

BERICHT ZUR STUDIE:

**GENETISCHE UNTERSUCHUNGEN ZU HÄHERSAATEN
IN MECKLENBURG-VORPOMMERN**



ISOGEN

Bernhard Hosius & Ludger Leinemann
in Zusammenarbeit mit
Wolfgang Voth

vorgelegt im Dezember 2010

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 (Petit et al. 2002a und b) 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 einer ersten Studie im Jahr 2009 wurden verschiedene Eichenbestände in Mecklenburg-Vorpommern genetisch charakterisiert. Es handelte sich dabei um 4 zugelassene Erntebestände und einen sehr alten Bestand im Nationalpark Müritz. Neben Vergleichen der genetischen Diversität der Erntebestände und dem alten Bestand im Nationalpark Müritz wurde die ursprüngliche Abstammung aus den Refugialgebieten festgestellt. Die Bestände wurden mittels Haplotypen in ein internationales Schema eingeordnet.

In der vorliegenden Studie geht es darum, Erkenntnisse über Hähersaaten zu gewinnen. Insbesondere gilt es, durch eine Elternschaftsanalyse herauszufinden, von wie vielen und von welchen Alteichen die Verjüngung stammte. Dazu wurden Hähersaaten auf einer Versuchsfläche in der Nähe der Elbe beprobt und mit verschiedenen Genmarkern untersucht. In einem Radius von mehr als einem Kilometer wurden sämtliche potentiellen Eltern, im Wesentlichen Eichen der ersten und zweiten Baumklasse, großkronige Eichen in Dörfern und an Alleen beprobt und untersucht.

Im ersten Teil der Studie werden die genetischen Strukturen mit Hilfe von Isoenzymgenmarkern verglichen und eher generelle Zusammenhänge behandelt.

Im zweiten Teil wird mittels DNA-Markern eine Abstammungsanalyse durchgeführt. Basierend auf diesen Daten können mit dem Ausschlußverfahren Erkenntnisse über die mögliche Abstammung der natürlich verjüngten Eichen gewonnen werden und Migrationsdistanzen berechnet werden.

MATERIAL UND METHODEN

Die Versuchsfläche liegt nördlich der Ortschaft Heidhof und westlich der Ortschaft Raddenfort. Die Fläche ist gegattert und mit einem Netz von bereits dokumentierten und ausgepflochten Probekreisen ausgestattet. Hier wurden an 21 Probepunkten jeweils die fünf nächsten durch Häfersaat verjüngten Eichen beprobt. Als Untersuchungsmaterial dienten Blattknospen im Ruhezustand, daher wurden etwa 10 cm lange Zweigenden abgeschnitten. Bei den Jungpflanzen waren diese teilweise klein und nicht gut entwickelt, so dass die Untersuchungsmethoden für die Isoenzymanalysen angepasst und verbessert werden mussten. Die Untersuchung der DNA bereitete keinerlei Schwierigkeiten.

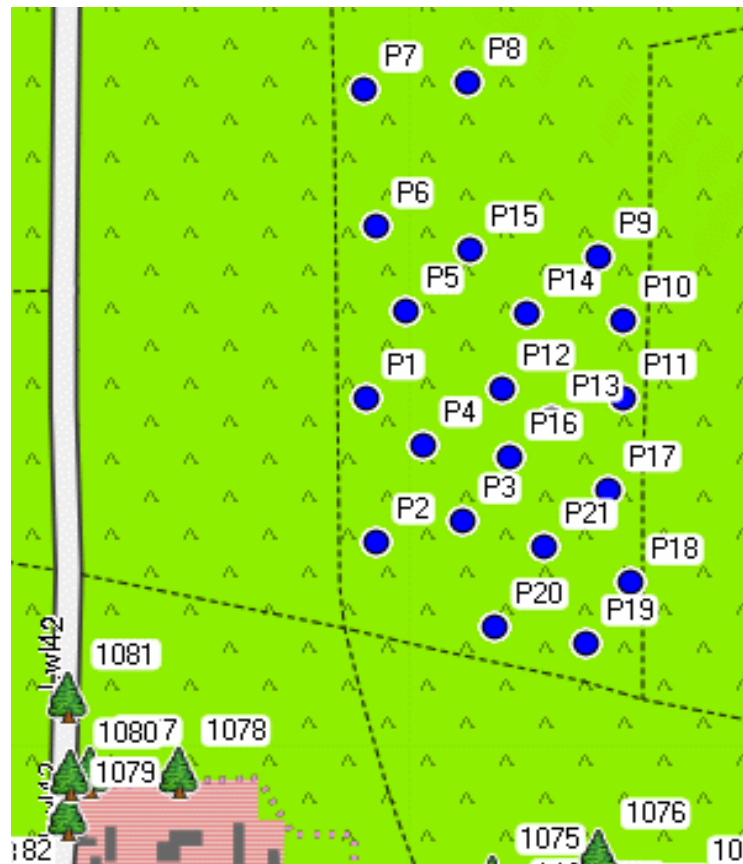


Abbildung 1: Lage der Versuchsfläche und der Probekreise.

Im Umkreis von ca. 1,4 Kilometer um die Versuchsfläche wurden sämtliche potentiellen Elternbäume ($N = 352$) durch Mitarbeiter der Landesforstverwaltung ausgewählt und markiert. Hierbei handelte es sich im Wald um vitale, großkronige Eichen, welche i.d.R. nicht im Bestand, sondern an den Rändern von Kiefernbeständen stockten. Im Prinzip wurden alle Bäume der ersten und zweiten Baumklasse beprobt. Hin und wieder wurden auch etwas jüngere, kürzere aber freistehende, voll bekronte Bäume geringerer Klassen beprobt, da nicht auszuschließen war, dass diese an der Mast beteiligt waren. In den Dörfern und an Alleen wurden beinahe sämtliche solitär stehenden Alteichen beprobt.

Die Proben, ca. 10 cm lange Zweigenden, wurden überwiegend mit einer 6 Meter langen Stangenschere und in seltenen Fällen durch Abschießen gewonnen. Die Alteichen wurden in vier Teilkollektive (Nordweit, Nordnah, Südnah, Südwest und Ost) geordnet, so dass genetische Strukturen von Subpopulationen berechnet werden können.

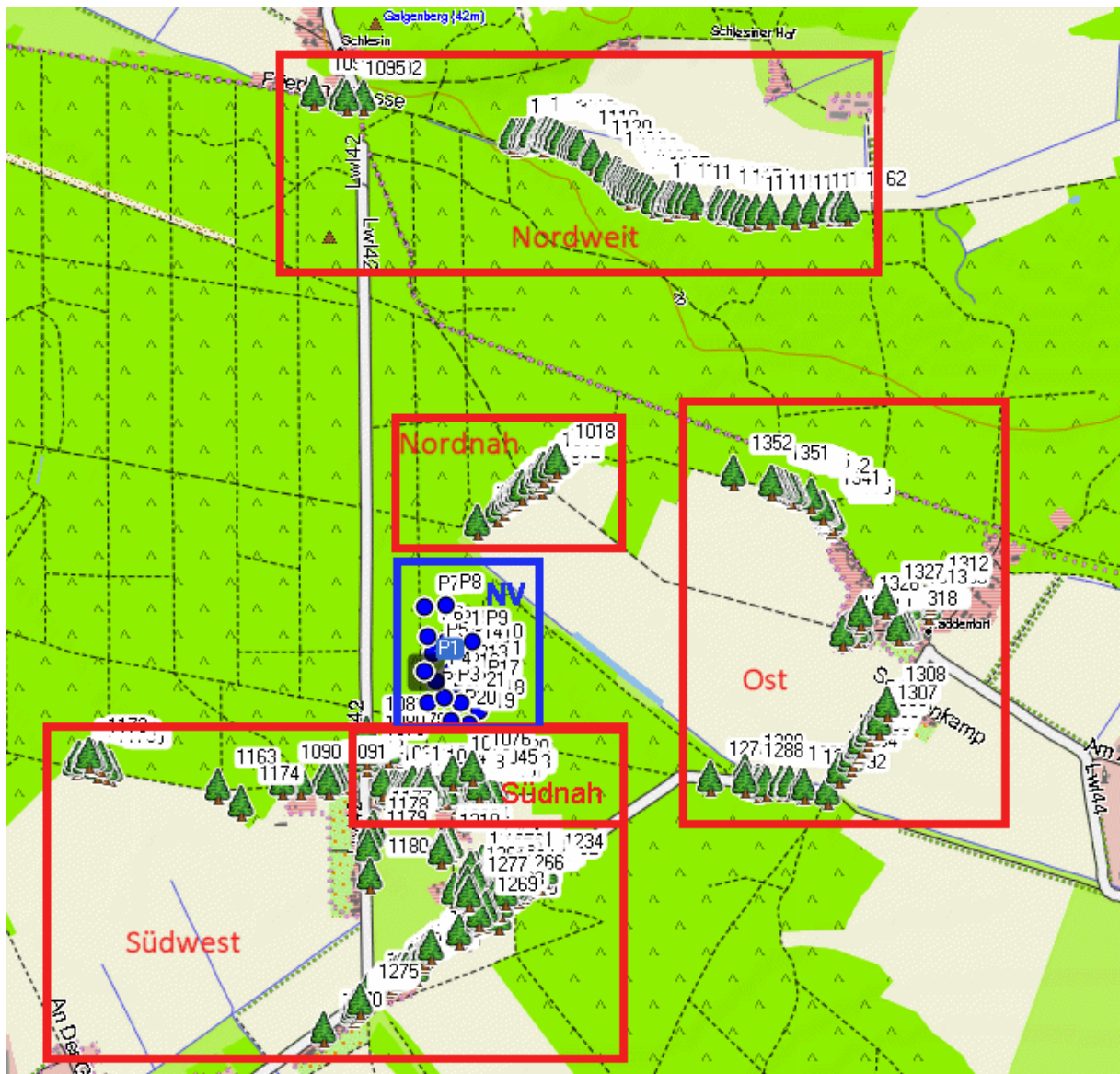


Abbildung 2: Übersicht über die beprobten Alteichen im Umkreis um die Versuchsfläche.

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 1 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	3
Phosphoglucose-Isomerase, PGI (E.C. 5.3.1.9)	PGI-B	5
6-Phosphogluconat-Dehydrogenase, 6-PGDH, (E.C. 1.1.1.44)	6-PGDH-A	4
Phosphoglucomutase, PGM, (E.C. 2.7.5.1)	PGM-A	4
Shikimat-Dehydrogenase, SKDH, (E.C. 1.1.1.25)	SKDH-A	3
Glutamatoxalacetat-Transaminase, GOT / AAT, (E.C. 2.6.11)	GOT-B	3
Menadionreduktase (MNR), (E.C. 1.6.99.2)	MNR-A	6

Tabelle 1: 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.

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.

DNA-ANALYSEN

Für alle Proben erfolgte die Extraktion der DNS mit dem DNeasy-Kit (Qiagen). Die PCR (Polymerase-Chain-Reaction) erfolgte in einem Reaktionsvolumen von 15 µl. Die Amplifikation erfolgte mit dem Thermocycler PTC-100 der Fa. MJ Research; dabei wurden insgesamt 4 Kern-Mikrosatelliten-Genorte analysiert ZAG 1/5, ZAG 110, ZAG 11 und ZAG9 (Steinkellner et al. 1997). Für insgesamt 20 Proben wurden Chloroplasten-Mikrosatelliten untersucht (ucd4 und udt4). Die Bezeichnung der SSR-Genloci, die Art der Farbmarkierung und der Größenbereich der DNS-Fragmente können der Tabelle 2 entnommen werden.

Primer	Farb-Markierung	Erwartete Größe in bp
ZAG 1/5 *	FAM	160 - 168
ZAG 110*	FAM	202 - 204
ZAG 11*	FAM	245 - 274
ZAG 9	HEX*	185 - 199
Ucd4	FAM	93-96
Udt4	FAM	143-145

Tabelle 2: Primerbezeichnungen (Steinkellner et al. 1997), die verwendeten Farbmarkierungen und die erwarteten Größenbereiche der untersuchten DNS-Fragmente.

Für die Farbmarkierung wurden zwei Farbstoffe HEX (grün) und FAM (blau) genutzt. Die Bestimmung der Fragmentlängen erfolgte mit dem ABI 3100 Sequenzer im Multiplexverfahren. Die Ergebnisse wurden mit der Software Genescan und Genotyper von Applied Biosystems analysiert.

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.

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

MAßE UND BERECHNUNGEN

Alle Berechnungen zu Isoenzymen wurden mit dem Programm GSED durchgeführt, die verwendeten Formeln sind im Anhang mit Literaturangaben dargestellt. Die Clusteranalyse wurde mit dem Programm NT-SYS durchgeführt. Für die Aufbereitung der geographischen Daten wurde Garmin MapSource, Version 6.16.3 verwendet.

DAS AUSSCHLUSSPRINZIP BEI DER ANALYSE DER ELTERNCHAFT MIT GEN-MARKERN

Die Analyse der Elternschaft für die einzelnen Bäume in der Naturverjüngung wurde mit dem Programm Papa (Duchesne et al. 2002) durchgeführt, die nach dem Ausschlussprinzip arbeitet. Dabei können solche Bäume als Eltern ausgeschlossen werden, die an einem der untersuchten Genorte keine mit dem Nachkommen übereinstimmende Erbinformation besitzen. Bei der Elternschaftsanalyse nach dem Ausschlussprinzip können 3 Fälle unterschieden werden.

1. Für einen Nachkommen kann kein möglicher Elternbaum ermittelt werden. Die potentiellen Eltern liegen außerhalb des Kollektivs untersuchter Elternbäume.
2. Nur ein möglicher Elternbaum wurde ermittelt. Pollen und Eizellenbeitrag stammen vom selben Baum. Der Nachkomme stammt aus Selbstbefruchtung.
3. Mehrere mögliche Bäume sind mögliche Eltern. Pollen- und Eizellenspender sind nicht eindeutig zu identifizieren. Eine Zuordnung erfolgte hier auf der Basis der Annahme, dass bei einem Paar möglicher Eltern immer der Baum mit der geringeren Entfernung zum Nachkommen der Samenbaum ist.

ERGEBNISSE UND DISKUSSION

ISOENZYME

ALLELHÄUFIGKEITEN

In Abbildung 3 sind die Allelhäufigkeiten der beiden Kollektive Naturverjüngung (NV) und Alteichen (AB) aufgeführt. Es zeigen sich weitgehende Übereinstimmungen der genetischen Strukturen. Der genetische Abstand zwischen den beiden Kollektiven beträgt lediglich 2,3 %, ein sehr geringer Wert. Dies gibt erste Hinweise darauf, dass die Hähersaat nicht von nur wenigen Alteichen stammt, denn sonst gäbe es deutlichere Unterschiede, insbesondere bei den seltenen Allelen.

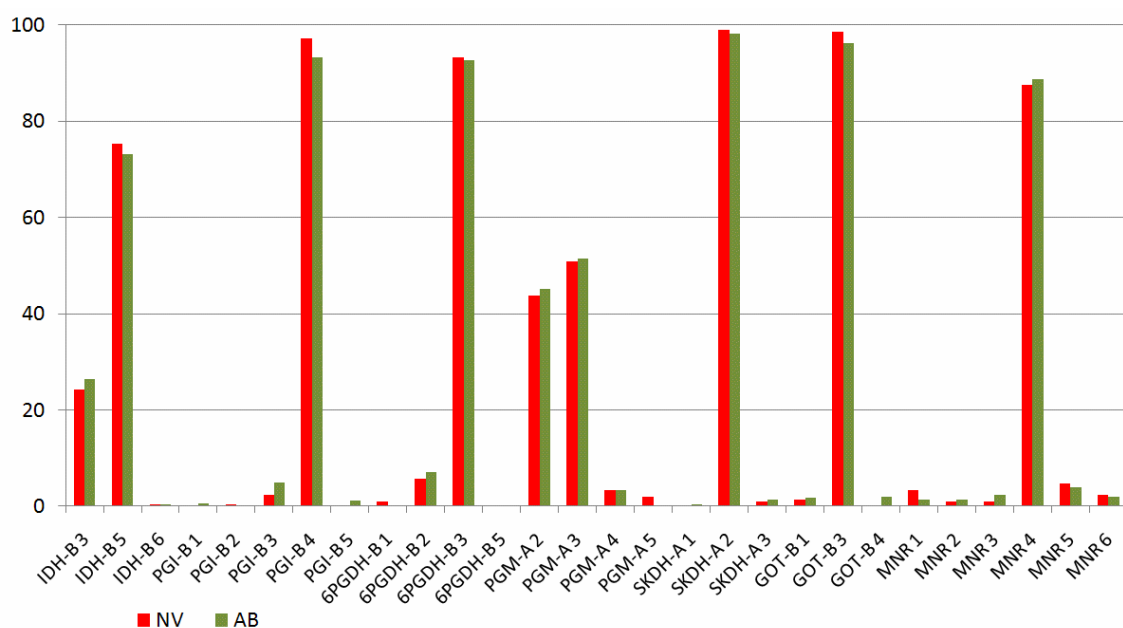


Abbildung 3: Allelhäufigkeiten von Hähersaat und Alteichen.

In jedem Fall ist die genetische Struktur der Alteichen in der Hähersaat sehr gut repräsentiert, wenngleich wenige seltene Allele fehlen (Abbildung 4 links). Die ist jedoch aufgrund der geringeren Stichprobengröße von lediglich 105 natürlich verjüngten Pflanzen zu erklären.

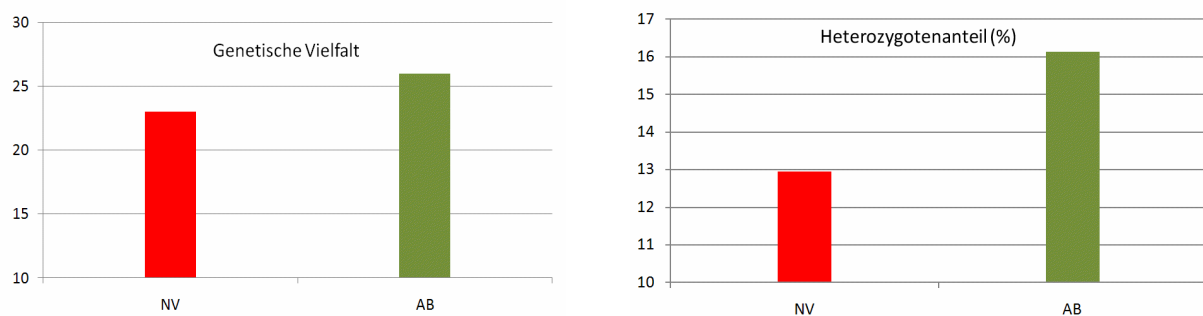


Abbildung 4: Genetische Vielfalt und Heterozygotenanteile von Hähersaat und Alteichen.

Ausgeprägte Unterschiede sind bei den Heterozygotenanteilen (Abbildung 4 rechts) zu beobachten. Die Alteichen sind deutlich heterozygoter als die Verjüngung. Unter Umständen hatten unter den gegebenen Umweltbedingungen der letzten Jahrhunderte heterozygote Individuen einen Vorteil gegenüber homozygoten, da sie besser auf Veränderungen oder Schwankungen reagieren konnten. Eine Selektion im Kollektiv der Hähersaat könnte daher im Laufe der Zeit den Heterozygotenanteil erhöhen.

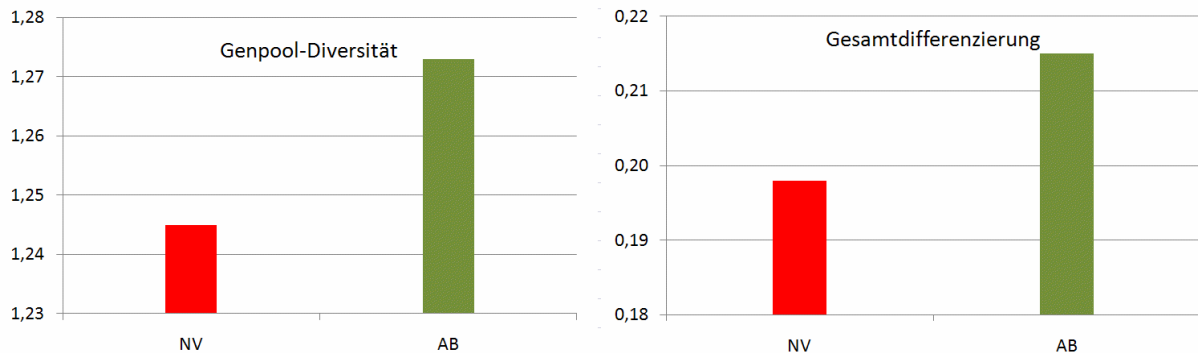


Abbildung 5: Genpool-Diversität und Gesamtdifferenzierung von Hähersaat und Alteichen.

Die Parameter Genpool-Diversität und Gesamtdifferenzierung ergeben etwas höhere Werte für den Altbestand, die Unterschiede sind jedoch gering und unter Umständen durch die Stichprobengröße zu erklären.

Zusammenfassend kann gesagt werden, dass Gemeinsamkeiten und Übereinstimmungen der genetischen Strukturen von Naturverjüngung und Altbestand überwiegen. Daher spricht aus Sicht der Forstgenetik nichts gegen eine Verwendung von Hähersaaten.

RÄUMLICHE VERTEILUNGEN

ALLELHÄUFIGKEITEN IN DEN SUBPOPULATIONEN

Um erste Hinweise über die Abstammung der Hähersaaten zu erhalten, wurde das Kollektiv der Alteichen in fünf Subpopulationen aufgeteilt (Abbildung 2). Die Allelhäufigkeiten dieser Subpopulationen sind in Abbildung 6 dargestellt. An den meisten Genorten werden relativ ähnliche genetische Strukturen nachgewiesen. Unterschiede ergeben sich bei den seltenen Allelen (auch aufgrund von Stichprobeneffekten). An den Genorten IDH-B und PGM-A zeigen sich aber auch Unterschiede bei häufigen Allelen. So wird das Allel IDH-B1 in den beiden nördlich der Versuchsfläche gelegenen Beständen im Wald erheblich häufiger vorgefunden als in den übrigen Kollektiven.

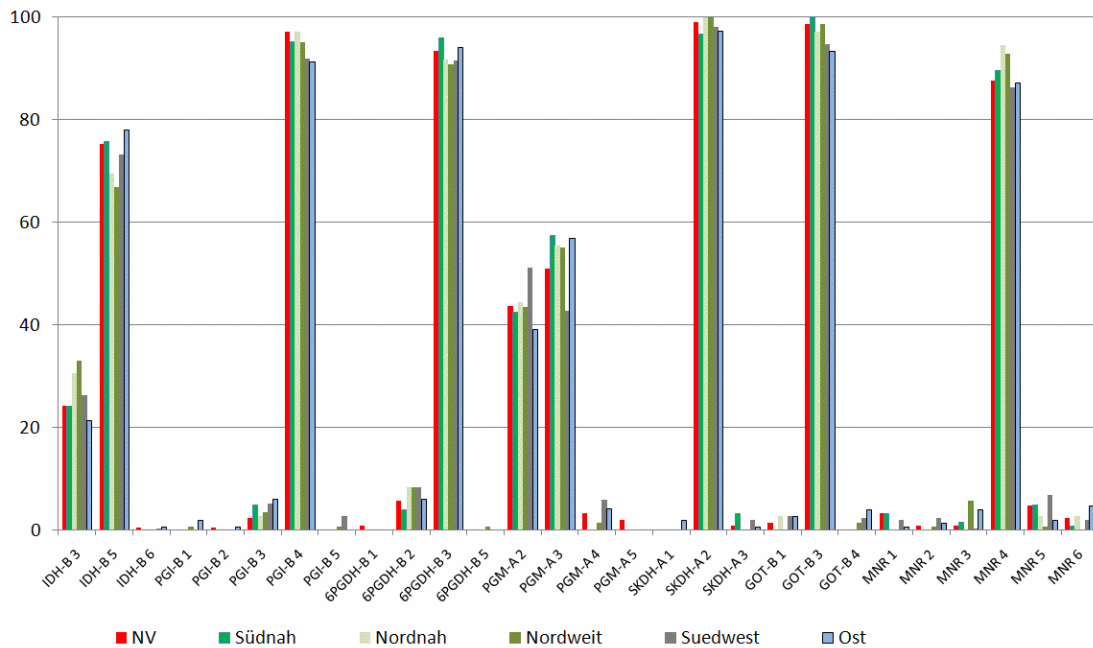


Abbildung 6: Allelhäufigkeiten von Hähersaat und Alteichen-Subpopulationen.

Interessante Hinweise ergeben sich bei der Betrachtung einiger seltener Allele wie IDH-B6 und PGI-B2. Aufgrund ihrer Seltenheit können sie eventuell zur Herleitung einer möglichen Abstammung genutzt werden (s.u.). Zunächst soll jedoch mit Hilfe eines UPGMA-Dendrogrammes ein Überblick über mögliche Abstammungsbeziehungen erarbeitet werden.

UPGMA-DENDROGRAMM

Einen zusammenfassenden Überblick über Gemeinsamkeiten und Unterschiede der untersuchten Kollektive gewinnt man, wenn die allelischen Abstände d_0 (Gregorius 1974) aller untersuchten Genorte berechnet und zu einem UPGMA-Dendrogramm verarbeitet worden sind. Der genetische Abstand d_0 variiert zwischen 0 und 1. Zeigen zwei Bestände im direkten Vergleich einen genetischen Abstand von 0, so sind ihre genetischen Strukturen identisch, während sie bei einem genetischen Abstand von 1 kein Allel gemeinsam haben (Sneath and Sokal 1973). Ein solches UPGMA-Dendrogramm (Abbildung 7) stellt daher das Ausmaß der Ähnlichkeit oder Unterschiedlichkeit dar.

Es zeigt sich, dass die Hähersaat eine große Ähnlichkeit zum Alteichenkollektiv „Südnah“ aufweist, der genetische Abstand beträgt lediglich 2,6 %. Legt man die Ähnlichkeit der Kollektive zugrunde, so ist es am wahrscheinlichsten, dass die meisten natürlich verjüngten Eichen aus dem angrenzenden südlichen Bereich stammen. Dies ist aufgrund der geringen notwendigen Flugentfernung auch nicht unwahrscheinlich.

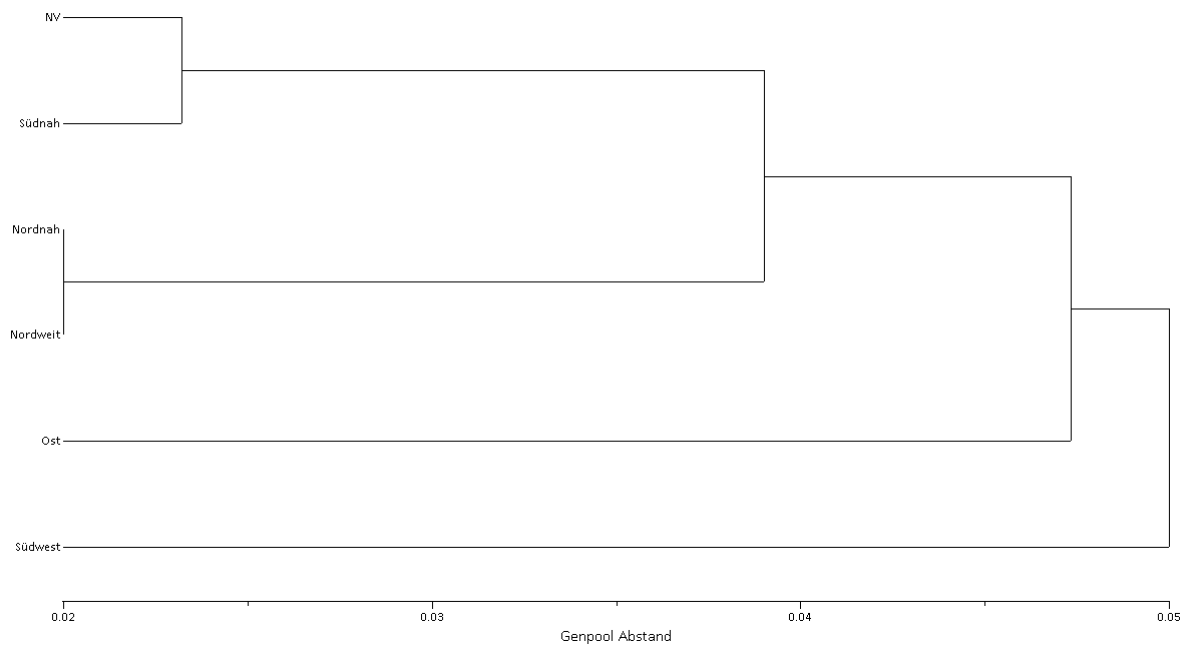


Abbildung 7: UPGMA-Dendrogramm aus den genetischen Abständen aller untersuchten Genorte.

Die übrigen Alteichenkollektive weisen größere Unterschiede zur Naturverjüngung auf. Die beiden Kollektive im Wald, nördlich der Versuchsfläche (Nordnah, Nordweit) sind genetisch sehr ähnlich und unterscheiden sich deutlich von den Alleeebäumen in den Dörfern und an der Straße (Ost, Südwest). Unter Umständen hat hier eine unterschiedliche Entstehung die genetischen Strukturen beeinflusst.

ELTERNSCHAFTSANALYSE

Für die Herleitung von möglichen Elternschaften wurden zunächst sämtliche ermittelten Genotypen von Altbäumen und der Verjüngung in den Probekreisen tabellarisch erfasst. Es zeigte sich, dass bei wenigen Bäumen nicht alle Genorte analysiert werden konnten, da die Qualität / Menge des Knospenmaterials nicht ausreichend war. Diese Individuen wurden daher nicht bei der Elternschaftsanalyse berücksichtigt. Es handelt sich dabei um die Altbäume Nr.: 171, 188 und 234 sowie bei der Verjüngung um die Nummern: PK4-2, PK12-4 und PK13-1.

ÜBERSICHT

In Abbildung 8 ist eine Übersichtskarte der potentiellen Elternschaften dargestellt. Die dort dargestellten Alteichen können in folgende 6 Klassen eingeteilt werden (Tabelle 3):

Ausgeschlossene und potentielle Elternschaften	Anzahl
Elternschaft ausgeschlossen, keine Nachkommen	282 Bäume
1 potentielle Elternschaft	70
2 potentielle Elternschaften	19
3 potentielle Elternschaften	6
4 potentielle Elternschaften	2
5 potentielle Elternschaften	1

Tabelle 3: Anzahlen ausgeschlossener und potentieller Elternschaften der untersuchten Alteichen.

Für den überwiegenden Teil der Bäume (N = 282) konnte eine Elternschaft für die Bäume der Naturverjüngung ausgeschlossen werden. Bei den übrigen Bäumen konnten eine bis maximal 5 Elternschaften angenommen werden. Mit dem Begriff Elternschaft ist die mögliche Weitergabe des väterlichen oder mütterlichen Anteils gemeint. Es ist dabei zu beachten, dass die Nachkommen theoretisch auch von anderen, nicht untersuchten Bäumen mit demselben Multilocus-Genotyp, abstammen könnten. Dies ist jedoch aufgrund der Anzahl der untersuchten Marker und ihrer hohen Variabilität nicht sehr wahrscheinlich.

Es zeigt sich, dass tatsächlich die meisten potentiellen Eltern im südlichen Nahbereich der Probekreise stocken, hier stehen auch die meisten Bäume, für die eine mehrfache Elternschaft angenommen werden kann. Dieses Ergebnis deutete sich bereits aus der Analyse der Isoenzyme an und bestätigt dieses. Es hatte sich gezeigt, dass die genetischen Strukturen der Hähersaaten denen der Altbäume im südlichen Nahbereich der Versuchsfläche am ähnlichsten waren.

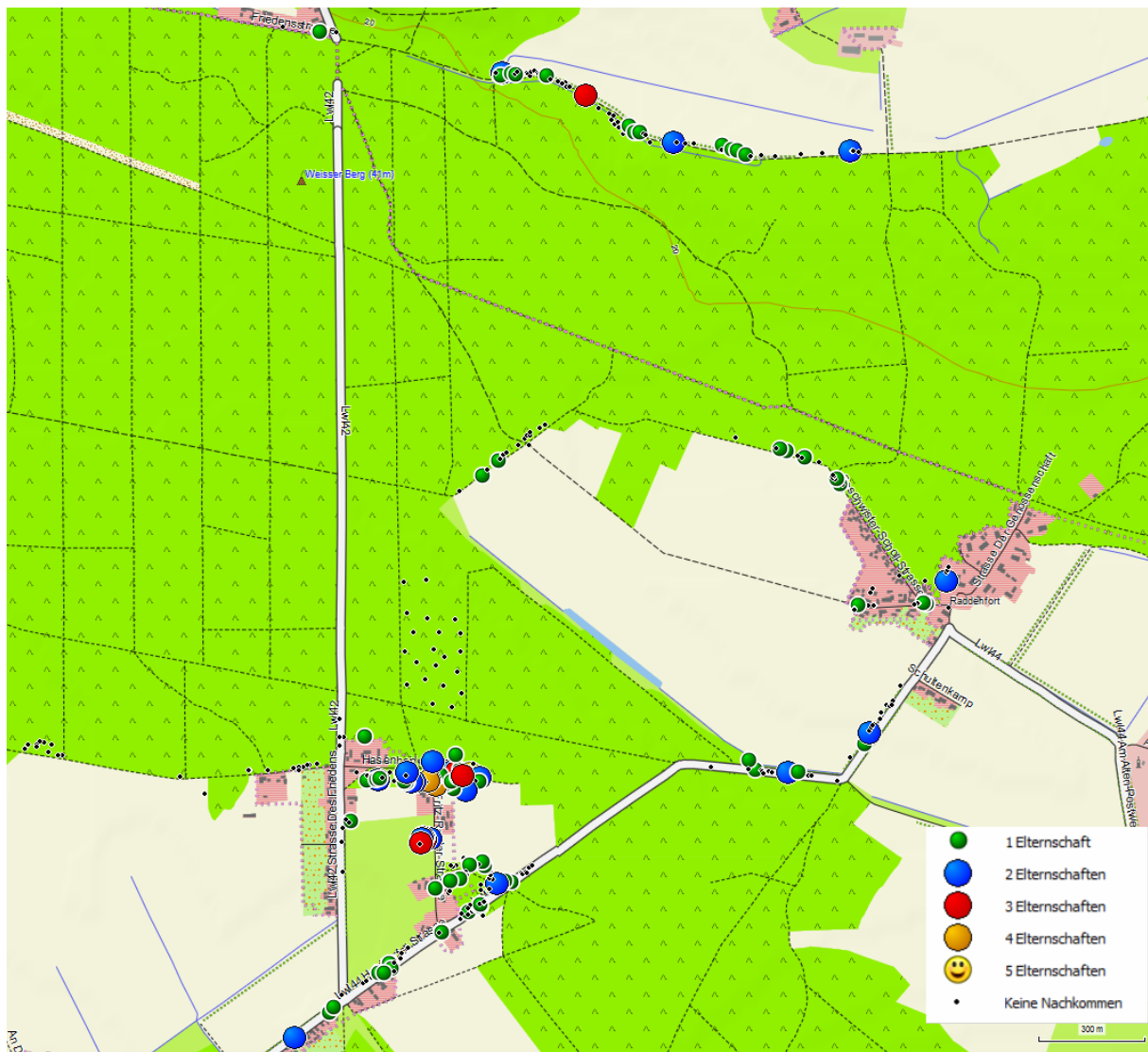
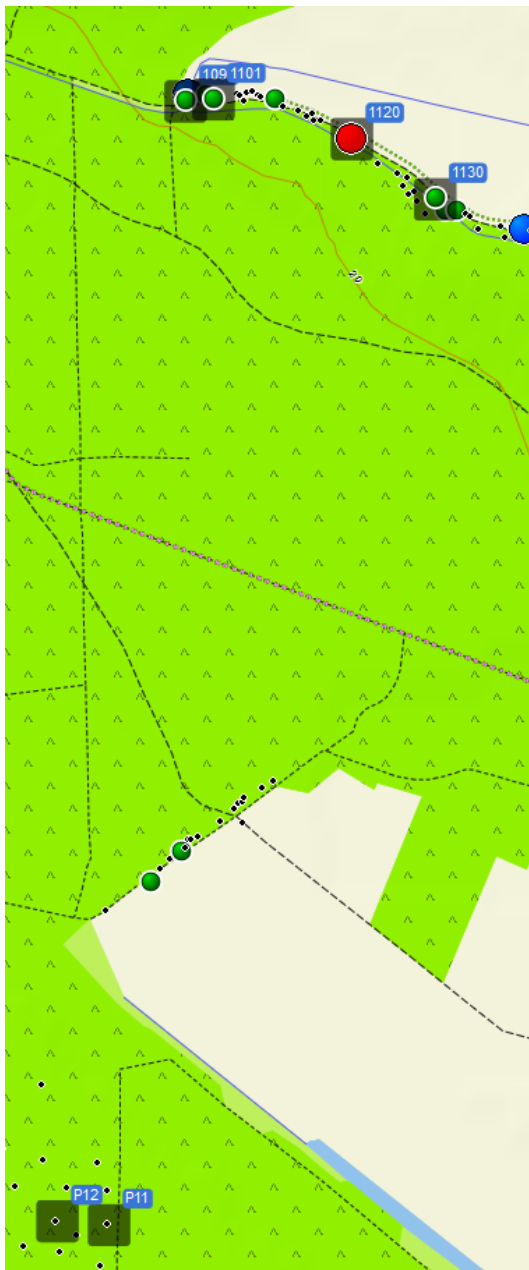


Abbildung 8: Übersicht über die potentiellen Elternschaften der Alteichen.

Erstaunlich ist jedoch, dass einige Eltern sehr weit, maximal 2644 Meter, entfernt von dem betreffenden Probekreis stehen. Hier ist selbstverständlich eher Pollentransport als Saatguttransport denkbar. Dennoch gibt es auch gesicherte Beispiele für einen weiten Samentransport, so haben zum Beispiel die Eltern 120 und 130 einen gemeinsamen Nachkommen im Probekreis 12. Beide Bäume stocken im weiten nördlichen Bereich nur weniger als 150 Meter voneinander entfernt, der Same wurde dann mehr als 1,5 Kilometer verbracht.

BEISPIELE FÜR ELTERNSCHAFTEN UND MIGRATIONSDISTANZEN



In der nebenstehenden Abbildung 9 sind Beispiele für weiten Samentransport und kurzen Pollentransport dargestellt. Neben dem bereits erwähnten Paar 120x130 mit einem gemeinsamen Nachkommen im Probekreis 12 gibt es das eng benachbart stehende Paar 97x101 und einen Nachkommen im Probekreis 11.

Für diese Nachkommen kann mit einiger Sicherheit behauptet werden, dass die Befruchtung über kurze Distanz erfolgte, während der Same später mehr als 1,5 Kilometer weit transportiert wurde.

Hypothesen über die Eigenschaft als Vater oder Mutter können nicht sinnvoll formuliert werden, da die Migrationsdistanz für beide Elternteile etwa gleich weit ist. Möglicherweise hat der Baum 120, welcher an 3 Elternschaften beteiligt ist, besonders stark fruktifiziert und könnte als Mutter betrachtet werden. Dies ist jedoch eine eher wage Annahme.

Abbildung 9: Weiter Samentransport und kurzer Pollentransport.

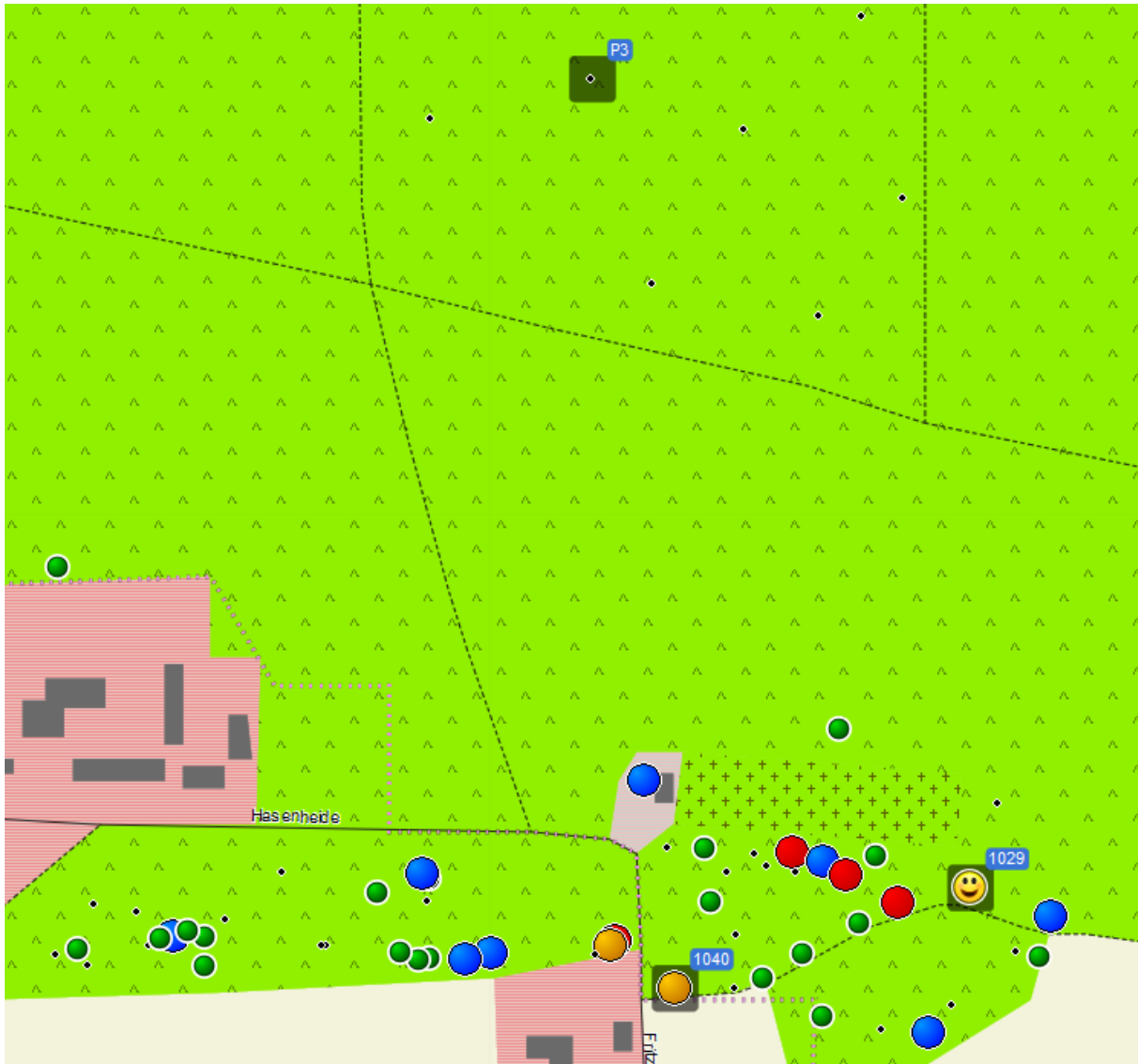


Abbildung 10: Kurzer Samentransport und kurzer Pollentransport.

Das Paar 29x40 (1029 und 1040 in Abbildung 10) hat sogar 2 Nachkommen im Probekreis 3. Auch in diesem Fall kann nicht geklärt werden, welcher der Bäume den väterlichen Anteil und welcher den mütterlichen Anteil geliefert hat, da die Transportentfernungen relativ ähnlich sind. Beide Bäume haben jedoch mit Sicherheit oft und überdurchschnittlich stark fruktifiziert, denn sie haben 4 (Baum 40) bzw. 5 (Baum 29) potentielle Elternschaften in den Probekreisen.

Am Beispiel des Baumes 29 kann die Frage der Zuordnung der Paarungspartner als Mütter oder Väter sehr gut erklärt werden: Neben der zweimaligen Paarung mit Baum 40 hat Baum 29 auch Nachkommen mit den entfernt stockenden Bäumen 201, 297 und 309. Für die Bäume 297 und 309 kann angenommen werden, dass sie den Pollenanteil geliefert haben und damit die Väter sind, denn die angenommene Migrationsdistanz für den Pollen beträgt jeweils über einen Kilometer (1.078 und 1.388 Meter). Diese Annahme wird dadurch bekräftigt, dass einer der Nachkommen 29x309 ebenfalls in Probekreis 3 steht. Hier wurden

bereits die beiden Nachkommen aus der Paarung mit Baum 40 vorgefunden. Möglicherweise hat hier ein einziger Eichelhäher Eicheln von Baum 29 in den Probekreis 3 verbracht.



Abbildung 11: Paarungen des Baum 29.

Für den Nachkommen aus der Paarung 29x201 kann lediglich angenommen werden dass der Pollen wahrscheinlich von Baum 201 geliefert wurde und der Same aufgrund der kürzeren Entfernung von Baum 29 stammte.

Offensichtlich handelt es sich bei Baum 29 um einen sehr erfolgreichen Elter mit einer hohen genetischen Fitness. Dies kann zum einen an überdurchschnittlicher Mast liegen, zum anderen könnte auch eine bei den Hähern beliebte Lage für den Fortpflanzungserfolg die Ursache sein. Unter Umständen war dieser Baum auch aufgrund geschmacklicher Eigenschaften bei den Hähern beliebt, da die Eicheln möglicherweise weniger Gerbstoffe enthielten als Eicheln von anderen Bäumen. In Abbildung 12 sind Beispiele für weite Migrationsdistanzen, sowohl bei Pollen als auch bei Samen, dargestellt. Es kam jeweils zu Paarungen von Bäumen aus dem nördlichen Bereich mit Bäumen aus dem östlichen Bereich im Dorf Radenfort (147x314, 142x315, 152x309). In diesem Fall können die Elternschaften nicht weiter präzisiert werden, da die Migrationsdistanzen ähnlich weit, zwischen 1.263 und 1.457, sind.

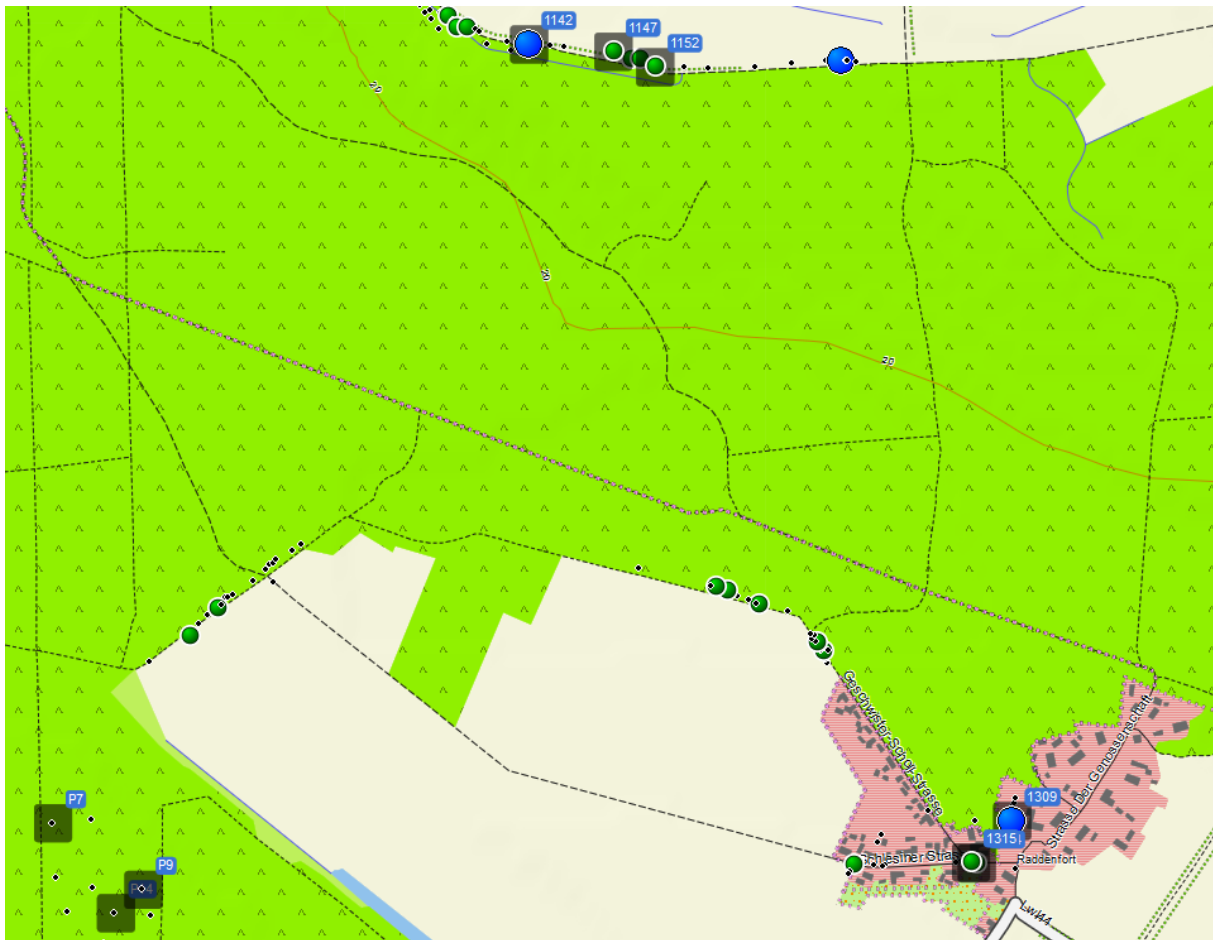


Abbildung 12: Weiter Samentransport und weiter Pollentransport.

Anhand der oben erläuterten Beispiele lässt sich gut erkennen, dass es eine Vielzahl realisierter Möglichkeiten von Pollentransport und Samentransport gibt. Um einen Überblick zu erhalten, sollen die möglichen Migrationsdistanzen zusammenfassend dargestellt werden. Dazu wurde die Annahme getroffen, dass die Migrationsdistanz des Samens jeweils die kürzere ist. Diese Annahme beinhaltet, wie oben dargestellt, Fehlerquellen. Diese wirken sich insbesondere dann auf die zentrale Aussage aus, wenn die Unterschiede zwischen Samen- und Pollen-Migrationsdistanz gering sind. Jedoch sind die entstehenden Fehler nur von geringer Bedeutung für die Aussage. Je größer die Unterschiede in den Migrationsdistanzen, desto wahrscheinlicher ist es, dass der Pollen den weiteren Weg zurückgelegt hat.

MIGRATIONSDISTANZEN

SAMEN

Es zeigt sich, dass die Mehrzahl der Eicheln über Entfernungen zwischen 200 und 600 Metern transportiert wurden, die durchschnittliche Migrationsdistanz für die Eicheln beträgt 557 Meter. Die weiteste Transportentfernung einer Eichel wurde mit 1.617 Meter bestimmt.

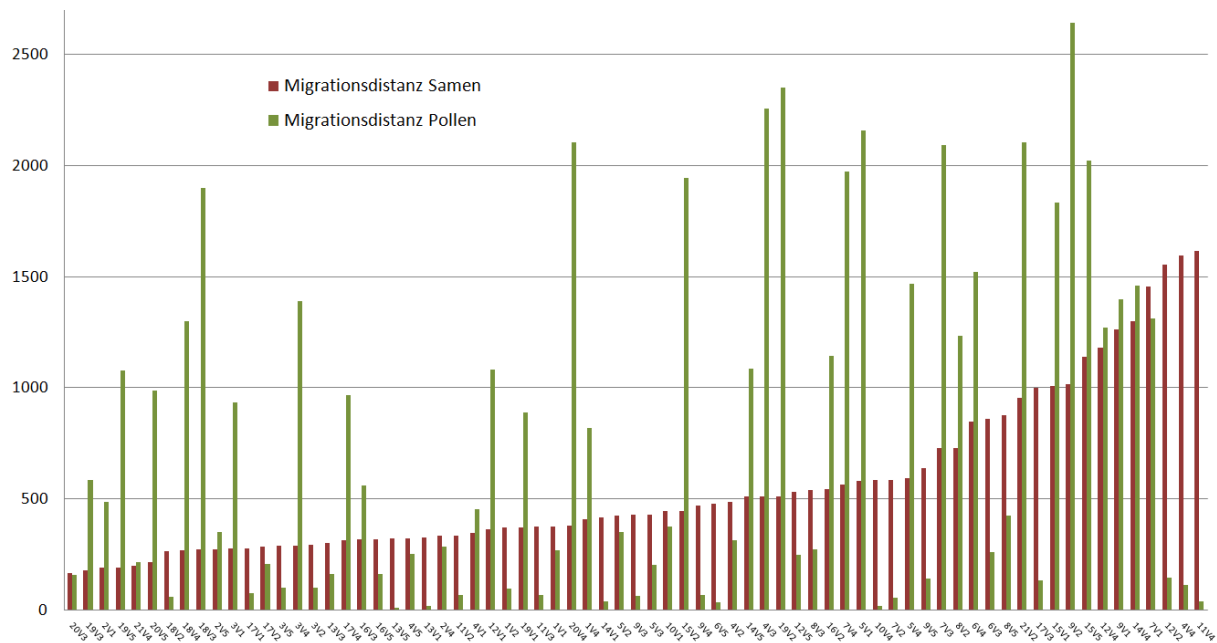


Abbildung 13: Angenommene Migrationsdistanzen für Pollen und Samen, X-Achse: Probekreisnummer und Baumnummer, Y-Achse: Entfernung in Meter.

POLLEN

Die Aufspaltung der Migrationsdistanzen für Pollen ist erwartungsgemäß größer als bei den Samen. Als geringste Entfernung wurden 9 Meter gemessen, in 16 Fällen liegt die Migrationsdistanz unter 100 Meter. In diesen Fällen kann man sich über die Zuordnung Vater / Mutter sicher sein. Auch die Aussage, dass genau diese Paarung zwischen diesen Partnern auch tatsächlich stattgefunden hat, ist gut fundiert.

Bei Migrationsdistanzen von mehr als 2.000 Metern steigt jedoch die Unsicherheit: Es könnte durchaus möglich sein, dass andere, in der Untersuchung nicht repräsentierte Bäume, in geringerer Entfernung zum Paarungspartner den Pollen geliefert haben. Die nicht untersuchten Bäume stammen aus den Baumklassen 3 bis 5. Dennoch besteht die Möglichkeit, dass auch sie einen (kleinen) Teil zum Paarungsgeschehen, insbesondere über Pollen, beigetragen haben.

ZUR NUTZUNG VON HÄHERSAATEN

PHÄNOTYPEN - QUALITÄT

Bereits die Auswertung der genetischen Strukturen an Isoenzym-Genorten hat gezeigt, dass die Mehrzahl der durch Hähersaat entstandenen Naturverjüngung von Altbäumen aus der nahen Nachbarschaft abstammt. Dieser Befund wurde durch eine tiefgehende Analyse der Ergebnisse an DNA-Markern verifiziert. Dies bedeutet für den Waldbauern, dass er grundsätzlich Hähersaaten nutzen kann und sollte, wenn die benachbarten Alteichen seinem Züchtungsziel entsprechen. Es macht wahrscheinlich keinen Sinn, Hähersaaten zu übernehmen, wenn in der Nachbarschaft lediglich Alteichen minderer Qualität stocken. Es kann davon ausgegangen werden, dass Erbanlagen, welche für die mindere Qualität verantwortlich sind, in gleichem Maße vererbt werden, wie bei Isoenzymen und DNA-Markern nachgewiesen. Im Falle der hier untersuchten Fläche kann sehr wenig über die voraussichtliche Qualität der Hähersaaten gesagt werden, da viele der Alteichen als Alleebäume die entsprechenden Schaftformen und Kronen entwickelt haben. Wahrscheinlich hätten sie sich in einem geschlossenen Bestand vollkommen anders entwickelt.

GENETISCHE PARAMETER

In den letzten Jahren wird weit mehr als früher im Waldbau das Augenmerk auf die Genetik gelegt. Die bislang in der Forschung erarbeiteten Erkenntnisse sind zwar sehr profund und decken mittlerweile ein weites Artenspektrum ab. Dennoch findet man direkte Hinweise für den Waldbau eher selten (Hosius et al. 2006). Es ist jedoch allgemeiner Konsens, dass ein hohes Maß an genetischer Vielfalt, Diversität etc. bei der Verjüngung erhalten werden soll (§1 FoVG). Eine hohe genetische Vielfalt oder Diversität signalisiert ein gewisses Reaktionsvermögen der betreffenden Population auf sich ändernde Umweltbedingungen (Klimawandel).

Ein kurzer Vergleich der entscheidenden genetischen Parameter für die Populationen Altbestand und Hähersaat mit zugelassenen Erntebeständen aus Mecklenburg-Vorpommern und einem sehr alten Bestand im Nationalpark Müritz gibt gute Hinweise über die Nutzbarkeit von Hähersaaten aus genetischer Sicht: Es zeigt sich, dass die beiden Kollektive Altbestand und Hähersaat eine überdurchschnittliche Genpooldiversität und ein besonders hohe allelische Vielfalt aufweisen. Dafür können insbesondere zwei Ursachen vermutet werden: Erstens ist die untersuchte Stichprobengröße bei Altbestand und Hähersaat erheblich größer als bei den zugelassenen Erntebeständen und dem Bestand im Nationalpark Müritz, wodurch insbesondere das Maß „allelische Vielfalt“ etwas verzerrt wird, das Maß „Genpool-Diversität“ ist von der unterschiedlichen Stichprobengröße weniger betroffen. Zweitens stammen die zugelassenen Erntebestände und wahrscheinlich auch der Bestand im Nationalpark Müritz aus einem Jahrgang aus jeweils einem einzigen Bestand. Die über mehrere Dörfer und Waldränder verteilten Alteichen der diesjährigen Untersuchung

stammen dagegen wahrscheinlich aus vielen verschiedenen Quellen und sicher aus verschiedenen Jahrgängen, so dass sich die höhere Vielfalt und Diversität aus der Entstehungsgeschichte erklären lässt.

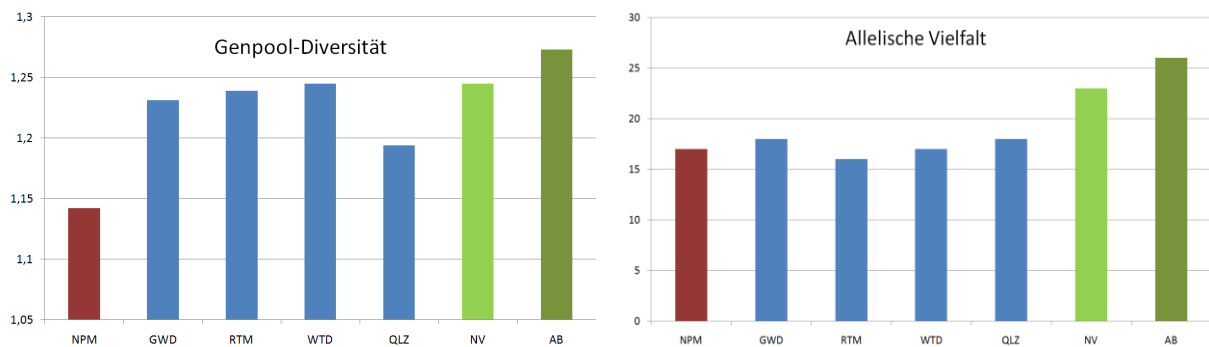
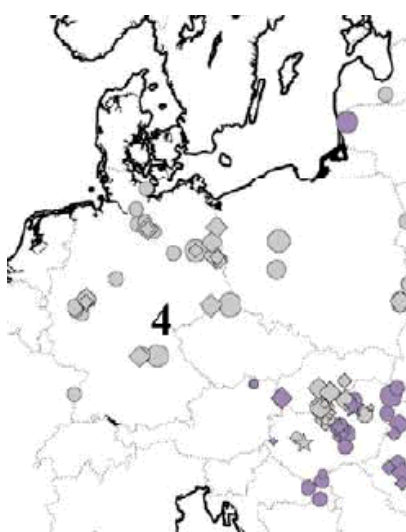


Abbildung 14a und b: Genpool-Diversität und allelische Vielfalt für Altbestand Nationalpark Müritz (dunkelrot) und zugelassene Erntebestände (blau) sowie Hähersaaten (hellgrün) und Altbäume (dunkelgrün).

Erstaunlich ist jedoch, dass sehr viele dieser verschiedenen Erbanlagen auch weitergegeben werden, denn auch das Kollektiv Hähersaat ist besonders divers und vielfältig. Selbst wenn, wie in dieser Untersuchung nachgewiesen, einige Bäume erheblich mehr zur Verjüngung durch Häher beigetragen haben als andere Bäume, so wird das Kollektiv der Alteichen dennoch sehr gut und gleichmäßig repräsentiert. Aus genetischer Sicht kann aufgrund dieses Befundes keinerlei Ablehnung von Hähersaaten resultieren, wenn eine genügend große Anzahl ($N > 20$, vergl. FoVG) Alteichen in der Nachbarschaft vorhanden ist.

HAPLOTYPEN



Die Untersuchung der Haplotypen erfolgte an 4 Bäumen der Naturverjüngung und an 16 Proben aus dem Kollektiv der Alteichen. Die Auswertung der Chloroplasten-Mikrosatelliten ergab für alle Bäume übereinstimmende Ergebnisse, indem am Genort ucd4 bei allen Proben ein Fragment mit einer Länge von 95 bp und am Genort udt4 ein Fragment der Länge 144 bp beobachtet wurde. Alle untersuchten Bäume weisen damit den Haplotype 4 auf der nicht selten auch in anderen autochthone Eichenvorkommen im Osten Deutschlands beobachtet wurde, sowie in Ungarn, Polen und Rumänien (Petit et al. 2002a und Gailing et al. 2007).

Abbildung 15: Vorkommen des Haplotype 4 bei Eichen (grau).

ZUSAMMENFASSUNG:

Die Naturverjüngung aus Hähersaat kann aus Sicht der Forstgenetik ohne weiteres übernommen werden, wenn eine ausreichend große Anzahl Alteichen in direkter Nachbarschaft vorhanden ist.

Aus züchterischer Sicht muß die Qualität der potentiellen Altbäume vor der Übernahme der Verjüngung berücksichtigt werden. Hier spielen besonders die Altbäume in kurzer Entfernung eine große Rolle.

Die Naturverjüngung aus Hähersaat hat sehr große genetische Ähnlichkeit zu den Eichen in den benachbarten Vorkommen.

Die Naturverjüngung stammt von vielen verschiedenen Altbäumen ab, wenngleich einige wenige Alteichen einen besonders hohen Fortpflanzungserfolg hatten.

Die Migrationsdistanz für Eicheln auf der untersuchten Fläche liegt überwiegend im Bereich bis 600 Meter. Es wurden jedoch auch „Ferntransporte“ über Distanzen von mehr als 1,5 Kilometer nachgewiesen.

Die Migrationsdistanz für Pollen liegt ebenfalls hauptsächlich im Bereich bis 600 Meter, es wurden jedoch auch Distanzen von mehr als 2,5 Kilometer nachgewiesen.

LITERATUR

- Duchesne, P., M.-H. Godbout, L. Bernatchez. 2002. PAPA (Package for the Analysis of Parental Allocation) : A computer program for simulated and real parental allocation. *Molecular Ecology Notes*. 2:
- Deguilloux, M.-F., Dumolin-Lapegue, S., Gielly, L., Grivet, D. and Petit, R. J. (2003) A set of primers for the amplification of chloroplast microsatellites in *Quercus*. *Molecular Ecology Notes* 3, 24-27.
- 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.
- Finkeldey, R. 2001. Genetic variation of Oaks in Switzerland. *Silvae genetica* 50, pp 22 – 30.
- 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 Bösigeninstitut, Abteilung für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie, Georg-August-Universität Göttingen Unveröff.
- 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 slavic origin: Is there an association between geographic origin and bud phenology? *Journal of applied botany and food quality*, 81, n 2, pp. 165-171.
- Gehle, T. 1999 Reproduktionssystem und genetische Differenzierung von Stieleichenpopulationen (*Quercus robur*) in Nordrhein-Westfalen). Göttinger Forstgenetische Berichte Nr. 24.
- Hosius B., Leinemann L., Konnerth M., Bergmann F. 2006. Genetic aspects of forestry in the Central Europe. *Eur. J. Forest Res.* 125, 407-417
- ISOGEN, 2000. Biochemisch genetische Charakterisierung und Unterscheidung ausgewählter Stieleichen anhand von Isoenzymmarkern. Forschungsbericht für die Genbank Arnsberg.
- ISOGEN, 2002. Biochemisch genetische Charakterisierung und Unterscheidung ausgewählter Eichenpopulationen in Niedersachsen anhand von Isoenzymmarkern. 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, Csakl, van Dam, Deans, Espinel, Fineschi, Finkeldey, Glaz, Goicoechea, Jensen, König, Lowe, Madsen, Mátyás, Munro, Popescu, Slade, Tabbener, de Vries, Ziegenhagen, de Beaulieu, Kremer, 2002a: 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.
- Steinkellner H., Fluch S., Turetschek E., Lexer C., Streiff R., Kremer A., Burg K. and J. Glössl. 1997: Identification and characterization of (GA/CT)_n- microsatellite loci from *Quercus petraea*. Plant Molecular Biology 33: 1093–1096, 1997.
- 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.

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 $P = (p_{1l}, p_{2l}, \dots, p_{nl})$ 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 (Hattemer 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 (Hattemer et al. 1993 Seite 260 ff).

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

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 (Hattemer 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 ($l=1, \dots, L$) (Hattemer 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>D</u> eoxyribo <u>n</u> ukleinsäure (<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.