächen) durchzuführen, welche vorrangig auf die Erforschung von Ursache-Wirkungs-Beziehungen zielen. Hier ist der Einfluss genetischer Komponenten zwingend in das Wirkungsgefüge einzubeziehen.

(ii) Zum anderen ist das genetische Monitoring auf einem Flächenraster der forstlichen Dauerbeobachtung (Level I-Flächen) einzuführen, um die Dynamik von Raum-Zeit-Beziehungen bezüglich des genetischen Systems beobachten zu können.

## Teil A

### Genetisches Monitoring auf Intensivmessflächen

#### 1 Auswahl der Monitoringflächen

Die Untersuchungen des genetischen Monitorings sollen bei bestandesbildenden Baumarten wie insbesondere bei Eiche, Buche, Tanne, Fichte und Kiefer grundsätzlich auf Flächen durchgeführt werden, die als Dauerbeobachtungsflächen eingerichtet sind.

Dies ermöglicht die Nutzung von bereits erhobenen Flächenparametern (z. B. *Witterung, Schadstoffbelastung, Bodenvegetation*), Populationsparametern (z. B. *Größe, Struktur, Bestandesgeschichte, Bewirtschaftungsmaßnahmen*) und Baumparametern (z. B. *Standraumkoordinaten, Wachstumsdaten, Vitalität, Qualitätsmerkmale, Wuchsformen, soziologische Stellung, Ernährungssituation*), die für die kausale Bewertung von Veränderungen des genetischen Systems unverzichtbar sind. Gleichfalls können so die Ergebnisse des genetischen Monitorings in die Gesamtaussagen der Forstlichen Umweltkontrolle bezüglich der Gefährdung und Anpassung von Waldbeständen einbezogen werden (cf. KÄTZEL *et al.* 2005).

Die auszuwählenden Monitoringflächen berücksichtigen die wesentlichen forstlichen Herkunftsgebiete und Verbreitungsschwerpunkte. Als sinnvoll erachtet werden insgesamt folgende Flächenzahlen, die in Tab. 1 aufgeführt sind:

**Tab. 1: Empfohlene Anzahl an einzurichtenden Flächen für das genetische Monitoring. Baumarten mit hoher Priorität sind fett gedruckt.**

Baumart	Anzahl der Herkunftsgebiete	Flächenzahl für das genetische Monitoring
<b>Vogel-Kirsche (<i>Prunus avium</i>)</b> Hainbuche ( <i>Carpinus betulus</i> ) Sand- und Moor-Birke ( <i>Betula pendula</i> und <i>B. pubescens</i> ) Sommer-Linde ( <i>Tilia platyphyllos</i> ) Spitz-Ahorn ( <i>Acer platanoides</i> )	je 4	je 4
<b>Douglasie (<i>Pseudotsuga menziesii</i>)</b>	6	4
Berg-Ahorn ( <i>Acer pseudoplatanus</i> )	11	4
Gewöhnliche Esche ( <i>Fraxinus excelsior</i> ) Schwarz-Erle ( <i>Alnus glutinosa</i> ) Winter-Linde ( <i>Tilia cordata</i> )	je 8	je 4
Grau-Erle ( <i>Alnus incana</i> )	2	4
Europäische Lärche ( <i>Larix decidua</i> )	7	4
<b>Weiß-Tanne (<i>Abies alba</i>)</b>	12	6
<b>Europäische Fichte (<i>Picea abies</i>)</b>	30	10
<b>Rot-Buche (<i>Fagus sylvatica</i>)</b>	26	10
<b>StielEiche (<i>Quercus robur</i>)</b>	9	10
<b>Trauben-Eiche (<i>Quercus petraea</i>)</b>	13	10
Wald-Kiefer ( <i>Pinus sylvestris</i> )	23	10

„Auswahlfilter“:

- Level II–Flächen, Naturwaldreservate u.a.
- Baumartenanteil (rein oder gemischt),
- ab fruktifikationsfähigem Alter,
- Naturverjüngung muss vorhanden sein.

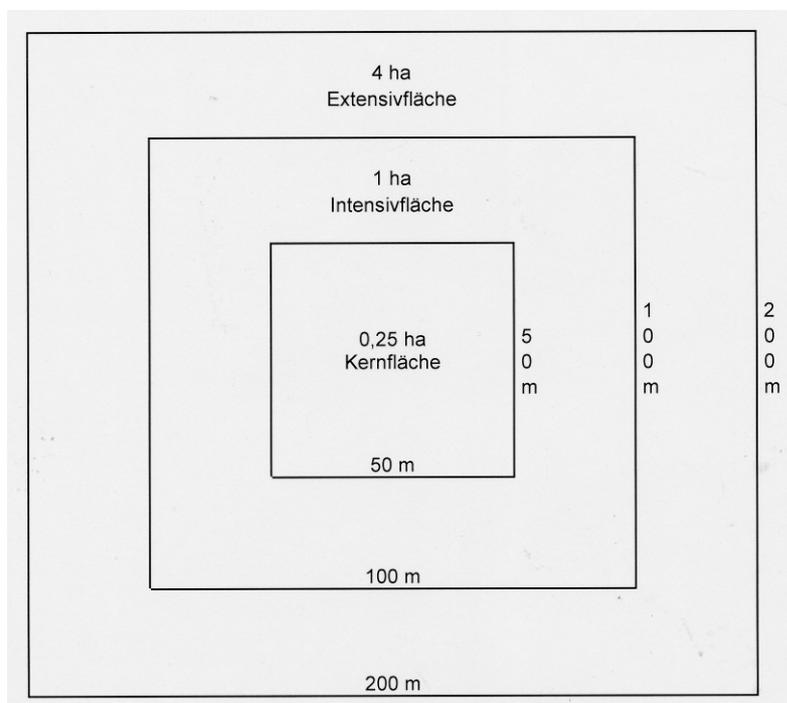
Grundsätzlich unterliegt die Flächenauswahl den einzelnen Bundesländern. Es wird empfohlen, die in Tab. 1 genannte Flächenzahl einzuhalten.

## 2 Flächeneinrichtung

Jede Monitoringfläche soll sich über eine Gesamtflächengröße von 4 ha erstrecken. Innerhalb dieses Flächenbereichs werden drei Zonierungsbereiche abgegrenzt und erkennbar verpflockt. Von innen nach außen wird festgelegt (siehe hierzu die Abb. 1):

- ein zentraler Bereich von 50 x 50 m entsprechend 0,25 ha (**Kernfläche** wie bei Level II, gezäunt);
- hierum gelegt wird ein innerer Erweiterungsbereich, so dass sich aus Kernfläche plus diesen Erweiterungsbereich die **Intensivfläche** von 100 x 100 m entsprechend 1 ha ergibt;
- um die Intensivfläche wird ein äußerer Erweiterungsbereich gelegt, so dass sich aus Intensivfläche plus diesem Erweiterungsbereich die **Extensivfläche** von 200 x 200 m entspricht 4 ha ergibt.

Die Eckpunkte der Flächenbereiche werden mit GPS eingemessen.



**Abb. 1:** Monitoringfläche mit den drei Zonierungsbereichen Kernfläche, Intensivfläche und Extensivfläche

## 3 Einmessen und Markieren von Altbäumen und Verjüngung auf der Monitoringfläche

Beim genetischen Monitoring werden verschiedene Entwicklungsstadien eines Bestandes beobachtet. Hierzu gehören die reproduktionsfähigen Bäume des Altbestandes, die noch nicht reproduktionsfähigen Bäume aus natürlicher Verjüngung sowie das Saatgut.

### 3.1 Reproduktionsfähige Bäume

Auf der Gesamtfläche werden mindestens 250 reproduktionsfähige Bäume ausgewählt. Da die individuelle Blühfähigkeit nicht in jedem Fall exakt bestimmt werden kann, werden Bäume mit einem BHD > 15 cm folgendermaßen erfasst:

- alle Bäume mittels Vollinventur auf der Intensivfläche,
- Komplettierung durch Bäume auf der Extensivfläche auf die noch bis zur Zahl 250 fehlenden Individuen. Diese zusätzlichen Bäume sollen gleichmäßig über die Fläche verteilt sein.

Alle Bäume werden dauerhaft markiert, ihre Koordinaten eingemessen und ein Stammverteilungsplan erstellt. Bei jedem Baum werden der Brusthöhendurchmesser (BHD) und die soziologische Klasse nach KRAFT erfasst.

### 3.2 Verjüngung

In der Intensivfläche von einem 1 ha werden vier Verjüngungskreise mit einem Durchmesser von 10 m ausgesucht. Die Kreise sollen möglichst gleichmäßig über die Fläche verteilt sein (O, W, N, S). Der Mittelpunkt eines jeden Kreises wird verpflockt und seine Koordinaten eingemessen. In jedem Verjüngungskreis werden möglichst die 50 höchsten Pflanzen markiert und ihre Höhe gemessen.

Weitere 200 Pflanzen werden auf der gesamten Monitoringfläche repräsentativ erfasst. Von Bäumen < 200 cm Höhe wird nur die Baumhöhe, bei höheren Bäumen sowohl die Baumhöhe als auch der BHD gemessen.

## 4 Probenahme zur Erstaufnahme der genetischen Variation

Von allen markierten Individuen (Altbäume, Verjüngung) wird einzelbaumweise Untersuchungsmaterial (z. B. Ruheknospen, Blätter, Kambium) für die genetischen Untersuchungen entnommen.

Unter den Altbäumen werden 20 gut fruktifizierende Bäume ausgesucht und hiervon mindestens jeweils 50 Samen geerntet. Dabei ist sicherzustellen, dass die Samen tatsächlich nur von einem Baum stammen – die Samen sind also direkt vom Baum zu entnehmen und dürfen nicht auf der Erde aufgesammelt werden. Diese Saatgutprobe wird als „**Einzelbaumabsaat**“ bezeichnet.

Zusätzlich werden über die 4 ha große Gesamtfläche Samen repräsentativ gesammelt. Diese Probe wird als „**Bestandesabsaat**“ bezeichnet.

## 5 Wiederkehrende Aufnahmen (Folgeaufnahmen)

**Alle 5 Jahre** erfolgt

- eine Beprobung des Saatgutes wie unter 4 angegeben.
- Die Beprobung wird nur in Jahren mit mindestens einer Halbmast durchgeführt.
- Bei Fehlen einer Mast wird die Beprobung in das Folgejahr verschoben.

**Alle 10 Jahre** erfolgt

- eine Aktualisierung der reproduktionsfähigen Bäume (Abgänge, Zugänge, Neuauswahl im Extensivbereich) analog **3.1**;
- eine Beprobung in der Verjüngung analog **3.2**, die Probekreise werden soweit möglich beibehalten.

Saatgutuntersuchungen erfolgen ausschließlich bei mindestens Halbmast und unabhängig vom festen 10-Jahres-Rhythmus analog **4**.

## 6 Erhebung genetischer Merkmale

### 6.1 Sicherung des Probenmaterials

Die Erhebung genetischer Merkmale wird mit Genmarkern durchgeführt. Angesichts der rasanten Entwicklung der Molekulargenetik und der damit verbundenen Neuentwicklung von genetischen Markern muss die Vergleichbarkeit von Wiederholungsaufnahmen gewährleistet sein.

Zu diesem Zweck ist das für die genetischen Untersuchungen verwendete Probenmaterial langfristig kryokonserviert oder gefriergetrocknet zu lagern.

### 6.2 Auswahl der Genmarker

Die Auswahl der Genmarker orientiert sich an den jeweils verfügbaren Methoden und hinsichtlich ihrer Eignung für die spezielle Fragestellung.

**Tab. 2: Übersicht über aktuelle Genmarker und ihre Anwendungsbereiche**

	Isoenzyme	SSRs	AFLPs	cpDNA	SNPs
Genetische Variation	+	+	+		+
Genfluss, Elternschaftsanalyse		+			
Paarungssystem, Inzucht	+	+			
Räumliche Strukturen, Familienstrukturen	+	+	+	+	+
Samenverbreitung		+		+	

Die Auswahl der Genmarker erfolgt in Abstimmung mit der *Expertengruppe „Genetische Analysen“ der Bund-Länder-Arbeitsgruppe (BLAG) „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“*; siehe hierzu auch [www.genres.de/fgrdeu/blag](http://www.genres.de/fgrdeu/blag) ).

Alle Untersuchungen sind mit einheitlicher Methodik unter Verwendung von genau definierten Standards durchzuführen.

## 7 Erhebung phänologischer Merkmale

### 7.1 Beobachtung der Blühintensität

Zur Beurteilung der Blühintensität sind 20 Bäume auf der Gesamtfläche auszuwählen. Mit Hilfe eines Fernglases ist die Blühintensität je Baum zu ermitteln. Auf der Grundlage der ermittelten Werte der Einzelbäume ist ein durchschnittlicher Wert für den Bestand zu erstellen. Folgendes Schema in Tab. 3 findet dabei Verwendung:

**Tab. 3: Boniturschema der Blühintensität am Beispiel der Traubeneiche**

Stufe	Blühintensität	Beschreibung
0	keine Blüte	Keine Blüten sind erkennbar
1	schwache Blüte	Nur einzelne /sehr wenige Blüten sind erkennbar.
2	normale Blüte	Auf den ersten Blick sind Blüten erkennbar, dies überwiegend an den oberen Kronenrändern.
3	starke Blüte	Zahlreiche Blüten sind über die Krone verteilt erkennbar.
4	sehr starke Blüte	Sehr viele Blüten, auch im Kroneninneren sind vorhanden.

Quelle: TRAINER, E. (2001): Reproduktion in Beständen der Traubeneiche, Dissertation, München, p. 67.

### 7.2 Beobachtung der Fruktifikationsintensität

In den Beständen sind jährlich zur Beurteilung der Ernteaussichten ausgewählte und markierte Bäume (mind. 20 Individuen) mit Hilfe eines Fernglases hinsichtlich der Intensität der Fruktifikation je Einzelbaum anzusprechen. Die Bäume sind repräsentativ innerhalb des Bestandes und am Bestandesrand bezüglich ihrer soziologischen Stellung auszuwählen.

Für die Bonitur gilt die Festlegung, wie in der folgenden Tab. 4 aufgeführt:

**Tab. 4: Boniturschema der Fruktifikationsintensität**

Stufe	Fruktifikationsintensität	Beschreibung
0	Fehlmast oder fehlende Fruktifikation	Keine oder fast keine Bäume fruchten.
1	Sprengmast oder geringe Fruktifikation	Die Bestandesränder fruchten nur teilweise und ungleichmäßig, im Bestandesinnern fruktifizieren nur einzelne vorherrschende Bäume.
2	Halbmast oder normale Fruktifikation	Die Bäume der Bestandesränder fruchten reichlich, im Bestandesinnern haben nur die herrschenden Bäume einen guten Behang.
3	Vollmast oder starke Fruktifikation	Die meisten herrschenden Bäume eines Bestandes fruchten reichlich, die beherrschten Bäume haben einen guten Behang.

Die folgende Tab. 5 gibt eine baumartenspezifische Übersicht über empfohlene Termine für die Ernteprognose.

**Tab. 5: Übersicht über empfohlene Termine für die Ernteprognose von Baumarten**

Baumart	Termin
Birke, Vogelkirsche	15. April
Douglasie, Tanne	1. Juli
Ahorn, Esche, Hainbuche, Linde	1. August
sonstige Baumarten	10. September bzw. ca. 14 Tage vor Reife

QUELLE: LANDESFORSTVERWALTUNG BRANDENBURG (2006): Empfehlungen für forstliches Vermehrungsgut

## 8 Bewertung der Saatgutqualität

Diese Erhebungen werden an der **Bestandesabsaat** (siehe 4) durchgeführt. Hierbei werden folgende Parameter bestimmt:

- Wassergehalt (WG)
- Tausendkornmasse (TKM) bezogen auf 20 % Wassergehalt
- Hohlkornanteil
- Lebensfähigkeit (Tetrazoliumtest) oder Keimfähigkeit (je nach Baumart)

## 9 Schnittstellen zu anderen Erhebung des forstlichen Umwelt-Umweltmonitorings

- Witterungsdaten
- biotische Schäden
- Waldwachstum
- Bodenvegetation
- Vitalität
- Phänologie
- Boden- und Standortparameter
- Bewirtschaftungsmaßnahmen
- Luftschadstoffe

## 10 Auswertung der Erhebungsdaten

### 10.1 Datenmanagement

Alle Daten werden in einer zentralen Datenbank „GM-Level II“ geführt. Eine solche Datenbank ist derzeit in der Entwicklung und wird unter der Datenbank FGRDEU-Online ( [www.genres.de/fgrdeu](http://www.genres.de/fgrdeu) ) kostenfrei verfügbar sein.

## 10.2 Datenauswertung (siehe auch Anhang Datenauswertung)

Mit den erhobenen Daten werden berechnet:

- a) Parameter zur Berechnung der genetischen Variation innerhalb der Monitoringflächen (Vielfalt; Diversität).
- b) Parameter zur Bestimmung der genetischen Unterschiede zwischen verschiedenen Entwicklungsstadien eines Bestandes oder zwischen mehreren Beständen;
- c) Parameter zur Charakterisierung des Paarungssystems und der Pollen- und Samenverbreitung sowie
- d) Parameter zur Beschreibung der räumlich-genetischen Struktur.

Außerdem werden Simulationstudien z.B. mit dem Model Öko-Gen und interdisziplinäre Auswertungen zusammen mit den Daten des Level II-Monitorings durchgeführt.

Die Ergebnisse ermöglichen eine langfristige Bewertung des genetischen Systems. Hierbei werden Aussagen zur Anpassungsfähigkeit und Stabilität der untersuchten Bestände getroffen sowie über die Weitergabe der genetischen Information an die Folgegeneration. Es werden generelle Informationen zur Qualität der Fruktifikation / Mast in Beobachtungsjahren erarbeitet. Zudem werden auch Informationen zur langfristigen Wirkung von Prozessen (Auswirkungen von Klimaänderungen, Luftverunreinigungen, Bodenversauerung) auf die genetische Zusammensetzung der Wälder erhalten.

Die interdisziplinäre Auswertung liefert Aussagen zur genetisch bedingten Variation der Schadsymptome und schätzt Anpassungspotentiale ab.

Details zur Auswertung befinden sich in **Teil C Anhang Datenauswertung**.

## 10.3 Veröffentlichungen zum genetischen Monitoring (Stand: 03/2008)

**BLAG-EXPERTENGRUPPE „GENETISCHES MONITORING“ (2004):** Konzept zum genetischen Monitoring für Waldbaumarten in der Bundesrepublik Deutschland; cf. *Internet*

[www.genres.de/fgrdeu/genetisches-monitoring/](http://www.genres.de/fgrdeu/genetisches-monitoring/)

**GREGORIUS, H.-R. & B. DEGEN (2007):** Monitoring genetischer Ressourcen – Prinzipien und Methoden. In: Agrobiodiversität, Bd. 27 Monitoring und Indikatoren der Agrobiodiversität (F. BEGEMANN, S. SCHRÖDER, K.-O. WENKEL & S. WEIGAND, Hrsg.), S.39-65.

**KÄTZEL, R.; W.D. MAURER; M. KONNERT & F. SCHOLZ (2005):** Genetisches Monitoring in Wäldern. Forst und Holz, 60.Jg. Nr. 5: 179-183.

**MAURER, W.D. (2005):** Genetisches Langzeitmonitoring im Wald unter Berücksichtigung von *In-situ*- und *Ex-situ*-Erhaltungsmaßnahmen. In: Schriften zu genetischen Ressourcen, Band 24 „Analyse und Bewertung der genetischen Vielfalt in der Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft zur Ableitung von Entscheidungskriterien für Erhaltungsmaßnahmen“ (F. BEGEMANN, S. SCHRÖDER & S. WEIGAND, Hrsg.), S.82-90.

**MAURER, W.D. & R. KÄTZEL, (2007):** Genetisches Monitoring forstlicher Genressourcen. In: Agrobiodiversität, Bd. 27 Monitoring und Indikatoren der Agrobiodiversität (F. BEGEMANN, S. SCHRÖDER, K.-O. WENKEL & S. WEIGAND, Hrsg.), S.93-106.

## **Teil B**

### **Erweitertes genetisches Monitoring auf Level I-Flächen**

#### **11 Auswahl der Monitoringflächen**

Für flächendeckende Hauptbaumarten, die natürlich verjüngt werden, kann das Monitoring unter Einbezug von Level I-Flächen ausgedehnt werden.

##### „Auswahlfilter“:

- Level I-Flächen
- Anteil, Anzahl (100) der Baumart im Bestand
- flächenrepräsentativ für Deutschland
- FFH

#### **12 Probenahme zur Ermittlung der genetischen Variation**

Ausgehend vom Gitternetzpunkt der Fläche werden maximal 100 reproduktionsfähige Bäume (BHD > 15 cm) dauerhaft markiert und Untersuchungsmaterial wie unter 4 beschrieben entnommen. Die Bäume werden mit GPS eingemessen.

Im Bereich dieser 100 Bäume wird, soweit vorhanden, die Verjüngung repräsentativ beprobt (n = 100). Dieser Bereich ist näher zu definieren, die Eckpunkte sind einzumessen.

#### **13 Folgeaufnahmen**

Nur für die Verjüngung erfolgt eine Wiederholungsaufnahme nach 10 Jahren.

#### **14 Erhebung genetischer Merkmale (siehe hierzu 6 in Teil A, S. 7ff.)**

#### **15 Auswertung der Erhebungsdaten (siehe hierzu 10 in Teil A, S. 9ff.)**

##### **15.1 Datenmanagement**

Alle Daten werden in einer zentralen Datenbank „GM-Level I“ geführt. Eine solche Datenbank ist derzeit in der Entwicklung und wird unter der Datenbank FGRDEU-Online ( [www.genres.de/fgrdeu](http://www.genres.de/fgrdeu) ) kostenfrei verfügbar sein.

##### **15.2 Datenauswertung (siehe hierzu auch Anhang Datenauswertung)**

Mit Ausnahme der genetischen Parameter zum Paarungssystem und zum Genfluss werden dieselben Parameter wie auf den Level II-Flächen ermittelt. Für das Paarungssystem sind nur die Abweichung der Genotypenverteilung, von Hardy-Weinberg-Proportionen (F-Werte) zu berechnen.

##### **15.3 Schnittstellen zu anderen Erhebung des forstlichen Umweltmonitorings (siehe hierzu 9 in Teil A, S. 10)**

## Teil C

### Anhang Datenauswertung

#### 16 Berechnung genetischer Parameter

Die genetischen Parameter lassen sich unterteilen in

- Parameter zur Berechnung der genetischen Vielfalt und Diversität (cf: **16.1**);
- Parameter zur Bestimmung der genetischen Unterschiede zwischen verschiedenen Entwicklungsstadien eines Bestandes oder zwischen mehreren Beständen (cf: **16.2**);
- Parameter zur Charakterisierung des Paarungssystems sowie der Pollen- und Samenverbreitung (cf: **16.3**) und
- Parameter zur Beschreibung der räumlich-genetischen Struktur (cf: **16.4**).

Hierzu werden im Einzelnen die folgenden Parameter berechnet. Die jeweiligen mathematischen Formeln finden sich in der nachfolgend zitierten Fachliteratur.

##### 16.1 Genetische Vielfalt und Diversität

- Anzahl polymorpher Genorte (WEIR 1996);
- Anzahl der Allele bzw. Genotypen (WEIR 1996);
- Allelic richness (MOUSADIK & PETIT 1996);
- Effektive Anzahl an Allelen bzw. Genotypen, genetische Diversität  $v$  (HATTEMER *et al.* 1992);
- Ausmaß der Gleichverteilung der Allele (Evenness) (GREGORIUS 1990);
- Beobachtete und erwartete Heterozygotie (WEIR 1996);
- Verteilung der Heterozygotiegrade (WEIR 1996).

##### 16.2 Genetische Unterschiede

- Genetischer Abstand (GREGORIUS 1978);
- Genetische Differenzierung ( $D_j$ ,  $\delta$ ) (Gregorius & Roberds 1986; GREGORIUS *et al.* 2007);
- Ausmaß der Fixierung ( $F_{ST}$ ,  $G_{ST}$ ,  $R_{ST}$ ) (WEIR 1996).

##### 16.3 Paarungssystem sowie Pollen- und Samenverteilung

- Abweichung der Genotypenverteilung von Hardy-Weinberg-Proportionen [F-Werte] (WEIR 1996)
- Analyse mit dem „mixed-mating model“ von RITLAND => Anteil Fremdbefruchtungen [t], Anteil Verwandtenpaarung [tm-ts], Anteil Selbstbefruchtungen [s], Anzahl verschiedener Pollenspender je Mutterbaum (RITLAND 2002)
- Analyse der Pollenverteilung mit dem Zwei-Generationen-Ansatz (TwoGener) => mittlere Pollernverteilung (AUSTERLITZ *et al.* 2004; AUSTERLITZ & SMOUSE 2001, 2002)
- Elternschafts- und Abstammungsanalyse mit dem Programm Cervus => räumliche Pollenverteilung, räumliche Samenverteilung, Fertilitäten (MARSHALL *et al.* 1998)

#### 16.4 Räumlich-genetische Struktur

- Korrelogramme, Variogramme, Distogramme => Genetische Ähnlichkeit bzw. Verwandtschaft der Individuen in Abhängigkeit von der räumlichen Entfernung (DEGEN *et al.* 2001; HARDY *et al.* 2006)

#### 16.5 Bewertung der genetischen Parameter

Aus der Auswertung der genetischen Parameter ergeben sich einige wichtige Hinweise zur Anpassungsfähigkeit der untersuchten Bestände. Hier sind insbesondere negative Abgrenzungen aus der Zusammenschau der Daten aller Bestände sinnvoll. Bestände bzw. Entwicklungsstadien innerhalb eines Bestandes mit wahrscheinlich geringer Anpassungsfähigkeit fallen durch folgende genetische Parameter auf:

- geringere Werte der genetischen Vielfalt im Genpool;
- Homozygotenüberschuss, Inzucht;
- hoher Anteil Verwandtenpaarung, Selbstungen;
- nur wenige effektive Pollenspender je Mutterbaum;
- ausgeprägte räumliche Familienstruktur, d.h. benachbarte Bäume sind genetisch sehr ähnlich;
- starke räumliche Begrenzung bei Pollen- und Samenverbreitung => genetische Isolation der Bestände.

#### 16.6 Simulationsstudien

Innerhalb der Bestände ändert sich die genetische Zusammensetzung im Laufe der Zeit. Hierfür sind mehrere populationsgenetische Prozesse verantwortlich (Genfluss, Selektion, genetische Drift, Paarungssystem). Das Simulationsmodell Öko-Gen beinhaltet die wichtigsten dieser Prozesse und stellt damit ein wichtiges Instrument dar, um die komplexe Wirkung des Zusammenspiels der Prozesse zu simulieren (DEGEN *et al.* 1996, 2006; DEGEN & SCHOLZ 1996, 1998). Das Modell wird im Rahmen des genetischen Monitorings genutzt, um auf der Basis der gesammelten genetischen Daten die Auswirkungen von Klimaänderungen, forstlichen Maßnahmen und Luftveränderungen auf die zukünftige genetische Zusammensetzung der Baumpopulationen abzuschätzen. Ferner wird das Modell dazu benutzt, die Stichprobenstrategie zu optimieren und um Referenzwerte für die genetischen Parameter zu erarbeiten (z.B. Verteilung der genetischen Unterschiede zwischen Saatgut und Altbestand). Diese Referenzwerte können dann genutzt werden, um kritische Werte bei den empirischen Daten zu identifizieren (CAVERS *et al.* 2005).

#### 16.7 Interdisziplinäre Datenauswertung

Das forstliche Umweltmonitoring auf den Level II-Flächen erfolgte bisher ohne Berücksichtigung genetischer Aspekte. Die Ausprägung fast aller Merkmale (Schadsymptome, Wachstum, Mortalität etc.) ergibt sich aus der gemeinsamen Wirkung von Umwelt und Genotyp. In naturverjüngten Monitoringflächen eröffnet die Rekonstruktion der Verwandtschaftsverhältnisse der Bäume die Möglichkeit, das Ausmaß der genetischen Kontrolle der untersuchten Merkmale abzuschätzen (RITLAND 2000). Mit der Entwicklung von Genmarkern für adaptive Gene wird in naher Zukunft ein Instrument zur Verfügung stehen, um adaptive Potentiale der Bestände direkt zu quantifizieren.

## 16.8 Zitierte Fachliteratur zur Datenauswertung

- AUSTERLITZ, F.; C. W. DICK, C. DUTECH, E. K. KLEIN, S. ODDOU-MURATORIO, P. E. SMOUSE & V. L. SORK (2004): Using genetic markers to estimate the pollen dispersal curve. *Molecular Ecology* 13: 937-954.
- AUSTERLITZ, F. & P. E. SMOUSE (2001): Two-generation analysis of pollen flow across a landscape. II. Relation between shift, pollen dispersal and interfemale distance. *Genetics* 157: 851-857.
- AUSTERLITZ, F. & P. E. SMOUSE (2002): Two-Generation analysis of pollen flow across a landscape. IV. Estimating the dispersal parameter. *Genetics* 161: 355-363.
- CAVERS, S., B. DEGEN, H. CARON, M. LEMES, R. MARGIS, F. SALGUEIRO & A. LOWE (2005): Optimal sampling strategy for estimation of spatial genetic structure in tree populations. *Heredity* 95: 281-289
- DEGEN, B.; R. PETIT & A. KREMER (2001): SGS - Spatial genetic software: A computer program for analysis of spatial genetic structures of individuals and populations. *The Journal of Heredity* 92: 447-448.
- DEGEN, B. & F. SCHOLZ (1996): EGO-GENE, a model for simulation studies on effects of forestry practices on genetic diversity. *In: IUFRO '96: Diversity and adaptation in forest ecosystems in a changing world*, 1 page.
- DEGEN, B. & F. SCHOLZ (1998): Ecological genetics in forest ecosystems under stress as analysed by the simulation model ECO-GENE. *Chemosphere* 36(4-5): 819-824
- DEGEN, B., H.-R. GREGORIUS & F. SCHOLZ. (1996): ECO-GENE, a model for simulation studies on the spatial and temporal dynamics of genetic structures of tree populations. *Silvae Genetica* 45(5-6): 323-329.
- DEGEN, B., L. BLANC, H. CARON, L. MAGGIA, A. KREMER & S. GOURLET-FLEURY (2006): Impact of selective logging on genetic composition and demographic structure of four tropical tree species. *Biological Conservation*, 131: 386-401.
- GREGORIUS, H.-R. (1978): The concept of genetic diversity and its formal relationship to heterozygosity and genetic distance. *Mathematical Bioscience* 41: 253-271.
- GREGORIUS, H.-R. (1990): A diversity-independent measure of evenness. *The American Naturalist* 136: 701-711.
- GREGORIUS, H.-R. & ROBERDS, J.H. (1986): Measurements of genetic differentiation among subpopulations. *Theoretical & Applied Genetics* 71: 826-834.
- GREGORIUS, H.-R.; B. DEGEN & A. KÖNIG (2007): Problems in the analysis of genetic differentiation among populations - a case study in *Quercus robur*. *Silvae Genetica* 56: 190-199.
- HARDY, O. J.; L. MAGGIA, E. BANDO, P. BREYNE, H. CARON, M. H. CHEVALLIER, A. DOLIGEZ, C. DUTECH, A. KREMER, C. LATOUCHE-HALLE, V. TROISPOUX, V. VERON & B. DEGEN (2006): Fine-scale genetic structure and gene dispersal inferences in 10 neotropical tree species. *Molecular Ecology* 15: 559-571.
- HATTEMER, H.H.; F. BERGMANN & M. ZIEHE (1993): Einführung in die Genetik. 2. Auflage, J.D. Sauerländer's Verlag Frankfurt am Main. Kapitel 14. Genetische Variation und Differenzierung, S. 260ff.

- MARSHALL, T. C.; J. SLATE, L. E. B. KRUIK & J. M. PEMBERTON (1998):** Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Molecular Ecology* 7: 639-655.
- MOUSADIK, A. E. & R. J. PETIT (1996):** High level of genetic differentiation for allelic richness among populations of the argan tree (*Argania spinosa* (L.) Skeels) endemic to Morocco. *Theoretical and Applied Genetics* 92: 832-839.
- RITLAND, K. (2000):** Marker-inferred relatedness as a tool for detecting heritability in nature. *Molecular Ecology* 9: 1195-1204.
- RITLAND, K. (2002):** Extensions of models for the estimation of mating systems using an independent locus. *Heredity* 88: 221-228.
- WEIR, B. S. (1996):** Genetic data analysis II. Sinauer Associates, Sunderland.

**Redaktion sowie Ansprechpartner für die vorliegende Anleitung zum GM:**

**DR. WERNER D. MAURER**, FAWF Rheinland-Pfalz, Trippstadt;  
e-Mail: [werner.maurer@wald-rlp.de](mailto:werner.maurer@wald-rlp.de)

**PROF. DR. BERND DEGEN**, vTI, Institut für Forstgenetik,  
Großhansdorf; e-Mail: [bernd.degen@vti.bund.de](mailto:bernd.degen@vti.bund.de)

**DR. MONIKA KONNERT**, Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht, (ASP),  
Teisendorf; e-Mail: [monika.konnert@asp.bayern.de](mailto:monika.konnert@asp.bayern.de)

## Mitglieder der BLAG-Expertengruppe „Genetisches Monitoring“

Die *Expertengruppe „Genetisches Monitoring“* wurde im Februar 1997 von der vormaligen Bund-Länder-Arbeitsgruppe (BLAG) „Erhaltung forstlicher Genressourcen“ ins Leben gerufen und mit der Konzeption eines genetischen Monitorings (GM) beauftragt.

Seither sind bzw. waren die nachstehend genannten Personen **Mitglieder der BLAG-Expertengruppe „Genetisches Monitoring“** und haben an der Erstellung des Konzeptes zum genetischen Monitoring mitgearbeitet wie auch dankenswerterweise **externe fachkompetente Kollegen** zur Umsetzung des genetischen Monitorings in die Praxis beratend beigetragen haben (Stand: 3/2008):

### Koordination:

DR. WERNER D. MAURER, Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft (FAWF) Rheinland-Pfalz, Trippstadt (seit 2001)

FOR ALBRECHT FRANKE, FVA Baden-Württemberg, Freiburg i. Br. (1997-2001)

### reguläre Mitglieder; zum Teil ausgeschieden (*kursiv*)

PROF. DR. BERND DEGEN, Johann Heinrich von Thünen-Institut [vTI] (vormals BFH), Institut für Forstgenetik, Großhansdorf (seit 2005)

DR. AIKATERINI DOUNAVI, FVA Baden-Württemberg, Freiburg i. B. (seit 2002)

*DR. KARL GEBHARDT, Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt [NW-FVA], Standort Hann. Münden (vormals Hessen-Forst) (bis 2006)*

DR. JOACHIM HEYDER, Lehr- und Versuchsforstamt Arnsberger Wald, Fachgebiet Ökologischer Waldbau & Forstgenetik (vormals Forstgenbank NRW), Arnsberg

*DR. ALWIN JANSSEN, Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt [NW-FVA], Standort Hann. Münden (vormals Hessen-Forst) (bis 2002)*

DR. HABIL. RALF KÄTZEL, Landesforstanstalt (LFE) Eberswalde

DR. MONIKA KONNERT, Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP), Teisendorf

*PROF. DR. FLORIAN SCHOLZ, BFH-Institut für Forstgenetik & Forstpflanzenzüchtung Großhansdorf (bis 2005)*

DR. WILFRIED STEINER, Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt [NW-FVA], Standort Hann. Münden (seit 2006)

FOR'in Ute TRÖBER, Landesbetrieb (LB) Sachsenforst, Pirna (seit 2004)

### externe beratende Experten:

PROF. DR. ERWIN HUSSENDÖRFER, FH Weihenstephan

PROF. DR. MICHAEL KÖHL, Universität Hamburg