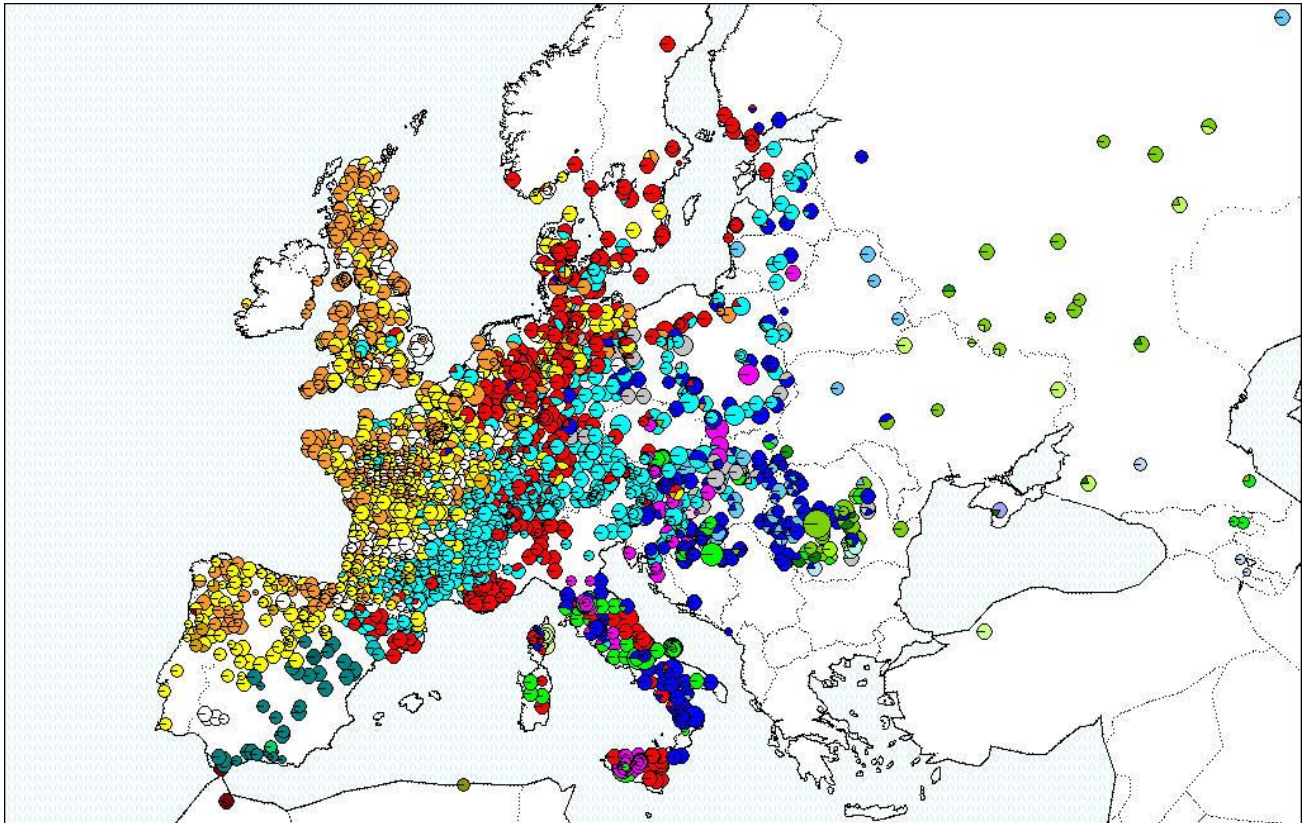


KURZBERICHT ZUR STUDIE:

GENETISCHE UNTERSUCHUNGEN AN EICHENBESTÄNDEN IN MECKLENBURG-VORPOMMERN



ISOGEN

Bernhard Hosius & Ludger Leinemann

vorgelegt im Dezember 2009

EINLEITUNG

In den letzten Jahren standen die Eichenarten *Quercus robur* und *Quercus petraea* im Mittelpunkt zahlreicher Anbauversuche und Studien von Versuchsanstalten und Universitäten. In der Forstgenetik wurde ein breites Spektrum von Fragestellungen beleuchtet. Von der phänotypischen Differenzierung der Arten über Methoden der Unterscheidung mit Genmarkern und Untersuchungen über den postglazialen Rückwanderweg bis hin zur Anlage von Generhaltung-Samenplantagen wurde ein breites Feld abgedeckt (z.B. Finkeldey 2001a und b, Müller-Starck et al. 1996, Zanetto et al. 1996).

In neuerer Zeit geraten die beiden Eichenarten aufgrund des Klimawandels wieder in die Diskussion. Über die Zukunft der beiden Arten Stiel- und Traubeneiche sind die Meinungen noch kontrovers: Die Traubeneiche gilt als trockentoleranter als die Stieleiche, dies wäre mit Sicherheit ein Vorteil in der prognostizierten Warmperiode. Andererseits siedelt die Stieleiche auf Standorten mit eher wechselhaften Bedingungen, so ist sie eventuell lokal geeigneter, da sie beispielsweise Nässe besser verkraften kann.

In dieser ersten Studie geht es um die genetische Charakterisierung verschiedener Eichenbestände in Mecklenburg-Vorpommern. Es handelt sich dabei um 4 zugelassene Erntebestände und einen sehr alten Bestand im Nationalpark Müritz. Als Referenzpopulationen stehen die genetischen Strukturen von verschiedenen Eichenvorkommen in Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen und Rheinland-Pfalz zur Verfügung.

Im Vordergrund der Untersuchung steht zunächst einmal die Frage, ob und inwieweit sich die Traubeneichen-Bestände aus Mecklenburg-Vorpommern von anderen unterscheiden. Hierzu werden verschiedene Parameter wie z.B. die genetische Diversität berechnet. Weiterhin können durch Vergleiche von genetischen Strukturen von Referenzpopulationen Informationen zur Artzugehörigkeit gewonnen werden. Darüber hinaus werden die untersuchten Populationen mittels Haplotypen in ein internationales Schema (Petit et al. 2002) eingeordnet. Eine zusätzliche Untersuchung der Dehydrine liefert die Grundlage für eine mögliche weitergehende Untersuchung zur Trockenresistenz von Traubeneichen-Populationen in Mecklenburg-Vorpommern.

MATERIAL UND METHODEN

Die Angaben zu den untersuchten Traubeneichen-Beständen in Mecklenburg-Vorpommern sind in Tabelle 1 aufgeführt. Es handelt sich dabei um 4 zugelassene Erntebestände und einen sehr alten, wahrscheinlich über 250 jährigen Bestand im Nationalpark Müritz. Als Referenzpopulationen werden drei Stieleichen-Bestände, sechs Traubeneichenbestände und ein Roteichen-Bestand aus verschiedenen Forstämtern Niedersachsens verwendet. Weitere Daten liegen aus den Ländern Rheinland-Pfalz und Nordrhein-Westfalen vor. Diese werden jedoch aus Gründen der Übersichtlichkeit nicht detailliert aufgeführt, sondern dienen lediglich Vergleichen zur Absicherung der hier vorgestellten Ergebnisse.

Art	Herkunft	Kürzel/Markierung
Mecklenburger Vorkommen		
Q. petraea	Uni Greifswald, Hanshagen, Abt 218 a1	GWD
Q. petraea	FoA Rothemühl, Nettelgrund, Abt. 2036 a2	RTM
Q. petraea	Nationalpark Müritz, Waldsee, Abt 6222 a3	NPM
Q. petraea	FoA Schlemmin, Qualitz, Abt. 1356 a5	QLZ
Q. petraea	FoA Radelübbe, Weitendorf, 213 a3	WTD
Referenzpopulationen		
Q. rubra	FoA. Diekholzen, Berkel	RUN
Q. robur	FoA. Diekholzen, Berkel	RON1
Q. robur	FoA. Erdmannshausen, Abt. 1170	RON2
Q. robur	FoA. Erdmannshausen, Abt. 1181	RON3
Q. petraea	FoA. Erdmannshausen, Abt. 1183	PEN1
Q. petraea	FoA. Diekholzen, Berkel	PEN2
Q. petraea	FoA. Unterlüß, Schafstall Abt. 205	PEN3
Q. petraea	FoA. Unterlüß, Schafstall Abt. 219	PEN4
Q. petraea	FoA. Unterlüß, Schafstall Abt. 235	PEN5
Q. petraea	FoA. Göhrde, Abt. 84 (81803)	PEN6

Tabelle 1: Die untersuchten Populationen aus Mecklenburg-Vorpommern und Referenzpopulationen mit den in Grafiken verwendeten Kürzeln und Farben in den Balkendiagrammen (Referenzpopulationen zur Verfügung gestellt von der NW-FVA Hann. Münden).

Von jedem Bestand wurden 50 Zweige durch Abschießen mit Stahlschrot gewonnen. Dies gelang aufgrund der perfekten Zusammenarbeit mit den Mitarbeitern des forstlichen Versuchswesens und den zuständigen Revierleitern absolut reibungslos. Die Bestände werden durch Zufallsstichproben repräsentiert. Dazu wurden in der Regel ein oder mehrere Transsekte beprobt. Die Baumklassen 3, 4 und 5 wurden von der Untersuchung ausgeschlossen, da davon auszugehen ist, daß diese nur einen geringen Beitrag zur Pollen-/ Samenproduktion leisten.

Als Untersuchungsmaterial dienten Blattknospen im Ruhezustand. Bei den meisten Pflanzen waren diese sehr gut entwickelt, so dass es keine Probleme bei den Laboranalysen gab. In seltenen Fällen waren die Knospen nicht voll entwickelt bzw. abgestorben, so daß diese nicht untersucht werden konnten. Diese drei Proben stammten aus dem Nationalpark Müritz und

waren äußerlich absolut intakt. Das Apikalmeristem war jedoch braun und für die Analyse nicht mehr zu gebrauchen. Als Ursache dafür kann das hohe Alter und die im Vergleich zu den Erntebeständen etwas geringere Vitalität des Bestandes angenommen werden.

DIE ENZYMSYSTEME

Die Elektrophorese wurde mit auf die Eichenarten angepaßten Standardmethoden (Wendel and Weeden 1989) durchgeführt. Aus der Vielzahl der zur Verfügung stehenden Enzymsysteme wurden die in Tabelle 2 aufgeführten Systeme verwendet. Die Auswahl wurde zum einen getroffen, um Vergleiche mit Populationen aus anderen Bundesländern durchführen zu können. Zum anderen musste eine gewisse Einschränkung aus Kostengründen erfolgen.

Enzym	Genort	Allele
Isocitratdehydrogenase, IDH, (E.C. 1.1.1.42)	IDH-B	5
Phosphoglucose-Isomerase, PGI (EC 5.3.1.9)	PGI-B	5
6-Phosphogluconat-Dehydrogenase, 6-PGDH, (E.C. 1.1.1.44)	6-PGDH-A	5
Phosphoglucomutase, PGM, (EC 2.7.5.1)	PGM-A	5
Shikimat-Dehydrogenase, SKDH, (E.C. 1.1.1.25)	SKDH-A	6
Glutamatoxalacetat-Transaminase, GOT / AAT, (EC 2.6.11)	GOT-B	5

Tabelle 2: Übersicht über die untersuchten Isoenzymssysteme kodierende Genorte.

Eine detaillierte Beschreibung zur Präparation der Proben und über die Durchführung der Elektrophorese findet sich bei Gehle (1999). Die Untersuchung wurde in Hinblick auf die Vergleichbarkeit der Daten in enger Anlehnung an die von Gehle verwendete Methodik durchgeführt, darüber hinaus wurde derselbe Referenzbaum verwendet. Im Anhang ist eine Tabelle mit Daten anderer Untersuchungen über Stiel- und Traubeneichenpopulationen aufgeführt.

Die Auswertung der Isoenzymbanden bereitete prinzipiell keine Probleme. Der sehr variable Genort MNR-A wurde für die Kollektive aus Mecklenburg-Vorpommern zusätzlich untersucht. Da die Ergebnisse für diesen Genort keine neuen Erkenntnisse lieferten und keine Referenzdaten zur Verfügung standen, wird der Genort MNR-A nicht in die Untersuchung mit einbezogen. Andernfalls wäre keine Vergleichbarkeit der genetischen Parameter gegeben.

Im Vergleich zu anderen Baumarten zeigt die Stieleiche an den untersuchten Genorten eine ausgeprägte Variation und verschiedene seltene Allele.

CP-DNA ANALYSEN

Die Methodik ist an die Untersuchungen von Petit et al. (2002) angelehnt, wurde aber von Gailing et al. (2007) verändert und verbessert. Zur Bestimmung der cpDNA-Haplotypen werden cpDNA-Mikrosatelliten (ucd4, udt4, ukk4, odt, ccmp2, ccmp10) genutzt. Einzelne Haplotypen-Gruppen werden zusätzlich mit PCR-RFLP-Methoden aufgelöst. Hierbei handelt es sich häufig um die Haplotypen 7-26/5 (s. Gailing et al. 2007).

DEHYDRIN3-GEN ANALYSEN

Das Dehydrin3 Gen ist eines der bekannten „Trockenstreß-Gene“. Von Vornam et al. 2009 in prep. wurde dieses Gen vollständig sequenziert. Dabei wurde u.a. ein sogenanntes Indel

beobachtet. Diese genetische Variation hat zur Folge, daß zwei Genvarianten vorkommen, die sich bezüglich der An- bzw. Abwesenheit einer Sequenz von 12 bp unterscheiden. Dabei wird erwartet, daß die Variante 2, bei der diese Sequenz fehlt, einen Nachteil gegenüber der anderen Variante 1 hat. Im Rahmen von Untersuchungen an Eichenvorkommen in Rheinland-Pfalz wurde für diese Genvariante ein spezifischer Primer entwickelt (Dhn3 LL), mit dem exakt die Position des Indels markiert werden kann. Mit diesem Verfahren ist es nun möglich, die beiden Genvarianten exakt zu unterscheiden.

Für Dehydrin3 und cpDNA-Analysen wurden jeweils 5 Proben pro Kollektiv untersucht. Die „geringe“ Stichprobengröße ist bei den cpDNA Analysen nicht unüblich, so daß Vergleiche mit Untersuchungen anderer Autoren (König 2000) möglich sind. Die Untersuchung der Dehydrine war ursprünglich nicht geplant und wurde über den Werkvertrag hinaus, als zusätzliche Untersuchung durchgeführt. Daher wurden ebenfalls 5 Proben pro Herkunft untersucht.

GENETISCHE ANALYSE

Der Schluß von nachweisbaren Isoenzymbanden auf kodierende Allele und Genotypen darf erst nach erfolgter genetischer Analyse gezogen werden. Mit Hilfe der genetischen Analyse versucht man einerseits nachzuweisen, ob Merkmalsvariationen genetisch bedingt sind, andererseits die Vererbung der dafür verantwortlichen Information und deren Wirkungsweise aufzuklären. Ziel ist die Herstellung einer absolut eindeutigen Beziehung zwischen phänotypischer Merkmalsausprägung (Zymogramm) und dem sie kontrollierenden Genotyp, erst dann ist das Merkmal als Genmarker anzusehen. Man versteht unter einem Genmarker ein Merkmal, dessen Ausprägung in absolut eindeutiger Beziehung zur Anwesenheit eines bestimmten Allels am kontrollierenden Genlocus steht.

Die genetische Analyse der verwendeten Systeme wurde von Müller-Starck et al. 1996 und Zanetto et al. 1996 entwickelt.

MAßE UND BERECHNUNGEN

Alle Berechnungen wurden mit dem Programm GSED durchgeführt, die verwendeten Formeln sind im Anhang mit Literaturangaben dargestellt. Die Clusteranalyse wurde mit dem Programm NT-SYS durchgeführt.

ERGEBNISSE UND DISKUSSION

ISOENZYME

DIE GENETISCHEN ABSTÄNDE DER UNTERSUCHTEN BESTÄNDE

Um einen Überblick über Gemeinsamkeiten und Unterschiede der untersuchten Kollektive zu gewinnen, wurden zunächst die allelischen Abstände d_0 (Gregorius 1974) aller untersuchten Genorte berechnet. Der genetische Abstand d_0 variiert zwischen 0 und 1. Zeigen zwei Bestände im direkten Vergleich einen genetischen Abstand von null, so sind ihre genetischen Strukturen identisch, während sie bei einem genetischen Abstand von 1 kein Allel gemeinsam haben. Aus diesen Daten wurde nach Sneath and Sokal (1973) ein UPGMA-Dendrogramm erstellt, welches das Ausmaß der Ähnlichkeit oder Unterschiedlichkeit darstellt.

In der Abbildung 1 sind die Ergebnisse dieser Analyse auf der Grundlage der genetischen Strukturen des gesamten Genpools dargestellt.

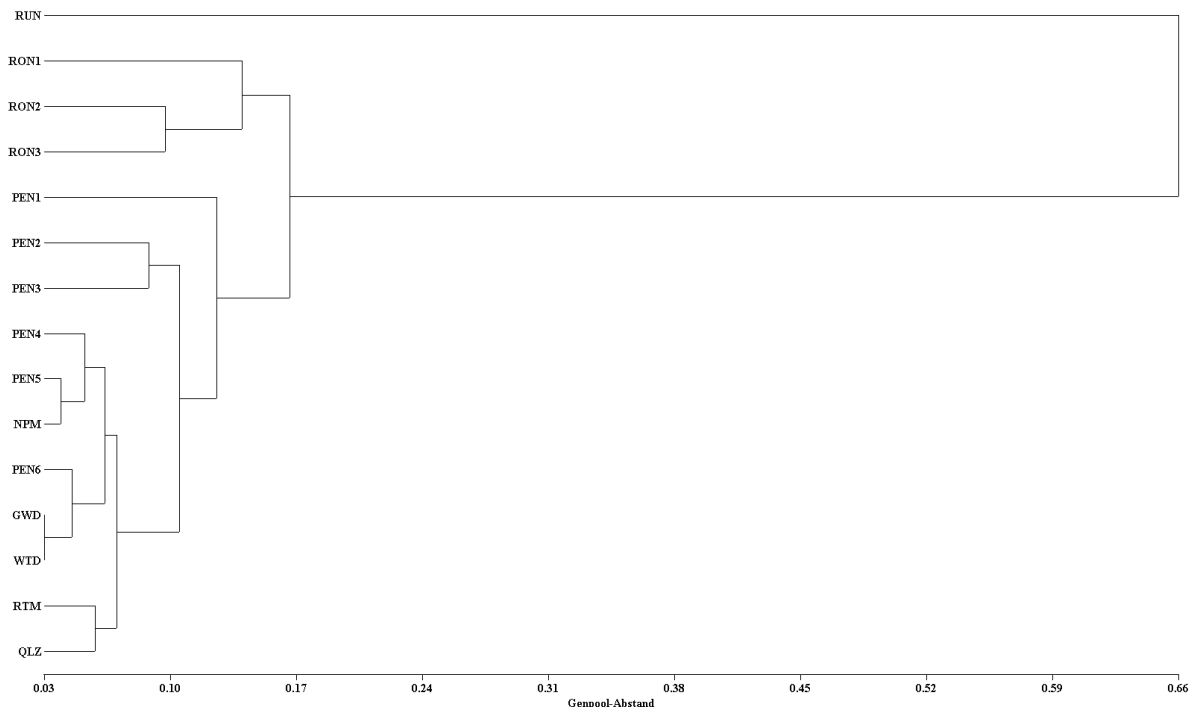


Abbildung 1: UPGMA-Dendrogramm aus den genetischen Abständen aller untersuchten Genorte.

Das Dendrogramm läßt sich in drei Hauptgruppen teilen, wovon die erste durch die Roteichenherkunft aus dem Forstamt Dieckholzen gebildet wird. Die genetischen Strukturen dieser amerikanischen Eichenart weisen große Unterschiede zu den beiden einheimischen Arten auf, der Genpool-Abstand beträgt 66%.

Zwischen den beiden übrigen Hauptgruppen ist der Unterschied mit etwa 17% geringer, aber deutlich. Genpool-Abstände im zweistelligen Bereich signalisieren, daß es sich z.B. um verschiedene Rassen oder beispielsweise um geographisch weit voneinander entfernt vorkommende Bestände handelt. So unterscheiden sich die Inlands- und Küstenrasse der Douglasie mit einem typischen Genpool-Abstand von 15% – 20%. Buchen- oder Fichtenbestände weisen innerhalb Deutschlands dagegen nur Genpool-Abstände von 5% auf.

Hier fällt auf, daß die Stieleichenherkünfte gemeinsam eine Gruppe bilden und getrennt von den Traubeneichen clustern. Daher gibt die Betrachtung der genetischen Abstände deutliche Hinweise darauf, daß es sich bei den in Mecklenburg-Vorpommern untersuchten Eichenbeständen um reine Traubeneichen-Bestände handeln muß.

VERGLEICH DER ALLELHÄUFIGKEITEN

DAS ENZYMSYSTEM ISOCITRAT-DEHYDROGENASE

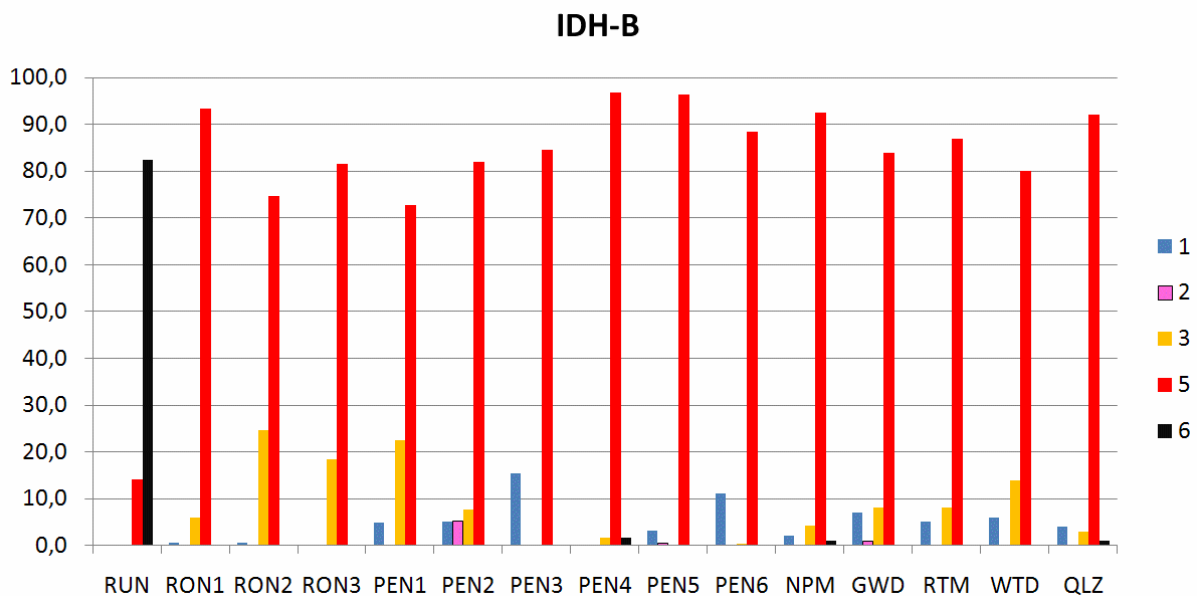


Abbildung 2: Allelhäufigkeiten der untersuchten Kollektive am Genort IDH-B.

Das Enzymsystem Isocitrat-Dehydrogenase besteht aus drei Zonen, von denen hier die mittlere (B-Zone s. Gehle 1999) in die Berechnungen einbezogen wird.

Die Variation am Genort IDH-B ist bei sämtlichen Arten ein typischer Mayorpolymorphismus. Bei der Roteiche konnten 2 Allele, B₅ und B₆ nachgewiesen werden. In den Kollektiven der Trauben- und Stieleichen dominiert das Allel B₅, das Allel B₃ tritt wie auch B₁ weniger häufig auf. Besonders selten können die Allele B₂ und B₆, nachgewiesen werden. Auffallend ist, daß in den Stieleichenbeständen das Allel B₃ im Durchschnitt häufiger auftrat als in den Traubeneichenbeständen. Das Allel B₁ dagegen wurde in den Stieleichenpopulationen sehr selten oder gar nicht angetroffen, in den Traubeneichenbeständen kommt es jedoch regelmäßig (bis auf eine Ausnahme: PEN4) vor.

DAS ENZYMSYSTEM PHOSPHOGLUCOSE-ISOMERASE

Das Enzymsystem PGI zeigte zwei Zonen. Die obere Zone, A-Zone genannt, fand bei bisherigen Untersuchungen keine Berücksichtigung und wurde daher auch in der vorliegenden Untersuchung nicht interpretiert.

Der Genort PGI-B ist ebenfalls ein typischer Minorpolymorphismus. Bei den Stieleichen dominiert das Allel B₄ mit Häufigkeiten über 90 %, während B₃ eher selten nachgewiesen wurde. Dieser Befund deckt sich auch mit anderen Untersuchungen (Gehle 1999, ISOGEN 2000). In den Traubeneichenkollektiven taucht das Allel B₃ zusammen mit B₅ etwas häufiger auf. Der Genort

PGI-B scheint eine gewisse Eignung für die Unterscheidung der Trauben- und Stieleichen zu besitzen.

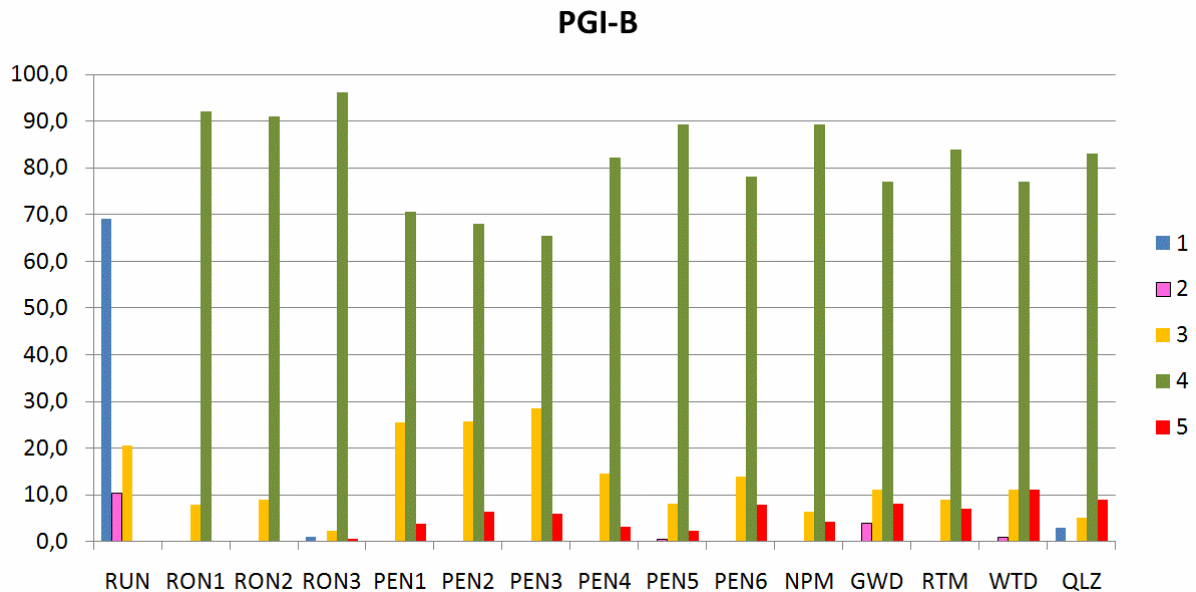


Abbildung 3: Allelhäufigkeiten der untersuchten Kollektive am Genort PGI-B.

Die Häufigkeitsverteilung der Allele beim Kollektiv der Roteiche ist deutlich anders, hier dominiert B_1 , die Allele B_2 und B_3 sind jeweils seltener als 20%.

DAS ENZYMSYSTEM 6-PHOSPHOGLUCONAT-DEHYDROGENASE

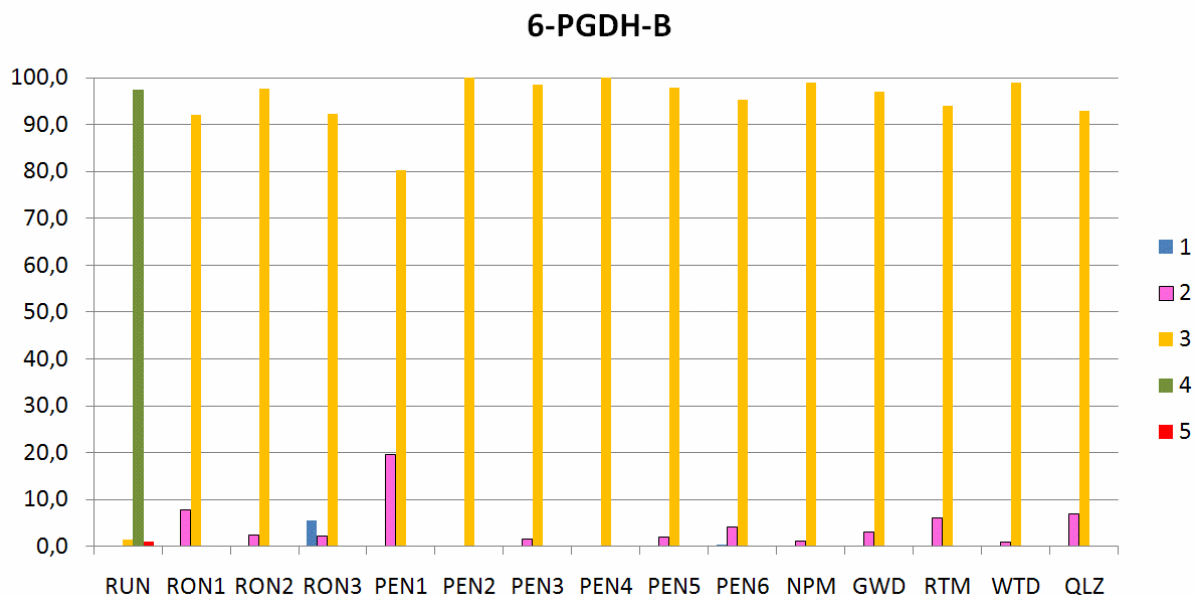


Abbildung 4: Allelhäufigkeiten der untersuchten Kollektive am Genort 6-PGDH-A.

Analog zum Enzymsystem PGI zeigt auch das System 6-PGDH zwei Zonen, von denen wiederum nur die untere Zone, der Genort 6-PGDH-B ausgewertet wurde. Dieser Genort ist minorpolymorpher Natur, Allel B_3 dominiert bei Stiel- und Traubeneiche regelmäßig mit

Häufigkeiten über 80%. Das Allel B₂ tritt lediglich in einem Kollektiv (PEN1) aus Niedersachsen in nennenswertem Umfang auf. Das Allel B₁ wurde lediglich in einer einzigen Population (RON3), vorgefunden. Im Kollektiv PEN2 ist eine Fixierung auf das Allel B₃ zu beobachten.

Ähnlich wie bei anderen Systemen zeigt die Roteichenpopulation eine deutlich abweichende allelische Struktur, das Allel B₄, welches in den übrigen Populationen nicht nachgewiesen werden konnte, dominiert mit über 95%, selten treten B₄ und B₆ auf.

DAS ENZYMSYSTEM PHOSPHOGLUCOMUTASE

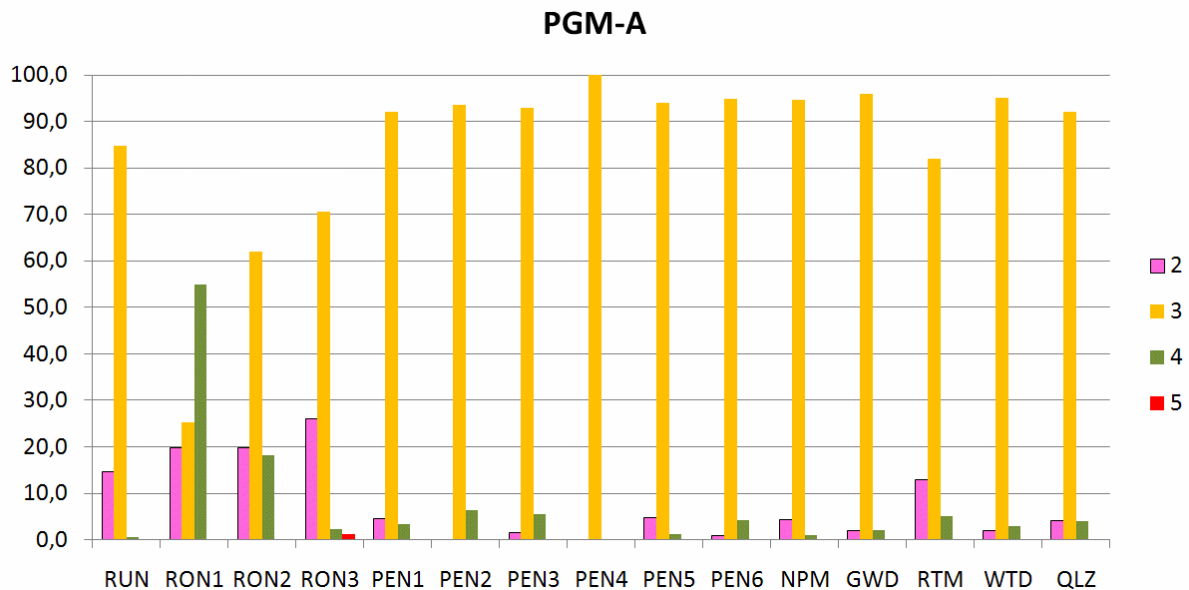


Abbildung 5: Allelhäufigkeiten der untersuchten Kollektive am Genort PGM-A.

Das Enzymsystem PGM zeigt zwei Zonen, von denen die untere B-Zone aufgrund geringerer Aktivität (evtl. Zeitpunkt der Beprobung) nur geringe Färbung aufweist. Die A-Zone bildet bis auf eine Ausnahme in allen Kollektiven einen typischen Minorpolymorphismus mit dem dominierenden Allel A₄ aus. Die Verteilungen beim Kollektiv der Roteichen gleichen an diesem Genort denen der übrigen Arten. Insgesamt zeigen die Stieleichenkollektive einen weniger ausgeprägten Minorpolymorphismus. Auffallend ist der Bestand RON1, hier liegt ein Majorpolymorphismus mit dem häufigen Allel A₄ vor. Dieses Kollektiv ist von den übrigen deutlich zu unterscheiden. Eine Erklärungsmöglichkeit für diesen Sachverhalt wäre z.B. die Abstammung von nur wenigen Altbäumen mit Familienstrukturen und hohen Häufigkeiten des Allels A₄. Die Bestände aus Mecklenburg-Vorpommern haben recht ähnliche genetische Strukturen, lediglich der Bestand aus Rothemühl zeichnet sich durch einen hohen Anteil des Allels A₂ aus.

DAS ENZYMSYSTEM SHIKIMAT-DEHYDROGENASE

Das Enzymsystem SKDH zeigt lediglich eine stark färbende Zone, SKDH-A, in welcher insgesamt sechs Varianten vorgefunden wurden. Mit über 90 % ist die Variante A₂ am häufigsten in den Populationen der Stiel- und Traubeneiche. In den Nachkommenschaften der Traubeneiche tritt auch das Allel A₁ noch in nennenswertem Umfang auf, während es bei den Stieleichen mit Häufigkeiten von deutlich unter 5 % vorhanden ist. Dies deckt sich auch mit Untersuchungen an anderen Stieleichenpopulationen (ISOGEN 2000).

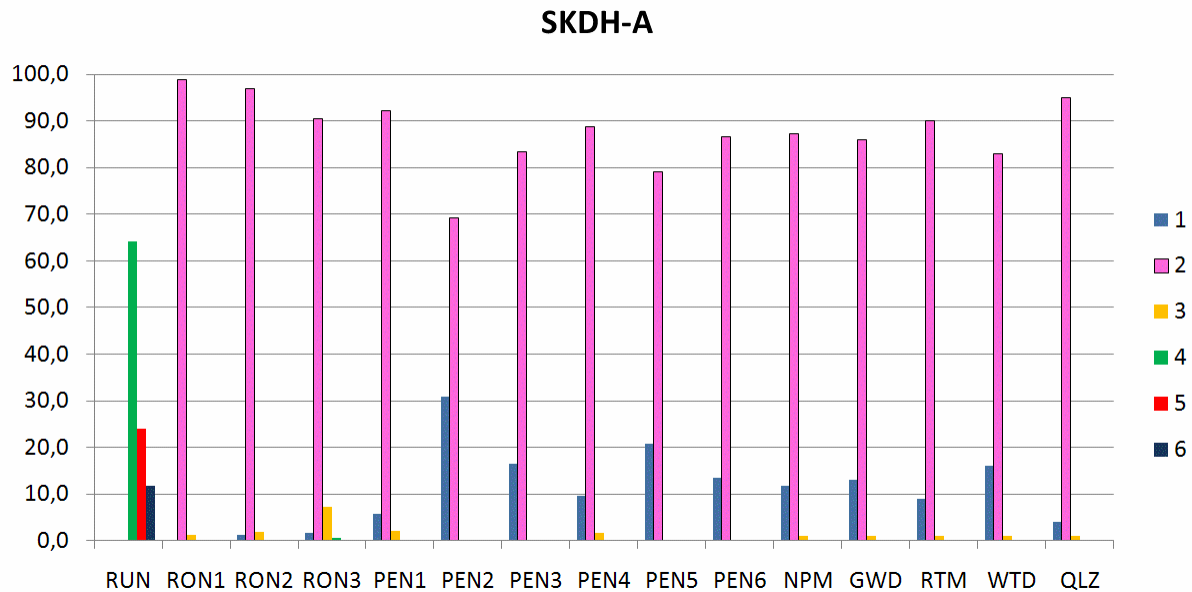


Abbildung 6: Allelhäufigkeiten der untersuchten Kollektive am Genort SKDH-A.

Die Nachkommenschaft der Roteiche ist deutlich differenziert und hat keine gemeinsamen Allele mit den beiden anderen Arten.

DAS ENZYMSYSTEM GLUTAMATOXALACETAT-TRANSAMINASE

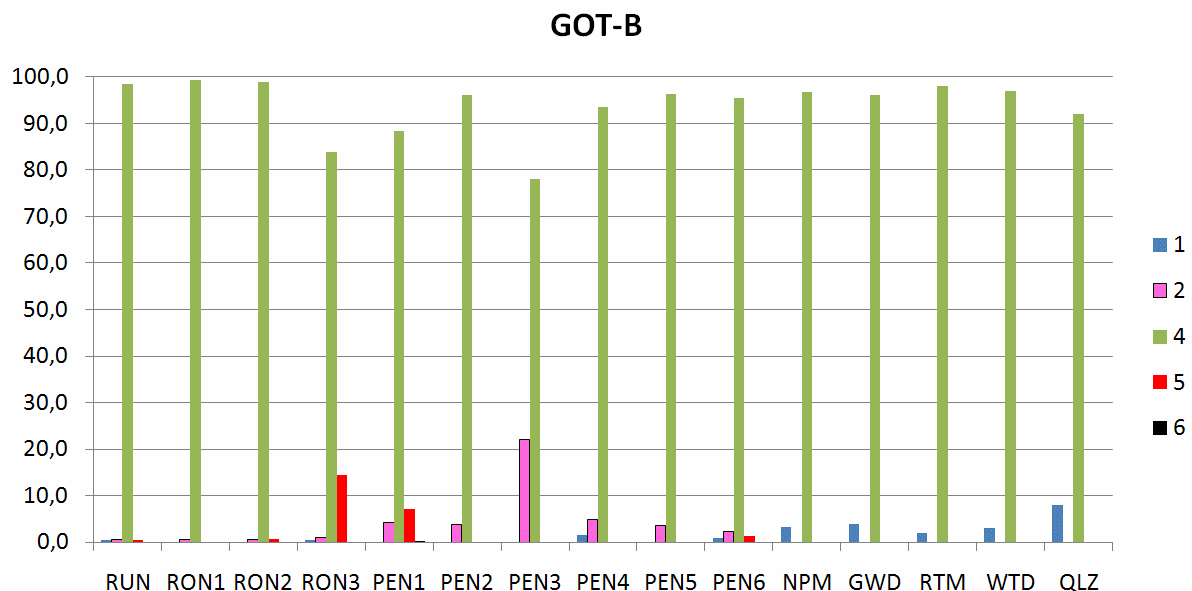


Abbildung 7: Allelhäufigkeiten der untersuchten Kollektive am Genort GOT-B.

Das Enzymsystem Glutamatoxalacetat-Transaminase besteht aus drei Zonen. Von diesen war bei der verwendeten Methodik lediglich eine Zone, GOT-B, sichtbar. Diese hat einen ausgeprägt minorpolymorphen Charakter, die Variante B₃ dominiert mit Häufigkeiten von über 90%. Insgesamt konnten 4 seltene Allele nachgewiesen werden, deren Anteil im Kollektiv der Traubeneichen etwas größer ist als in den Kollektiven der Stiel- und Roteichen. Die Bestände aus

Mecklenburg-Vorpommern gleichen sich dahingehend, daß das Allel B₂ nicht nachgewiesen wurde, welches in den niedersächsischen Beständen regelmäßig vorhanden ist.

ALLELISCHE VIELFALT

Die allelische Vielfalt ist der einfachste aller populationsgenetischen Parameter, es ist die Anzahl aller in einem Kollektiv nachgewiesenen Allele. Das Ergebnis für dieses Maß ist für die untersuchten Populationen in Abbildung 8 dargestellt:

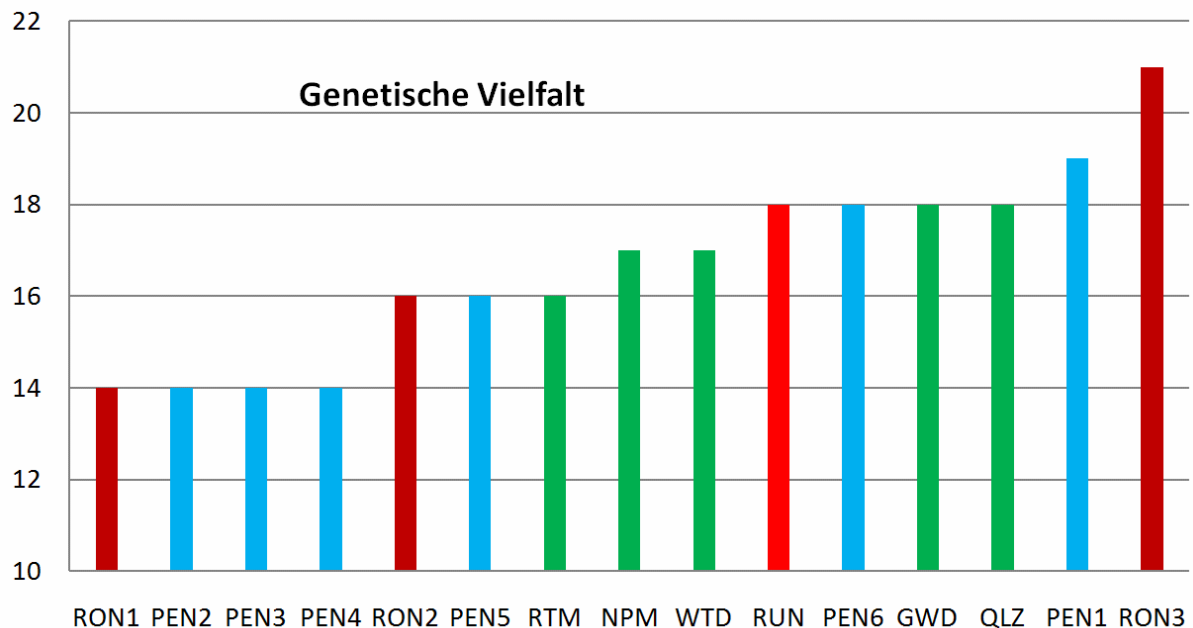


Abbildung 8: Durchschnittliche Anzahl Allele pro Locus der untersuchten Kollektive über alle Genorte (rot = Roteiche; dunkelrot = StEi; blau = TrEi Nds; grün = TrEi MV).

Zwischen den Populationen sind erhebliche Unterschiede zu verzeichnen, der Wertebereich beginnt bei 14 und reicht bis 21. Besonders hohe Werte werden in den Kollektiven PEN1 und RON3 gemessen. Die Bestände aus Mecklenburg-Vorpommern liegen sämtlich im mittleren bis überdurchschnittlichen Bereich.

Es kann bei den in Mecklenburg-Vorpommern untersuchten Beständen keine Einengung¹ der genetischen Vielfalt festgestellt werden.

GENPOOL-DIVERSITÄT UND DIFFERENZIERUNG

Die Werte der Genpool-Diversität (Abb. 9) und Gesamtdifferenzierung (Abb. 10) werden von den Häufigkeiten der vorherrschenden Allele (effektive Allele) geprägt. Die für die

¹ Es gibt keinen festgelegten Mindestwert, ab welchen man von einer Einengung sprechen würde. Vielmehr sind Aussagen zur Einengung immer nur im Vergleich mit Referenzpopulationen und auf Basis eines vergleichbaren Sets von Enzymsystemen möglich.

Traubeneichen-Vorkommen aus Mecklenburg-Vorpommern gemessenen Werte unterscheiden sich sowohl bei der Genpool-Diversität, als auch bei der Gesamtdifferenzierung deutlich. Besonders interessant erscheint hier, daß der uralte Eichenbestand im Nationalpark Müritz nur wenig divers und differenziert ist. Die zugelassenen Erntebestände sind dagegen durchschnittlich divers und differenziert.

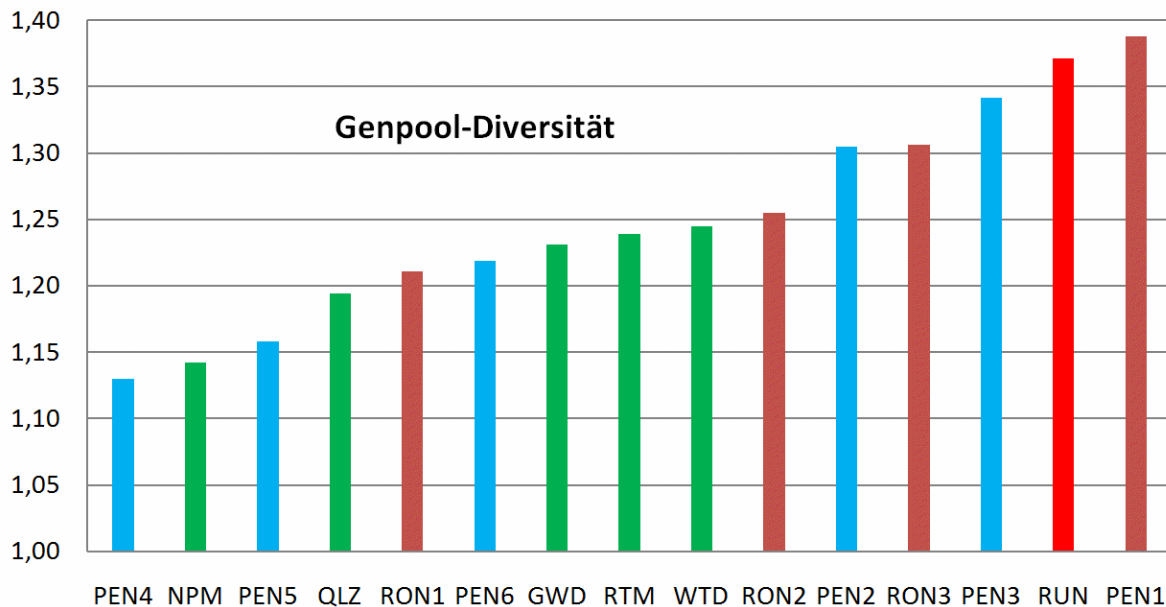


Abbildung 9: Genpool-Diversität der untersuchten Kollektive.

An dieser Stelle können keine gesicherten Aussagen über die Ursachen für diesen Befund hergeleitet werden. Dennoch besteht Grund zu der Annahme, daß schon die Entstehung der Bestände die beiden Parameter determiniert hat.

Der Bestand im Nationalpark Müritz wurde etwa 1760 gepflanzt oder gesät. Damals hatte Saatgut einen ganz anderen Stellenwert als heute. Nachdem Deutschland am Ende des 30 jährigen Krieges weitgehend entwaldet war, war Saatgut lange Zeit selten und teuer. Eicheln wurden nicht nur zur Aufforstung, sondern auch zur Schweinemast verwendet. So ist es durchaus denkbar, daß dieser Bestand aus Nachkommen weniger, in der Gegend vorhandener Eichen, besteht.

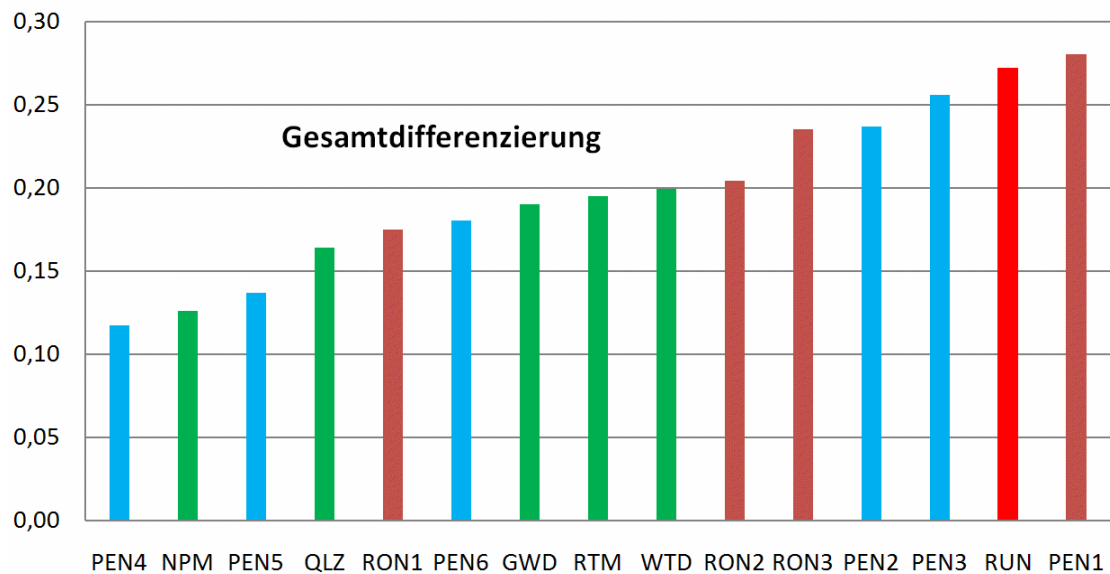


Abbildung 10: Gesamtdifferenzierung der untersuchten Kollektive.

Die zugelassenen Erntebestände sind wesentlich jünger: Es gab bereits Baumschulen und das Angebot an Saatgut war erheblich besser, da die Waldfläche stark zugenommen hatte. Das für die Begründung dieser Bestände verwendete Vermehrungsgut stammte wahrscheinlich schon daher von einer größeren Zahl von Elternbäumen, eventuell auch von verschiedenen Populationen ab. Eine weitere Erklärung für die geringe Diversität und Differenzierung des Müritzer Vorkommens kann in der Selektion der letzten Jahrhunderte gesehen werden. So ist es möglich, daß sich die Population an die vorherrschenden Umweltbedingungen angepaßt hat. Dabei wurden die weniger geeigneten Genotypen herausselektiert, was sich nun in niedriger Diversität und geringer Differenzierung niederschlägt.

HETEROZYGOTIE

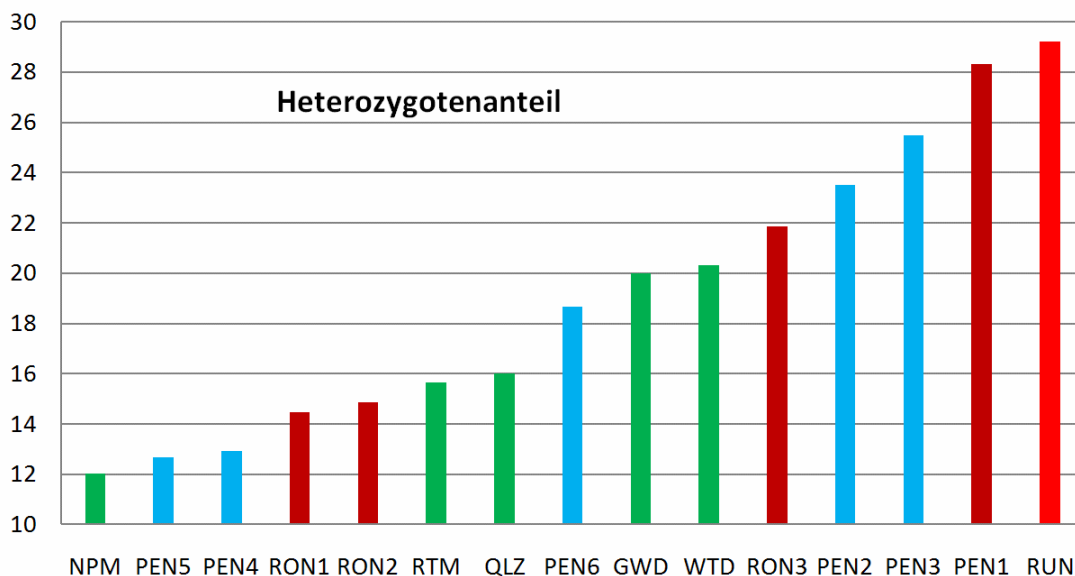


Abbildung 11: Durchschnittliche Heterozygotenanteile der untersuchten Kollektive.

Die Heterozygotenanteile der untersuchten Kollektive liegen zwischen 12 % im Bestand Nationalpark Müritz und etwas über 20% im Bestand Weitendorf (Abb. 10).

Hohe Heterozygotiegrade in Populationen gelten in der Forstgenetik im allgemeinen als positiv zu wertendes Merkmal und als Indiz für physiologische Anpassungsfähigkeit der Population an zeitlich wechselnde Umweltbedingungen. Die Bestände aus Greifswald und Weitendorf sind in dieser Hinsicht sicher besser ausgestattet als die anderen Bestände aus Mecklenburg-Vorpommern. Für die Nachkommenschaften (Erntebestände !) spielt dieser Umstand jedoch keine Rolle, da die Heterozygotie aufgrund der Durchmischung der Erbanlagen nicht von Bedeutung ist. Insgesamt liegen die in den Beständen aus Mecklenburg-Vorpommern gemessenen Werte etwas unter dem Durchschnitt der Vergleichskollektive. Dies stellt nach Meinung der Autoren keinen Nachteil dar:

Wie alle fremdbefruchtenden Lebewesen enthalten auch Waldbäume in unterschiedlich großen Anteilen Erbanlagen, die ihre Funktion nicht oder nicht optimal erfüllen. Träger dieser Letal- oder Subletal-faktoren fallen meist schon im Jugendstadium, in welchem die Selektion am größten ist, aus. Dies ist insbesondere dann der Fall, wenn sie bezüglich eines Letalfaktors reinerbig (homozygot) sind: Sowohl die von der Mutter als auch die vom Vater geerbte Ausprägung eines Merkmals ist letal, das Individuum fällt schon nach kurzer Lebensdauer aus. Dies wird besonders häufig bei ingezüchtetem Material beobachtet (Inzuchtdepression), hier sind mütterlicher und väterlicher Anteil mit großer Wahrscheinlichkeit identisch.

Letalfaktoren verkürzen die Lebensdauer, so daß das Trägerindividuum nicht das Alter der Fortpflanzungsfähigkeit erreicht. Mischerbige (heterozygote) Individuen sind oftmals trotz Letalfaktor überlebensfähig, wenn dieser im heterozygoten Zustand rezessiv ist und dann maskiert wird. Die gesunde Erbanlage ist oft in der Lage, alleine genug umzusetzen oder zu produzieren, so daß sich im Organismus keine nachteiligen Folgen des anderen letalen Faktors auswirken können. Diese Individuen mit maskiertem Letalfaktor erreichen so problemlos das fortpflanzungsfähige Alter. Über Pollen oder Samen kann der Letalfaktor dann in die nächste Generation eingehen, im heterozygoten Zustand kann er so Generationen überdauern. Treffen in der Paarung zwei Letalfaktoren für die gleiche Anlage aufeinander - der Letalfaktor liegt dann in homozygotem Zustand vor - kommt es nicht zu Keimung bzw. die Jungpflanze ist nicht überlebensfähig.

Aufgrund dieser Gegebenheiten kann angenommen werden, daß Bäume mit hohem Homozygotiegrad (an vielen Genorten reinerbig) nur dann ein hohes Alter erreichen, wenn sie nur in geringen Mengen mit Letalfaktoren belastet sind. Bäume mit hohem Heterozygotiegrad hingegen bergen die Gefahr, daß sie Letalfaktoren unerkannt mitbringen und daher die Saatgutqualität verringern.

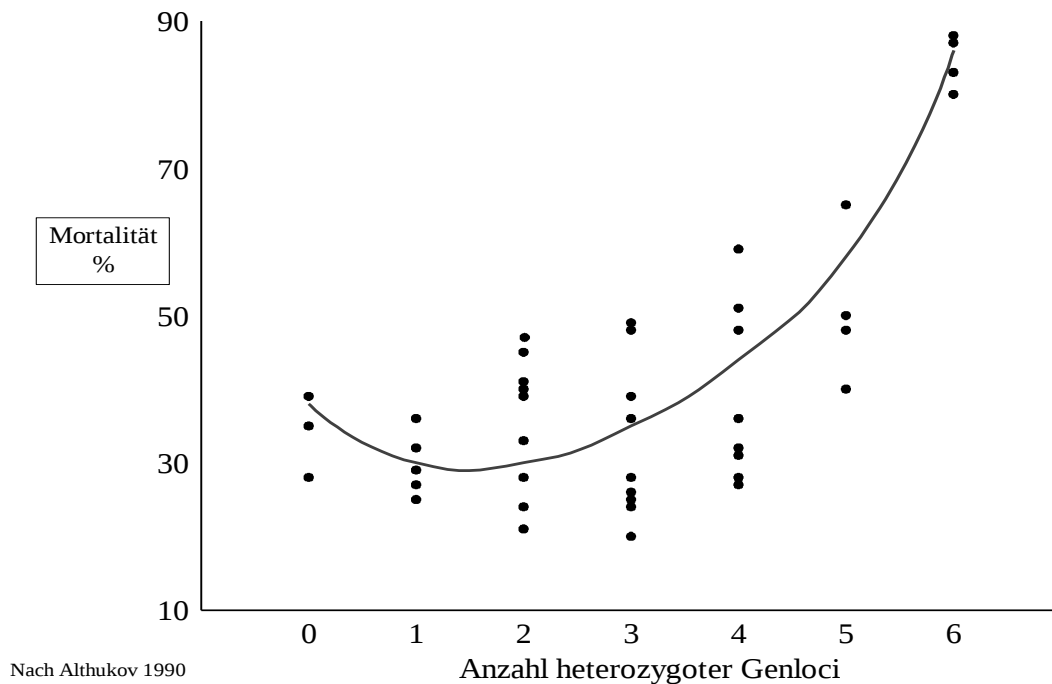


Abbildung 12: Der Zusammenhang von Heterozygotiegrad von Altbäumen und dem Anteil von ihnen produzierter nicht lebensfähiger Samen.

Altukhov (1990) bestätigte diese Vermutung, da er eine Abhängigkeit der Saatgutqualität von dem Heterozygotiegrad von Fichten- und Kiefern-Altbäumen feststellte (Abb.12). Nach kontrollierten Kreuzungen von Fichten und Kiefern mit an Isoenzymgenorten bekanntem Genotyp konnte er eine positive Korrelation zwischen dem Heterozygotiegrad der Altbäume und dem Anteil nicht viabler Samen nachweisen. Eine Untersuchung an einer Lachsart (*Oncorhynchus gorbuscha*) ergab ebenfalls eine strenge Korrelation zwischen Heterozygotiegrad der Eltern und der Mortalität der Jungfische. Man kann unterstellen, daß dieser Zusammenhang auch bei Traubeneiche existiert.

UNTERSUCHUNGEN AN DER CPD_{NS} UND DEM DEHYDRIN₃-GEN

Die bisher umfangreichste Untersuchung auf Basis genetischer Marker zur nacheiszeitlichen Rückwanderungsgeschichte einer europäischen Pflanzenart wurde bei der Eiche (*Quercus* spp.) durchgeführt (Petit *et al.* 2002 a, b). Durch Untersuchungen an der maternal vererbten Chloroplasten-DNS konnte die Rückwanderung der Eiche aus verschiedenen Refugien in Süd- und Südosteuropa nachvollzogen werden. Unter anderem können auf der Grundlage dieser Ergebnisse Hinweise auf die Autochthonie von Vorkommen gewonnen werden.

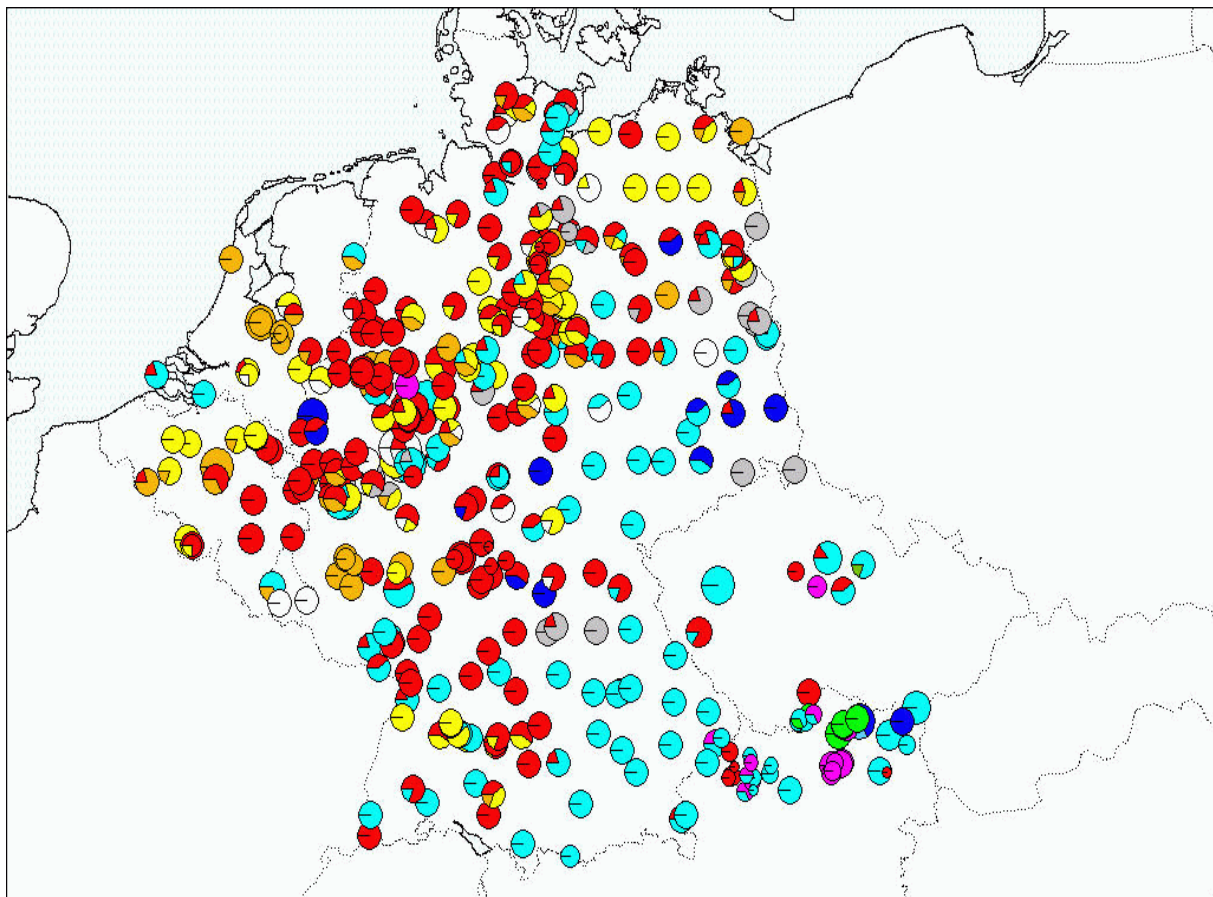


Abbildung 13: Darstellung der Verteilung von Chloroplasten-Haplotypen in Eichenbeständen in Deutschland (nach Petit et al. 2002). Farbcode für die häufigsten Typen: rot = Haplotyp H1 mit Ursprung Italien, gelb = Haplotyp H10 mit Ursprung iberische Halbinsel, Türkis = Haplotyp H7 mit Ursprung Balkan.

Das Ergebnis dieser Untersuchungen für Deutschland wird in der folgenden Tabelle wiedergegeben. Dabei sind die Typen H1 (rot) und H10 (gelb) etwas häufiger im Norden und Westen Deutschlands, während im Süden und Osten der Haplotyp H7 (türkis) häufig anzutreffen ist. Alle diese Varianten können auf natürlichem Weg aus den jeweiligen Refugialgebieten nach Deutschland eingewandert sein. Die vorliegende Untersuchung zeigt diesbezüglich ein klares Bild.

Bestand	Haplotypenverteilung aus 5 Proben
Nationalpark Müritz	Haplotyp 1 (5)
Greifswald	Haplotyp 1 (10)
Woitendorf	Haplotyp 7 (5)
Rothemühl	Haplotyp 1 (5)
Qualitz	Haplotyp 1 (4), Haplotyp 7 (1)

Tabelle 3: Untersuchungskollektive und Haplotypenverteilungen

In der vorliegenden Studie zeigen vier Kollektive (Nationalpark Müritz, Greifswald und Rothemühl) ausschließlich den Haplotyp 1. Im Bestand Woitendorf kommt ausschließlich

Haplotyp 7 vor. Eine Mischung der beiden Haplotypen zeigt der Bestand in Qualitz: hier kommt der Haplotyp 1 viermal und der Haplotyp 7 einmal vor.

Dieses Ergebnis wurde nicht erwartet weil in einer Untersuchung von 10 Eichenbeständen (König 2000) überwiegend der iberische Haplotyp 10 vorgefunden wurde. Von den drei untersuchten Traubeneichenbeständen hatten zwei ausschließlich diesen Typ. In einem Bestand in Greifswald konnte die Haplotypen 1, 10 und 12 nachgewiesen werden. Die Stieleichenbestände konnten überwiegend dem iberischen Refugialgebiet (Haplotypen 10, 11 und 12) zugeordnet werden. Lediglich ein Stieleichen-Bestand in Bad Doberan stammte aus dem Refugium im Appennin, ein weiterer aus Pasewalk hatte eine leichte Beimischung des Haplotyp 1.

Untersuchungen am Dehydrin3-Gen

Im Hinblick auf den prognostizierten Klimawandel ist es notwendig, das Anpassungspotential unserer Baumarten so gezielt wie möglich zu nutzen. Für die Produktion von Forstpflanzen bedeutet dies auch, daß zunehmend Vermehrungsgut bereitgestellt werden sollte, das auf die prognostizierten Klimaänderungen bestmöglich vorbereitet ist. Dabei können insbesondere solche Bestände von Nutzen sein, die bereits langfristige Anpassungsvorgänge auf Standorten mit geringer Wasserversorgung durchlaufen haben. Für eine gezielte Auswahl solcher Vorkommen könnten adaptiv relevante Genmarker eine wichtige Indikatorfunktion übernehmen. Grundlage hierfür ist die genetische Untersuchung von entsprechenden Referenzpopulationen, von denen erwartet werden kann, daß sich entsprechende Anpassungsvorgänge widerspiegeln.

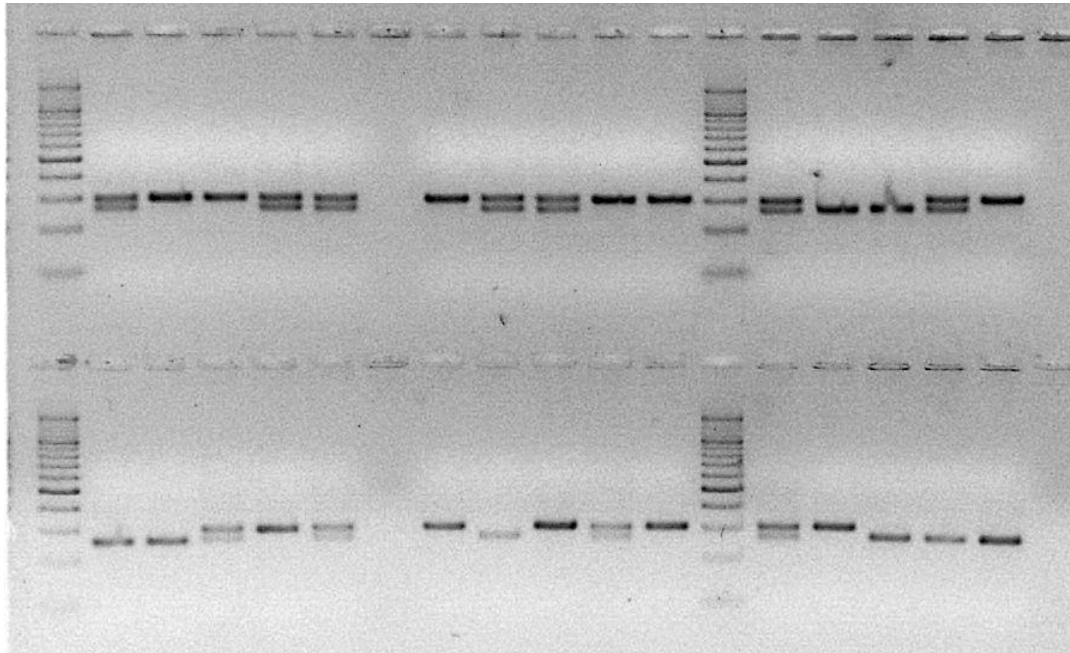


Abbildung 14: Von links nach rechts sind in der oberen Reihe die Analyseergebnisse von jeweils 5 Proben aus NP Müritz, Greifswald-2 und Weitendorf dargestellt. Die untere Reihe zeigt die Ergebnisse für Rothemühl, Qualitz und Greifswald-1.

In einer ersten Untersuchung im Jahr 2009 konnten in Rheinland-Pfalz signifikante Unterschiede der genetischen Strukturen für das Dehydrin3-Gen nachgewiesen werden. In der Untersuchung wurden zwei Vorkommen verglichen, die im Hinblick auf ihre Wasserversorgung und ihre

Wuchsleistung extreme Unterschiede aufweisen (Haase et al. 2009). In der vorliegenden Studie wurden alle Bestände aus Mecklenburg-Vorpommern auch am Dehydrin-3 Gen untersucht.

Die Auswertung der Ergebnisse führt zu den in der Abbildung 15 dargestellten Allelhäufigkeiten. Insgesamt zeigen sich beträchtliche Unterschiede, die auf Anpassungsvorgänge zurückgeführt werden könnten. So ist die Variante Deh3-1, von der man annimmt, daß sie an Trockenstreß besser angepaßt ist, besonders häufig (70% - 80%) im Nationalpark Müritz, im Bestand Qualitz und in der Stichprobe Greifswald 2 zu beobachten.

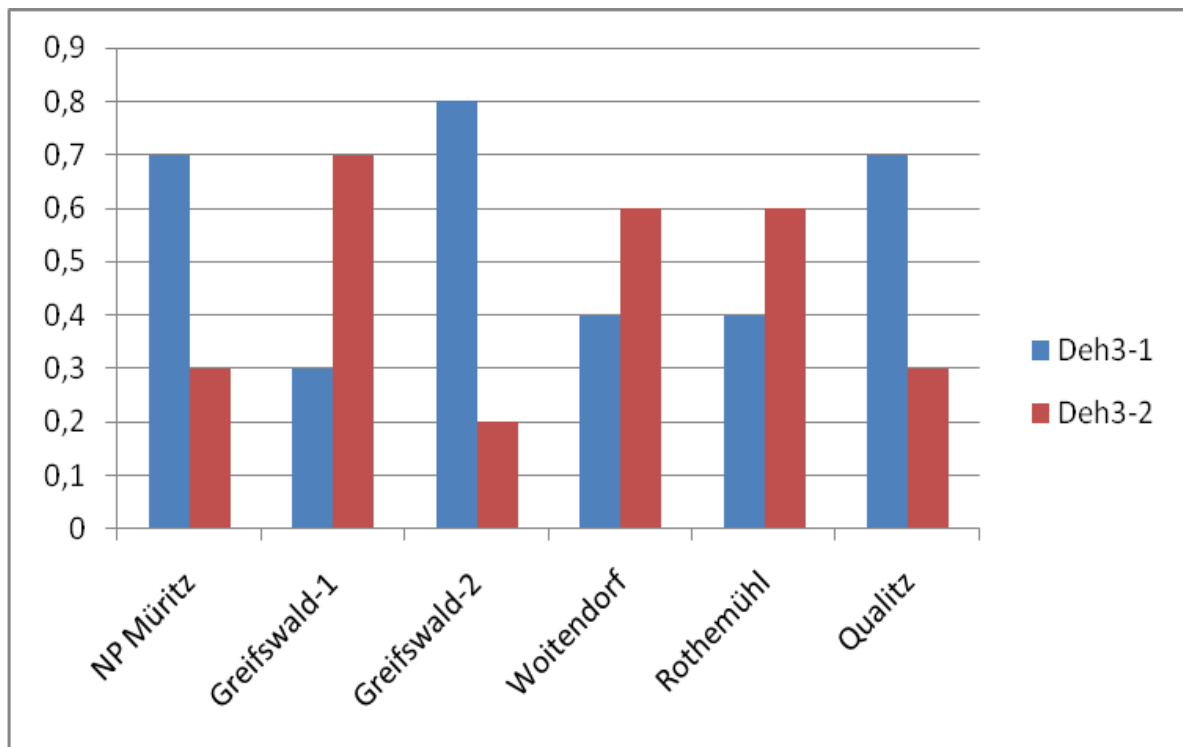


Abbildung 15: Allelverteilung am Dehydrin3-Gen.

Die Genvariante Deh3-2 ist dagegen häufiger in Weitendorf, Rothemühl und Greifswald 1. Allerdings sind die Ergebnisse als vorläufig zu betrachten und sollten durch erheblich größere Stichprobenumfänge abgesichert werden. Dies wird besonders deutlich, wenn man die beiden dicht benachbarten Bestandesteile Greifswald 1 und 2 betrachtet.

ZUSAMMENFASSUNG:

Die Untersuchung von 5 Eichenbeständen in Mecklenburg-Vorpommern ergab:

- Aufgrund der Ergebnisse der Clusteranalyse handelt es sich bei den untersuchten Populationen um Traubeneichen-Bestände.
- Die zugelassenen Erntebestände besitzen eine durchschnittliche (=normale) Diversität und Differenzierung.
- Der Bestand im Nationalpark Müritz fällt durch seine genetische Strukturen mit wenig Diversität und geringer Differenzierung auf.
- Anhand der Untersuchung der Haplotypen konnten vier Bestände dem italienischen Refugialgebiet zugeordnet werden. Der Bestand Weitendorf dagegen hat genetische Strukturen des Balkanrefugiums. Dieses Ergebnis weicht deutlich von einer vorangegangenen Untersuchung (König 2000) ab. Hier wurde der überwiegende Teil der Eichenbestände dem iberischen Refugium zugeordnet.
- Die Bestände Nationalpark Müritz, Qualitz und Greifswald 2 besitzen einen großen Anteil der Dehydrinvariante, welche Trockenstress-Toleranz signalisiert.

LITERATUR

- Althukov, Yu.P. 1990. Population Genetics, Diversity and Stability. Academic Press. New York.
- Finkeldey, R. 2001. Genetic variation of Oaks in Switzerland. *Silvae genetica* 50, pp 22 – 30.
- Finkeldey, R. 2001. Genetic variation of Oaks in Switzerland. 1. Allelic Diversity and Differentiation at Isozyme gene Loci. *Forest Genetics* 8(3): pp 185 – 195.
- Gehle, T. 1999 Reproduktionssystem und genetische Differenzierung von Stieleichenpopulationen (*Quercus robur*) in Nordrhein-Westfalen). Göttinger Forstgenetische Berichte Nr. 24.
- ISOGEN, 2000. Biochemisch genetische Charakterisierung und Unterscheidung ausgewählter Stieleichen anhand von Isoenzymgenmarkern. Forschungsbericht für die Genbank Arnsberg.
- ISOGEN, 2002. Biochemisch genetische Charakterisierung und Unterscheidung ausgewählter Eichenpopulationen in Niedersachsen anhand von Isoenzymgenmarkern. Forschungsbericht für die FVA Escherode.
- König, A. O. 2000: Die Verbreitung genetischer Typen der Eiche und ihr Bezug zur Einwanderungsgeschichte. Nachhaltige Nutzung forstgenetischer Ressourcen – Tagungsbericht zur 24. Internationalen Tagung der Arbeitsgemeinschaft für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung in Pirna vom 14.-16.03.2000. Red. H. Wolf. Graupa: Sächsische Landesanstalt für Forsten 2001, S. 189-202.
- Müller-Starck, G., Zanetto, A., Kremer, A. and Herzog, S. 1996. Inheritance of isozymes in the genus quercus: Sessile oak (*Quercus petraea* (Matt.) and offspring from interspecific crosses. *Forest Genetics* 3: 1 - 12.
- Petit, Brewer, Bordács, Burg, Cheddadi, Coart, Cottrell, Csaikl, van Dam, Deans, Espinel, Fineschi, Finkeldey, Glaz, Goicoechea, Jensen, König, Lowe, Madsen, Mátyás, Munro, Popescu, Slade, Tabbener, de Vries, Ziegenhagen, de Beaulieu, Kremer, 2002: Identification of refugia and post-glacial colonisation routes of European white oaks based on chloroplast DNA and fossil pollen evidence. *For. Ecol. Manage.* 156: 49-74.
- Petit, R., Csaikl, U., Bordács, S., Burg, K., Coart, E., Cottrell, J., van Dam, B., Deans, D., Dumolin-Lapègue, S., Fineschi, S., Finkeldey, R., Gillies, A., Glaz, I., Goicoechea, P. G., Jensen, J. S., König, A. O., Lowe, A. J., Madsen, S. F., Mátyás, G., Munro, R. C., Olalde, M., Pemonge, M.-H., Popescu, F., Slade, D., Tabbener, H., Turchini, D., de Vries, S. G. M., Ziegenhagen, B. and Kremer, A. (2002b) Chloroplast DNA variation in European white oaks. Phylogeography and patterns of diversity based on data from over 2600 populations. *Forest Ecology and Management* 156, 5-26.
- Sneath, P.H.A. and Sokal, R.R., 1973. Numerical Taxonomy. H.W. Freeman, San Francisco, 573 pp.
- Wendel, J. F. and Weeden, N. F: 1989. Visualization and interpretation of plant isozymes. pp 5 - 45. In: Soltis, D. E. and Soltis, P. S. (eds.): *Isozymes in plant biology*. Chapman and Hall, London.
- Zanetto, A., Kremer, A., Müller-Starck, G. and Hattemer, H. H. 1996: Inheritance of isoenzymes in pendunculate oak (*Quercus robur* L.). *Journal of heredity* 87: 364 - 370.
- Gailing O.; Wachter H.; Heyder J. ; Schmitt H.-P.; Finkeldey R. 2007: Chloroplast DNA analysis in oak stands (*Quercus robur* L.) in North Rhine-Westphalia with presumably slavonian origin: Is there an association between geographic origin and bud phenology? *Journal of applied botany and food quality*, 81, n°2, pp. 165-171.
- Gailing O. 2008: Characterization of different oak provenances: The genetic analysis of morphological and potentially adaptive character differences. Habilitationsleistung (kumulatives Verfahren) zur Erlangung der venia legendi Büsingeninstitut, Abteilung für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie, Georg-August-Universität Göttingen Unveröff.

MAßE, BERECHNUNGSGRUNDLAGEN UND DEFINITIONEN

Der genetische Abstand d_0

Zwei Populationen oder Kollektive sind durch die Häufigkeitsvektoren $P = (p_1, p_2, \dots, p_n)$ und $P' = (p'_1, p'_2, \dots, p'_n)$ charakterisiert, wobei :

$n \in \mathbb{N}$, für $k = 1, \dots, n$, p_k und $p'_k \geq 0$, sowie $\sum_{k=1}^n p_k = 1 = \sum_{k=1}^n p'_k$ gilt.

Der genetische Abstand d_0 wird von Gregorius (1974) definiert als:

$$d_0(P, P') = \frac{1}{2} \sum_{k=1}^n |p_k - p'_k|$$

DIVERSITÄT v_2

Ein Kollektiv ist durch den Häufigkeitsvektor $P = (p_1, p_2, \dots, p_n)$ charakterisiert, wobei :

$n \in \mathbb{N}$, für $k = 1, \dots, n$, $p_k \geq 0$, sowie $\sum_{k=1}^n p_k = 1$ gilt.

Die Diversität v_2 wird von Gregorius (1978) definiert als:

$$v_2(P) = \left(\sum_{k=1}^n p_k^2 \right)^{-1}$$

GENPOOL-DIVERSITÄT v

Ein Kollektiv ist an jedem von L Genloci durch den Häufigkeitsvektor $P = (p_{11}, p_{12}, \dots, p_{nL})$ charakterisiert, wobei :

$n \in \mathbb{N}$, für $k = 1, \dots, n$, $p_k \geq 0$, sowie $\sum_{k=1}^n p_{kl} = 1$ gilt.

Die Genpool-Diversität v einer Population oder eines Kollektives basiert auf den allelischen Einzellocusdiversitäten:

$$v_{(l)} = \left(\sum_{k=1}^n p_{kl}^2 \right)^{-1} \text{ für } l = 1, \dots, L$$

Die Genpool-Diversität v einer Population wird von Gregorius (1987) definiert als:

$$v_{gp} = \left(\frac{1}{L} \sum_{l=1}^L \frac{1}{v_{(l)}} \right)^{-1}$$

TOTALE POPULATIONSDIFFERENZIERUNG δ_T ODER GESAMTDIFFERENZIERUNG

Eine Population oder Kollektiv ist durch den Häufigkeitsvektor $P = (p_1, p_2, \dots, p_n)$ charakterisiert, wobei :

$n \in \mathbb{N}$, für $k = 1, \dots, n$, $p_k \geq 0$, sowie $\sum_{k=1}^n p_k = 1$ gilt.

N ist die Stichprobengröße; die totale Populationsdifferenzierung δ_T wird von Gregorius (1987) definiert als:

$$\delta_T = \frac{N}{N-1} \left(1 - \sum_{k=1}^n p_k^2 \right)$$

TOTALE POPULATIONSDIFFERENZIERUNG δ_T DES GENPOOLS ODER DIE GESAMTDIFFERENZIERUNG IM GENPOOL

Die totale Populationsdifferenzierung δ_T des Genpools einer Population ist das arithmetische Mittel der Einzellocuswerte der totalen Populationsdifferenzierung $\delta_{T(l)}$ und ist von Gregorius (1987) definiert als:

$$\delta_T = \frac{1}{L} \sum_{l=1}^L \delta_{T(l)}$$

HETEROZYGOTIEGRAD

Der Heterozygotiegrad ist der Anteil heterozygoter Loci an den betrachteten Loci eines Individuums.

MITTLERER HETEROZYGOTIEGRAD

Der mittlere Heterozygotiegrad ist das arithmetische Mittel aus den Heterozygotiegraden aller dieses Kollektiv bildenden Individuen.

HETEROZYGOTENANTEIL

Der Heterozygotenanteil eines Kollektivs an einem Genlocus ist der Anteil heterozygoter Individuen des Kollektivs.

GENETISCHE VIELFALT

Das einfachste Maß der genetischen Vielfalt ist die Summe unterschiedlicher Allele über alle untersuchten Genloci in einem Kollektiv oder einer Population (Hattermer et al. 1993 Seite 260 ff).

$$\sum n_i$$

Eine Division der Summe unterschiedlicher Allele durch die Anzahl der untersuchten Genloci ergibt die mittlere Anzahl Allele pro Locus (Hattermer et al. 1993 Seite 260 ff).

$$A/L = \frac{\sum n_i}{NL}$$

P gibt den Anteil polymorpher Genloci unter allen untersuchten Genloci an. Dieser Wert schwankt zwischen 0 und 1. Der Wert 0 signalisiert Monomorphie an allen untersuchten Genloci, der Wert 1 besagt, daß an jedem der untersuchten Genloci mindestens zwei Allele auftraten (Hattermer et al. 1993 Seite 260 ff).

G_p schätzt die maximale potentielle genotypische Vielfalt auf der Basis der Allelzahlen n_l an L polymorphen Genloci ($l=1,...,L$) (Hattermer et al. 1993 Seite 260 ff):

$$G_p = \prod_{l=1}^L \frac{n_l(n_l+1)}{2}$$

GLOSSAR

Allele	Aus Mutationen in der DNA-Struktur eines spezifischen Genorts hervorgegangene homologe Varianten
seltene Allele	per Definition: Allele, deren Häufigkeiten in Populationen $\leq 1\%$
Allelische Profile	Nach abnehmenden Häufigkeiten geordnete Verteilung unterschiedlicher Allelvarianten an einem Genort. Man unterscheidet Minorpolymorphismen wenn das häufigste Allel häufiger als 90% auftritt und Majorpolymorphismen wenn die beiden häufigsten Allele etwa gleich häufig auftreten.
Angepaßtheit	Derzeitige Überlebens- und Reproduktionsfähigkeit einer Population.
Anpassung	Fähigkeit von Lebewesen, unter wechselnden Umweltbedingungen zu überleben.
Anpassungsfähigkeit	Überlebensfähigkeit unter gegebenen Umweltbedingungen über die Generationen hinweg.
Art	Populationen, deren Individuen sich potentiell kreuzen und viable Nachkommen produzieren gehören zur selben Art. Sie sind hinsichtlich ihrer Fortpflanzungen von anderen Populationen vollständig isoliert (Mayer 1969).
DNA (veraltet: DNS)	<u>Desoxyribo</u> nukleinsäure (<u>a</u> cid): wesentliche chemische Bausteine der Chromosomen als Träger der Erbinformation.
Elektrophorese	Trennverfahren für elektrisch geladene Moleküle (z.B. Proteine / Enzyme) in der Biochemie. Unter Spannung migrieren Moleküle auf einem Medium in Richtung Plus- oder Minuspol. Nach der Trennung werden sie gewöhnlich durch Anfärben oder Licht bestimmter Wellenlängen sichtbar gemacht.
Enzym	Protein (Eiweißstoff) mit einer katalytischen Funktion, die eine chemische Reaktion beschleunigt, ohne dabei verbraucht zu werden.
Flaschenhalseffekt	Ein Flaschenhals bedeutet die Verringerung der Populationsgröße in einem so starken Maße, daß genetische Varianten verloren gehen (genetische Drift).
Gen	Ein abgrenzbarer Abschnitt auf der DNS mit einer bestimmten Funktion.
Genetik	Wissenschaft von der Vererbung von Merkmalen und Eigenschaften.
Genetische Drift	Zufälliger Verlust seltener Allele bei drastischer Reduktion der Populationsgröße.
Genetische Nachhaltigkeit	Erhaltung der Anpassungsfähigkeit einer Art oder Population.

Genetische Stabilität	Existenz der genetischen Voraussetzungen für die Angepaßtheit, Anpassungsfähigkeit und Erhaltung der Anpassungsfähigkeit einer Population (Hosius 1993).
Genetische Strukturen	Häufigkeitsverteilungen genetischer Varianten innerhalb von Kollektiven.
Genetische Variation	Im allgemeinen Sprachgebrauch verwendeter Begriff, der genetische Vielfalt und Diversität beschreiben soll.
Genetische Variationsparameter	(stark verdichtete) Messgrößen mit numerischen Zahlenwerten zur Quantifizierung genetischer Strukturen von Kollektiven.
Genfluß	Verbreitung von Genen über weite Entfernungen durch Pollen oder Samen.
Genmarker	Nach erfolgter Vererbungsanalyse können Merkmale (z.B. Enzymsysteme) als Genmarker genutzt werden.
Genom	Halpoider Chromosomensatz eines Individuums.
Genort	Ein DNA-Abschnitt, welcher eine bestimmte Funktion dadurch kodiert, daß eine Transkription stattfindet.
Genotyp	Allelische Besetzung an einem oder vielen Genorten eines Individuums.
Genpool	Gesamtheit aller genetischen Varianten in einem Kollektiv.
Genressourcen	Biologisches Material welches eine bestimmte genetische Information oder besonders viele Varianten einer solchen Information trägt.
Gründereffekt	Entstehung einer isolierten Population aus sehr wenigen (Gründer-) Individuen. Der Gründereffekt kann sich in deutlich verschiedenen genetischen Strukturen niederschlagen.
Heterozygoiegrad	Der Heterozygotiegrad ist der Anteil heterozygoter Genorte an den untersuchten Loci eines Individuums. Für das gesamte Kollektiv wird der Durchschnitt = mittlerer Heterozygotiegrad berechnet.
Heterozygot	Mischerbig; die väterliche Erbanlage derselben Funktion unterscheidet sich von der mütterlichen.
Heterozygotenanteil	Der Heterozygotenanteil eines Kollektivs an einem Genlocus ist der Anteil heterozygoter Individuen des Kollektivs.
Homozygot	Reinerbig, Väterliche und mütterliche Erbanlage für die selbe Funktion sind identisch.
Hybridisierung	Kreuzung zwischen zwei Populationen, Rassen oder Arten.

Isoenzymanalyse	im Bereich der Forstgenetik derzeit gängiges Laborverfahren zur Erfassung und Identifizierung genetischer Strukturen auf der Basis von Isoenzymen
Isoenzyme	Enzyme mit identischer Funktion im Stoffwechsel aber einen leicht unterschiedlichen molekularen Aufbau. Diese Unterschiede (elektrische Ladung oder Größe) erlauben eine elektrophoretische Trennung der Varianten im Gel.
Isoenzym-Genmarker	Isoenzyme, für die nach erfolgter Vererbungsanalyse eine eindeutige Beziehung zur Ausprägung eines Allels hergestellt werden kann.
Iteropares Reproduktionssystem	In bestimmten Zeitabschnitten wiederholte Reproduktion einer Baumart.
Klon	Vegetative Abkömmlinge eines Individuums, welche mit diesem und untereinander genetisch identisch sind.
Majorpolymorphismus	Keine (Allel-) Variante tritt mit Häufigkeiten über 80% auf. I.d.R zwei vorherrschende und mehrere seltene Varianten.
Mikrosatelliten	Kleinere funktionslose Anschnitte auf der DNA in welchen einzelne Nukleotide oder Nukleotidgruppen vielfach wiederholt auftreten.
Minorpolymorphismus	Eine vorherrschende (Allel-) Variante mit Häufigkeiten über 80% und einige seltene Varianten.
Paarungssystem	Die Gesamtheit der Gesetzmäßigkeiten welche die Paarung aller Individuen in einer Population determinieren. Ein spezielles Paarungssystem ist die Inzucht, bei welcher bevorzugt verwandt Individuen miteinander paaren.
Polymorphe Genorte	Genorte, welche in einem Kollektiv verschiedene Varianten (Allele) aufweisen.
Polymorphismus	Auftreten von verschiedenen genetisch bedingten phänotypischen Varianten in einer Population.
Population	Aus Individuen einer Art zusammengesetztes Kollektiv in welchem sich alle Individuen potentiell miteinander paaren können.
Populationsgenetik	Wissenschaft der Entstehung, Erhaltung und Weitergabe von Genen in Kollektiven.
Samenplantage	Anpflanzung von ausgewählten Individuen einer Art zur Erzeugung von Saatgut. Vorteile einer Samenplantage ist die gezielte Erzeugung von Saatgut mit überlegenen Eigenschaften oder die Generhaltung gefährdeter Baumarten. Die Beerntung ist einfacher und kostengünstiger.

Selektion	Selektion ist die Konsequenz unterschiedlicher Überlebenschancen und unterschiedlichen Reproduktionserfolgs von verschiedenen Genotypen in einem Kollektiv.
Stärkegelelektrophorese	physikalische Methode zur Trennung von Isoenzymen oder Proteinen in Stärkegelelen anhand von Ladung und Größe der Moleküle.
Viabilität	Überlebensfähigkeit verschiedener Genotypen in einem Kollektiv. Sie kann in der Populationsgenetik definiert werden als der Quotient aus der Anzahl der Überlebenden eines Genotyps und der Gesamtanzahl aller Genotypen.
Züchtung	Verfahren (Kreuzung, Selektion) zur Erzeugung von Individuen, welche in gewählten Merkmalen und Eigenschaften dem Durchschnitt überlegen sind.