
Genetische Variation wichtiger Waldbaumarten in Bayern

Monika Konnert, Eva Cremer und Barbara Fussi

Schlüsselwörter: Genetische Variation, Genmarker, Weißtanne, Fichte, Douglasie, Buche, Bergahorn, Esche

Zusammenfassung: Der Begriff »genetische Variation« umfasst die Variation der Erbanlagen einzelner Individuen innerhalb sowie zwischen Populationen. Dies gilt auch für Waldbäume (Individuen) und Bestände (Populationen). Kenntnisse über geografische Muster genetischer Variation bei Waldbaumarten sind wichtige Entscheidungshilfen für Generhaltungsmaßnahmen und für die Auswahl und Verwendung von forstlichem Vermehrungsgut. Durch genetische Inventuren wird die genetische Variation von Waldbaumpopulationen in einem bestimmten Gebiet unter Verwendung von Genmarkern erfasst und beschrieben. In Bayern wurden durch das ASP genetische Inventuren für wichtige Baumarten, darunter Weißtanne (*Abies alba*), Fichte (*Picea abies*), Douglasie (*Pseudotsuga menziesii*), Buche (*Fagus sylvatica*), Bergahorn (*Acer pseudoplatanus*) und Esche (*Fraxinus excelsior*) durchgeführt. Die Ergebnisse dieser Inventuren werden zusammenfassend dargestellt.

Genetische Variation als Ebene der Biodiversität beschreibt die Unterschiede in den Erbanlagen zwischen den Individuen (z. B. Bäume, Samen) einer Population (z. B. Bestand, Saatgutpartie) und zwischen den Populationen einer Art. Die Forstgenetik hat in den letzten Jahrzehnten mit den Genmarkern ein Werkzeug entwickelt, mit dem genetische Variation im Labor mit relativ geringem Aufwand bestimmt werden kann. Durch die Untersuchung einer repräsentativen Stichprobe von Bäumen eines Bestands kann auf dessen genetische Zusammensetzung geschlossen und seine genetische Vielfalt und Diversität quantifiziert werden. Über sogenannte »genetische Inventuren«, bei denen viele Bestände eines bestimmten Gebietes nach derselben Methodik untersucht und verglichen werden, wird die genetische Variation einer Art innerhalb dieses Gebietes erfasst. Solche Studien liefern Entscheidungshilfen für Generhaltungsmaßnahmen, Zulassung von Erntebeständen, Abgrenzung von Herkunftsgebieten, Herkunftskontrollen etc. Das ASP hat in den letzten 20 Jahren genetische Inventuren für wich-



Abbildung 1: Tannenbestand mit Naturverjüngung

Foto: ASP

tige Baumarten in Bayern durchgeführt, deren Ergebnisse hier zusammenfassend dargestellt werden. Anfangs wurden Isoenzyme als Genmarker eingesetzt. In den letzten Jahren nahm der Einsatz von Markern der Kern- und Organellen-DNA (Chloroplasten, Mitochondrien) stetig zu.

Weißtanne (*Abies alba*)

Die Weißtanne war die erste Baumart, die am ASP intensiv genetisch untersucht wurde; zuerst mit Isozymgenmarkern an 18 bis 20 Genorten, in den letzten Jahren zunehmend mit DNA-Markern (Chloroplasten- und Kern-Mikrosatelliten mit sechs bis acht Genorten). Die neuen Verfahren der DNA-Analyse haben die Ergebnisse der Isoenzymanalyse bestätigt und erhärtet.

Im Unterschied zu anderen Baumarten wurden bei der Tanne in den Hauptgebieten der natürlichen Verbreitung »Alpen und Ostbayerische Mittelgebirge« klinale Veränderungen der Häufigkeiten bestimmter Genvarianten gefunden. So nimmt z.B. die Häufigkeit der Isoenzym-Genvariante AP-A3 von West nach Ost und von Süd nach Nord ab, und zwar von bis zu 40% im Allgäu auf etwa 5% in Nordostbayern. Da sich auch andere Genvarianten ähnlich verhalten, ist ein Abfall der Diversität in die gleiche Richtung zu beobachten, denn die Diversität ist umso geringer, je ungleichmäßiger die Genvarianten in einem Bestand vorkommen. Die Diversität in natürlichen Tannenpopulationen aus dem Allgäu ist bis zu zweimal höher als die von Populationen aus dem Chiemgau und bis zu fünfmal höher als bei Beständen im Frankenwald und dem Fichtelgebirge. Dort, an der nördlichen Grenze der natürlichen Verbreitung, sind die Tannenpopulationen deutlich genetisch eingengt. Bei Neuzulassungen von Tannen-Erntebeständen wird in diesen Regionen eine genetische Analyse vorgeschaltet zur Überprüfung der Diversität und Autochthonie.

Es wird grundsätzlich angenommen, dass die klaren regionalen Unterschiede in den Gebieten, in denen sich die Tanne überwiegend natürlich verjüngt hat, vor allem auf die Rückwanderungsgeschichte nach der letzten Eiszeit zurückgehen (z. B. Konnert et al. 2003; Konnert und Hussendörfer, 2004; Konnert und Schirmer 2011).

Bei den Tannenpopulationen aus dem Tertiären Hügelland und aus Mittelfranken gibt es teilweise große Unterschiede in der genetischen Zusammensetzung und Diversität ohne erkennbare Regelmäßigkeiten (z. B. klinale Veränderungen). Ursächlich dafür könnte die unterschiedliche Begründung (Kunst- oder Natur-

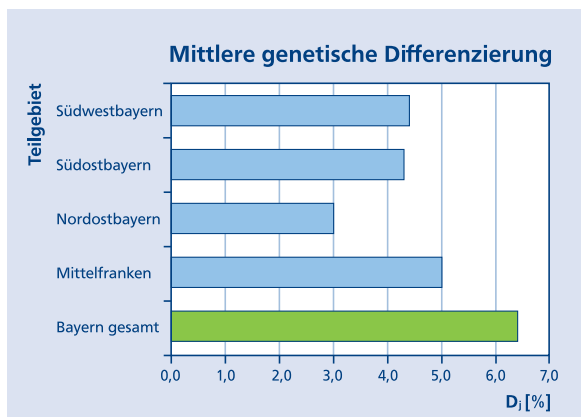


Abbildung 2: Mittlere genetische Differenzierung (D₁) zwischen Tannenpopulationen in Bayern

verjüngung) oder das Vermehrungsgut (örtlich oder aus anderen Regionen) sein. Bei einigen Beständen konnte aufgrund von Genvarianten aus anderen Teilgebieten der natürlichen Verbreitung Autochthonie ausgeschlossen werden. Hinzu kommen Zufallsverluste (sogenannte Drifteffekte) durch den sehr starken Rückgang des Tannenanteils in diesen Regionen sowie den fehlenden Genfluss zwischen den Populationen infolge starker Fragmentierung der ursprünglich viel größeren Population. Es gibt aber auch in diesen Regionen noch autochthone Tannenbestände mit hoher genetischer Diversität, die an die lokalen Bedingungen gut angepasst sind und sich zur natürlichen Verjüngung und als Erntebestände eignen. Allerdings sind Restvorkommen von nur wenigen Alt-tannen genetisch oft extrem eingengt und deshalb nicht zur Gewinnung von Saatgut geeignet.

Die genetische Heterogenität der Tannenpopulationen aus Bayern zeigt sich auch in den hohen Differenzierungswerten von über 6%. Innerhalb von Teilgebieten (z. B. Südwestbayern etc.) ist die Differenzierung geringer und liegt nur zwischen 3,0 und 4,5% (Abbildung 2).

Fichte (*Picea abies*)

Für die Fichte wurden bayernweit bislang mehr als 60 Bestände in den Alpen, dem Tertiären Hügelland, dem Frankenwald und dem Bayerischen Wald untersucht. In den Alpen wurde die genetische Variation entlang zweier Höhen transekte bei Berchtesgaden und Oberammergau (1.000 bis 1.800 m) bestimmt.

Erste Untersuchungen zur Fichte hat das ASP zwischen 1993 und 1995 mit Isoenzymgenmarkern durchgeführt. Unter Einsatz von 23 Genorten waren die genetischen Abstände zwischen den Fichtenpopulationen im Vergleich zu anderen Baumarten meist gering. Es wurden aber klare genetische Unterschiede zwischen dem Alpenbereich und den ostbayerischen Mittelgebirgen in der Art seltener Genvarianten (Genvarianten mit Häufigkeiten unter 5%) gefunden. Die genetische Vielfalt, d. h. die Anzahl der Allele, ist in den ostbayerischen Mittelgebirgen höher als im Alpenraum. In diese beiden Regionen ist die Fichte aus unterschiedlichen Refugien zurückgewandert: In die Alpen aus den Dinarischen Gebirgen, nach Nordostbayern sowohl aus den Dinarischen Gebirgen als auch aus den rumänischen Südkarpaten. Viele der heutigen Fichtenbestände sind künstlich begründet. Die festgestellten Unterschiede in

der Art der Genvarianten deuten darauf hin, dass bei der Pflanzung doch vorrangig örtliches Vermehrungsgut verwendet wurde. Bei einem regelmäßigen überregionalen Saatguttransfer hätten sich regionale Variationsmuster nicht erhalten können. Es ist wohl eher davon auszugehen, dass innerhalb einer Region das Verbringen von Saatgut aus tieferen Lagen in Hochlagen erfolgte, wo die Fruktifikation schwach und die Saatgutgewinnung beschwerlich war. Die sichere Unterscheidung von Hoch- und Tieflagentypen ist mit Isoenzymen schwierig. Nur am Genort SAP-B war es im Nationalpark Berchtesgaden teilweise möglich, autochthone Hochlagen- von Tieflagenfichten zu unterscheiden (Ruetz und Bergmann 1989; Konnert 2002).

Mit Isoenzymmarkern wurden entlang von zwei Höhen transekten in den Alpen zwischen 1.000 und 1.800 m keine Unterschiede in den genetischen Strukturen und in der genetischen Diversität der Fichtenpopulationen gefunden. Zwischen den beiden Transekten – Berchtesgaden und Oberammergau – waren die Unterschiede in der genetischen Diversität aber deutlich und haben sich auch in der Naturverjüngung erhalten (Tabelle 1).

Zurzeit prüft das ASP bei Fichtenbeständen aus dem Bayerischen Wald, ob neu entwickelte DNA-Marker sich zur Unterscheidung von Hoch- und Tieflagenfichten eignen.

In einem Pilotprojekt wurden zehn Fichtenpopulationen aus Süd- und Ostbayern mit sogenannten EST-Markern untersucht. ESTs sind kernkodierte, kodominant vererbte Marker, die sich auf exprimierte DNA-Sequenzabschnitte beziehen (Perry et al. 1999; Schubert et al. 2001). Die mit diesen Markern festgestellten genetischen Unterschiede zwischen den Fichtenpopulationen sind deutlich größer als die Unterschiede ausgehend von den Enzymgenorten. Dies zeigen sowohl die

Werte des genetischen Abstands als auch die der Gesamtdifferenzierung. Eine klinale Variation oder regionale Gliederung innerhalb Bayerns war mit diesem Markertyp bislang aber auch nicht erkennbar.

Douglasie (*Pseudotsuga menziesii*)

Bei der Douglasie wurden mehr als 300 zur Ernte zugelassene Bestände in ganz Bayern untersucht. Durch Isoenzymanalysen an elf Genorten wurden die Varietät (Küstendouglasie (grün), Inlandsdouglasie (blau) bzw. deren Übergangsform (grau)) und die genetische Diversität bestimmt. Die Beurteilung der Varietät erfolgte aufgrund der Verteilung der Genvarianten an den Genorten 6-PGDH-A und PGM-A (Klumpff 1999; Leinemann 1996; Leinemann und Maurer 1999). Die Diversität wurde in drei Stufen eingeteilt, ausgehend von allen am ASP ermittelten Werten, darunter Populationen aus den Ursprungsgebieten oder außerhalb von Bayern. Von den untersuchten Beständen waren ca. 70% reine Küstendouglasien (»grüne Douglasie«), 3% waren der Inlandsdouglasie bzw. der Übergangsform zuzuordnen (»graue« oder »blaue« Douglasie) und ca. 22% waren Mischbestände von Küsten- und Inlandsdouglasien. Bei ca. 10% der Bestände war die genetische Diversität gering, bei 60% lag sie im mittleren Bereich, während sie bei ca. 30% der Bestände als hoch einzustufen war. Bestände der Inlandsdouglasie und Mischbestände haben eine höhere Diversität als Bestände der Küstendouglasie. Dies ist aber keine Eigenheit der bayerischen Vorkommen, sondern trifft auch für Bestände im Ursprungsgebiet der Douglasie zu (Konnert und Fussi 2011; Fussi et al. 2013). Die Ergebnisse zur genetischen Variation in den bayerischen Douglasienvorkommen haben zur Bereinigung des Ernteregisters geführt. Bestände mit geringer Variation und Mischbestände wurden im Einvernehmen mit dem Besitzer aus der Zulassung genommen. Bei Neuzulassungen wird vorab

		Vielfalt		Diversität		Heterozygotie	
Transekt	Höhe	A/L		V _{gam}		H _a	
		Alt	NVJ	Alt	NVJ	Alt	NVJ
D1	1.200 m	2,35	2,22	242,1	285,1	0,179	0,185
Oberammergau	1.500 m	2,35	2,47	280,4	280,5	0,189	0,167
	1.800 m	2,26	–	202,3	–	0,167	–
D2	1.000 m	2,30	2,43	388,4	334,4	0,199	0,194
Berchtesgaden	1.500 m	2,26	2,56	410,1	343,6	0,193	0,193
	1.750 m	2,22	2,13	440,8	330,9	0,202	0,190

Tabelle 1: Genetische Variation der Fichte entlang zweier Höhen transekten in den Alpen

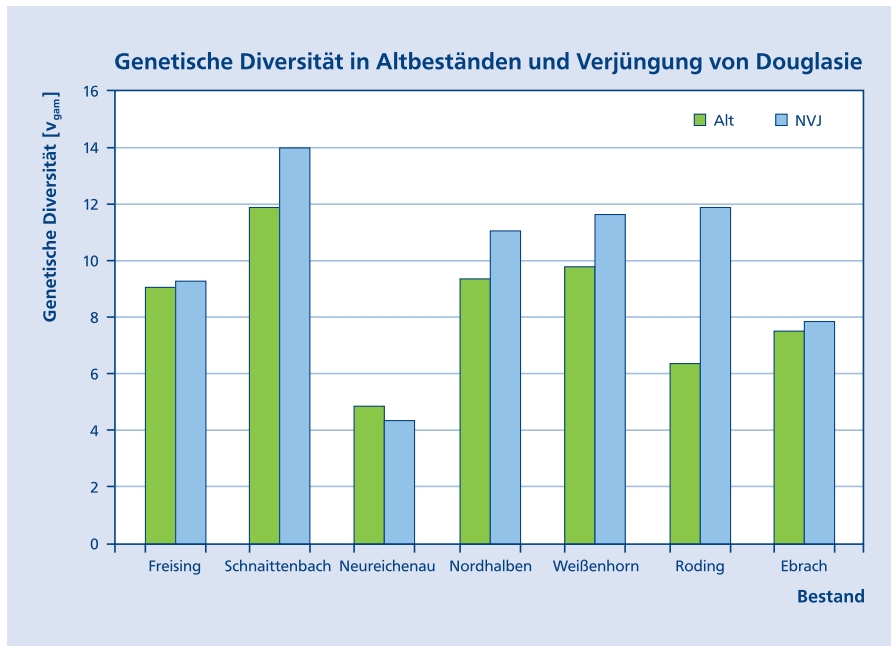


Abbildung 3:
Genetische Diversität
in Altbeständen und
Naturverjüngung von
Douglasienbeständen in
Bayern (v_{gam} ist ein Maß
für die genetische
Diversität innerhalb
eines Bestands)

die genetische Zusammensetzung des Erntebestands und der ihn umgebenden Douglasienbestände geprüft. Aktuell werden nur Bestände der Küstendouglasie mit mittlerer bis hoher Diversität zugelassen, sofern sie auch die Vorgaben des Forstvermehrungsgutgesetzes (FoVG) erfüllen. Bei ca. 30 Beständen wurde auch die Naturverjüngung genetisch untersucht und mit dem jeweiligen Altbestand verglichen. Die genetischen Unterschiede zwischen Altbestand und Verjüngung waren, bis auf fünf Bestände gering. Abbildung 3 zeigt diesen Vergleich beispielhaft für sieben Bestände.

Es gab keine Hinweise auf Inzuchteffekte in der Verjüngung. Dort, wo sich die genetische Zusammensetzung der Verjüngung von der des Altbestandes signifikant unterschied, konnte dies auf Genfluss durch Pollen oder Samen aus den meist trupp- oder horstweise eingebrachten Douglasienpopulationen im nahen Umfeld zurückgeführt werden. Wenn z. B. Individuen oder Douglasiengruppen unterschiedlicher Varietät nahe beieinander stehen, können sie in Paarungskontakt treten und hybridisieren. Über das Wuchsverhalten der Hybride ist noch wenig bekannt. Das ASP hat zwischenzeitlich ein Projekt eingeleitet, bei dem dies geprüft werden soll.

Buche (*Fagus sylvatica*)

Neben der Weißtanne ist die Buche die genetisch am intensivsten untersuchte Baumart in Bayern. Auch deutschlandweit wurden zahlreiche Untersuchungen an Buche durchgeführt (z. B. Starke et al. 1994; Tröber 1995; Turok et al. 1998; Konnert und Henkel 1997; Konnert et al. 2000; Vornam et al. 2004). In Bayern hat das ASP mit Isoenzymanalysen bislang über 130 Buchenaltbestände, ca. 200 Saat- und Sämlingspartien und die Naturverjüngung in ca. 30 Beständen untersucht. In den Alpen war ein Höhen transekt von 300 bis 1.200 m ü. NN in die Untersuchungen mit einbezogen worden und Vergleiche von Wirtschaftswäldern und Naturwaldreservaten (z. B. Konnert 1995; Hussendörfer und Konnert 1999). An der Waldklimastation Freising ist eine Fläche zum genetischen Monitoring bei Buche eingerichtet worden. Hier wird die langfristige Veränderung in der genetischen Zusammensetzung in einem regulär bewirtschafteten Buchenbestand regelmäßig untersucht. Bis auf wenige Ausnahmen kamen bei allen Untersuchungen 16 Enzymgenorte zum Einsatz.

Die genetische Variation innerhalb der Buchenbestände, d. h. die genetische Diversität ist bei allen untersuchten Buchenpopulationen hoch. Die höchste Diversität haben Bestände aus den Ostbayerischen Mittelgebirgen. Diese weisen auch am Genort PGM-A unterschiedliche genetische Strukturen gegenüber allen anderen Beständen aus Bayern und Deutschland auf (Konnert et al. 2000). Das spezifische genetische

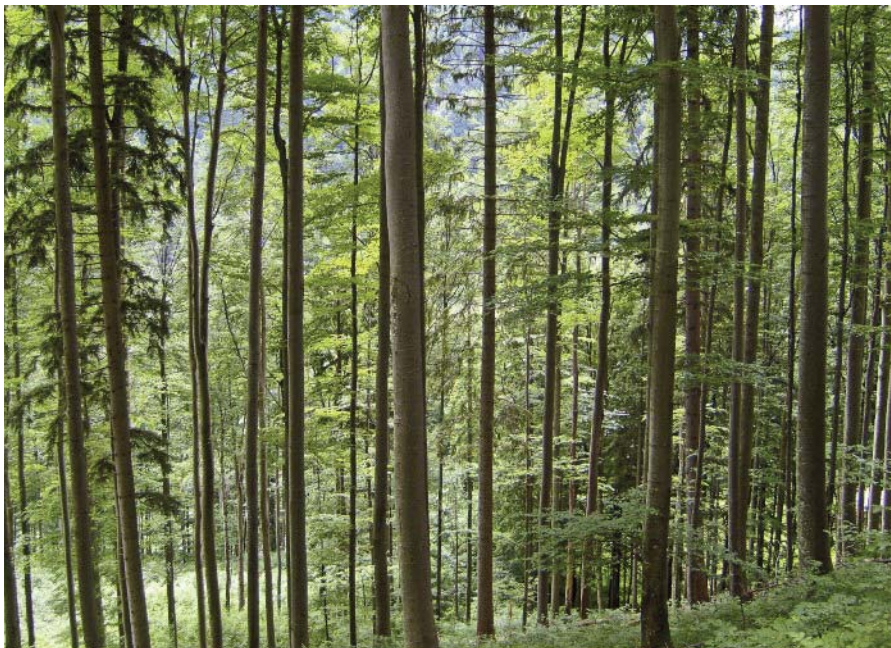


Abbildung 4:
Buchenbestand in den
Alpen Foto: ASP

Variationsmuster der Buche an diesem Genort ist auch in der Naturverjüngung sowie bei Saat- und Pflanzgut zu finden und kann daher für die Herkunftskontrolle genutzt werden. In den übrigen Regionen Bayerns gibt es keine großen Unterschiede oder regionalen Muster bezüglich genetischer Vielfalt, Diversität oder Heterozygotie. Die absoluten Werte sowie der Schwankungsbereich sind bei Samenproben etwas größer als bei den Altbeständen. Auch sind die Saatgutproben etwas stärker differenziert als die Altbestände. Diese Feststellung entspricht den Erwartungen. Bei den in den einzelnen Jahren entstandenen Samen tragen unterschiedliche Blüh- und Befruchtungsverhältnisse in den Beständen zu einer stärkeren Differenzierung der

Nachkommen aus einem Jahr bei. Bei natürlicher Verjüngung, zu der viele Samenjahre beitragen und bei der die Nachkommen der natürlichen Selektion unterliegen, werden diese Unterschiede über die Jahre geringer. Inzuchteffekte wurden weder bei den Altbeständen noch in der Verjüngung oder in den Samen beobachtet.

Die genetischen Unterschiede zwischen den Buchenbeständen sind geringer als bei den meisten anderen Baumarten mit Ausnahme der Fichte. So ist z. B. die Gesamtdifferenzierung der Weißtanne in Bayern mehr als doppelt so hoch wie die der Buche. Entlang des Höhentransektes in den Alpen wurde eine klinale Veränderung in den Häufigkeiten von Genvarianten an mehreren Genorten festgestellt. Dies spricht für eine Anpassung an die Höhenlage, wie sie auch im Schwarzwald beobachtet wurde (Löchelt und Franke 1995).

Zwischen unbewirtschafteten und bewirtschafteten Buchenwäldern wurden keine signifikanten Unterschiede in der genetischen Variation gefunden (Hussendörfer und Konnerth 1999). Allerdings ist zu berücksichtigen, dass die Zeiträume ohne Bewirtschaftung bei den untersuchten Naturwaldreservaten noch vergleichsweise kurz sind und dass viele der bewirtschafteten Buchenwälder natürlich verjüngt werden (Tabelle 2).

Genetischer Variationsparameter	Wirtschaftswälder		Naturwaldreservate	
	von	bis	von	bis
Allelische Vielfalt (Anzahl Allele pro Locus)	2,25	2,94	2,47	2,67
Diversität (effektive Anzahl Allele pro Locus)	1,27	1,45	1,32	1,40
Populationsdifferenzierung	0,21	0,31	0,25	0,28
Mittlere beobachtete Heterozygotie	0,21	0,32	0,24	0,29
Differenzierung zwischen Populationen	5%		4,8%	

Tabelle 2: Vergleich der genetischen Diversität in bewirtschafteten und unbewirtschafteten Buchenwäldern



Abbildung 5:
Samenplantage des
Bergahorn bei Laufing
(Oberbayern) Foto: ASP

Der Vergleich von Altbeständen und Verjüngung zeigte bis auf wenige Ausnahmen nur sehr geringe Unterschiede in den genetischen Strukturen. Diese gute Übereinstimmung wird immer dann gefunden, wenn bei der Verjüngung kleinräumig vorgegangen wird (z. B. Femelschlag) und wenn lange Verjüngungszeiträume mit relativ hohen Stammzahlen gewählt werden (Konnert et al. 2007). Großschirmschlag und Lochhiebe sind aus genetischer Sicht daher weniger günstig.

Bergahorn (*Acer pseudoplatanus*)

Bergahorn ist eine tetraploide Baumart. Die mit Isoenzymen erhaltenen Muster sind daher sehr komplex und schwer auswertbar. Deshalb wurden genetische Untersuchungen an Bergahorn erst mit der Entwicklung von DNA-Markern verstärkt durchgeführt. Um einen ersten Überblick zu der möglichen Variation solcher Marker innerhalb Bayerns zu bekommen, wurden zuerst Klone aus zwei Plantagen in Laufing untersucht. Dabei wurden an einem Chloroplastengenort (ccmp10) regionale Unterschiede gefunden. Klone aus Regionen östlich des Innerts (Berchtesgaden, Reichenhall, Siegsdorf, Ruhpolding) hatten vorwiegend die Variante 105. Klone, die von Regionen westlich des Innerts stammen (Schliersee, Füssen, Fall), hatten nur die Variante 102. Dieses Ergebnis wurde durch die Analyse von sechs autochthonen Bergahornpopulationen aus Südostbayern (Berchtesgaden, Reichenhall, Ruhpolding) und von vier Samenpartien aus der Genbank Laufing (Ern-

tebestand Traunstein) untermauert. In allen weiteren Regionen Bayerns trat die Variante 102 auf. Demnach eignet sich der Chloroplasten-Marker ccmp10 zur Überprüfung der großräumigen Abstammung von Samen und Pflanzen von Bergahorn.

Mittels Kernmikrosatelliten (fünf Genorte) wurden bislang ca. 30 Bergahornbestände bayernweit untersucht. Es wurde eine hohe genetische Diversität in allen Beständen festgestellt. Die genetischen Unterschiede zwischen den Beständen waren im Mittel geringer als z. B. bei der Esche, aber deutlich höher als bei Buche. Die Häufigkeiten einzelner Genvarianten schwankten stark von Bestand zu Bestand. So lag z. B. die Häufigkeit des Allels MAP2-160 zwischen 7 % und 48 %, die des Allels MAP33-166 zwischen 2 % und 32 %. Geografische Kline bei den Häufigkeiten und/oder regionale Unterschiede in der Diversität, wie z. B. bei der Tanne, wurden bei Bergahorn nicht festgestellt.

Esche (*Fraxinus excelsior*)

Vor dem Hintergrund des Eschentriebsterbens wurde vor kurzem eine Studie zur genetischen Variabilität von Esche in Bayern durchgeführt. Als Genmarker kamen Kern- und Chloroplasten-Mikrosatelliten zum Einsatz (Fussi und Konnert 2014). Einbezogen wurden ca. 30 Bestände, darunter Saatguterntebestände und Dauerbeobachtungsflächen der LWF zum Eschentriebsterben.

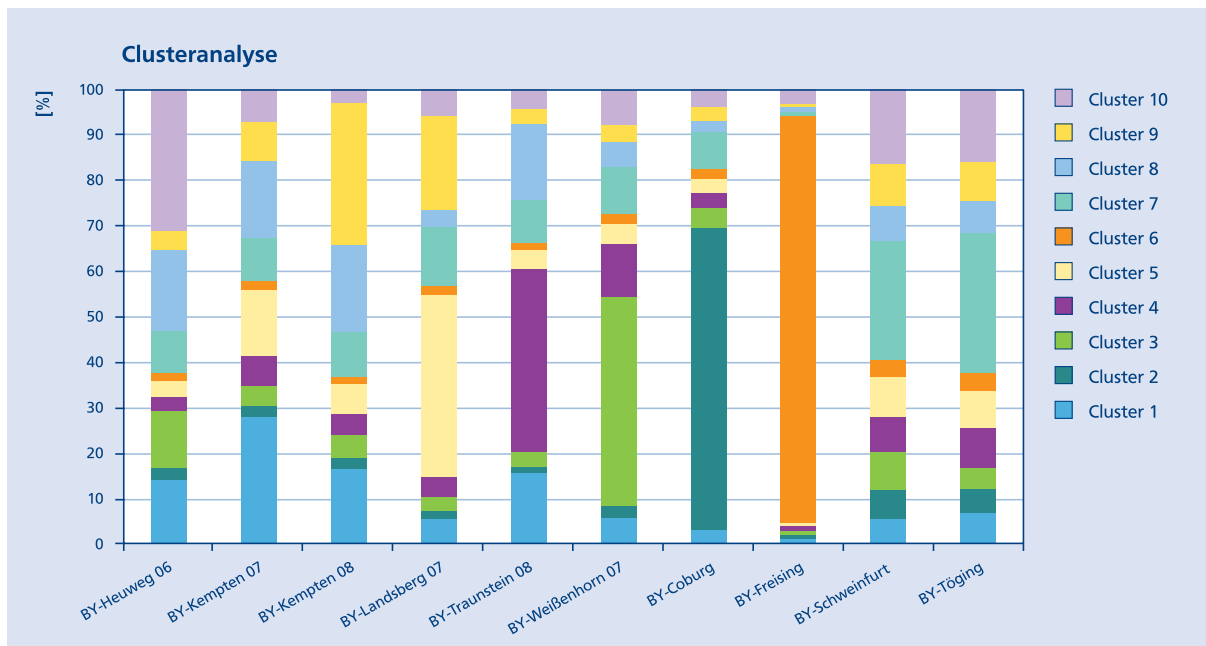


Abbildung 6: Clusteranalyse von Saatgutbeständen und Dauerbeobachtungsflächen der LWF in Bayern

Die genetische Variation ist sowohl innerhalb als auch zwischen den untersuchten Eschenbeständen hoch. Die unterschiedlichen Farbzusammensetzungen in Abbildung 6 sind ein Hinweis für diese hohen genetischen Unterschiede und zeigen, dass sich keine einheitlichen Gruppen bilden. Während bei den Kernmikrosatelliten keine geografische Gruppierung der Bestände herausgearbeitet werden konnte und viele der analysierten Bestände genetisch spezifisch waren (z. B. BY-Coburg und BY-Freising), deuten die konservativeren Chloroplastenmarker eine Ost-West-Teilung der Esche in Bayern an. Dabei ist der östliche Teil deutlich heterogener. Bestände im Südosten Bayerns enthalten meist deutlich mehr Chloroplastentypen als die aus anderen Regionen Süddeutschlands. Dies deckt sich mit anderen genetischen Untersuchungen bei dieser Baumart (z. B. Heuertz et al 2004) und wird größtenteils durch das Zusammentreffen von Rückwanderungswegen nach der letzten Eiszeit erklärt. Interessant ist, dass auch die Bergahornpopulationen in dieser Region eine größere haplotypische Vielfalt haben als im übrigen Süddeutschland. Eine hohe haplotypische Diversität wurde auch in einem Eschenbestand in Nordbayern gefunden. Da die Chloroplasten mütterlicherseits vererbt werden, ist hier die künstliche Einbringung durch das Pflanzmaterial als Ursache denkbar.

Literatur

- Fussi, B.; Dounavi, A.; Konnert, M. (2013): Identification of varieties and gene flow in Douglas-fir exemplified in artificially established stands in Germany. *Annals of Forest Research* 56 (2), S.249–268
- Fussi, B.; Konnert, M. (2014): Genetic analysis of European common ash (*Fraxinus excelsior* L.) populations affected by ash dieback. *Silvae Genetica*. In Veröffentlichung.
- Heuertz, M.; Fineschi, S.; Anzidei, M. et al. (2004): Chloroplast DNA variation and postglacial recolonization of common ash (*Fraxinus excelsior* L.) in Europe. *Molecular Ecology*, 13, S. 3437–3452
- Hussendörfer, E.; Konnert, M. (1999): Genetische Variation der Buchen in Naturwäldern. Natur- und Umweltschutz-Akademie des Landes Nordrhein-Westfalen, Recklinghausen. NUA-Seminarbericht, Band 4, S.128–139
- Klumpp, R. (1999): Untersuchungen zur Genökologie der Douglasie (*Pseudotsuga menziesii* MIRB. Franco). Dissertation der Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie der Uni Göttingen. 290 S.
- Konnert, M. (1995): Investigations on the Genetic Variation of Beech (*Fagus sylvatica* L.) in Bavaria. *Silvae Genetica* 44, S.346–351
- Konnert, M. (1996): Genetische Variation der Weißtanne (*Abies alba* Mill.) in Bayern. *Mitteilungen der Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft Gotha*, 11, (Tannensymposium 30./31.05.96 in Schwarzburg), S. 71–81

- Konnert, M. (2002): Genetische Untersuchungen im Nationalpark Berchtesgaden. Forschung im Nationalpark Berchtesgaden von 1978 bis 2001, Forschungsbericht 46, S. 49–55
- Konnert, M.; Henkel, W. (1997): Untersuchungen zur genetischen Variation der Buche (*Fagus sylvatica* L.) in Thüringen. Allg. Forst- und Jagdztg. 10, S. 182–190
- Konnert, M.; Ziehe, M.; Tröber, U.; Maurer, W.; Janßen, A.; Sander, T.; Hussendörfer, E.; Hertel, H. (2000): Genetische Variation der Buche (*Fagus sylvatica* L.) in Deutschland: Gemeinsame Auswertung genetischer Inventuren über verschiedene Bundesländer. Forst und Holz, 55. Jahrgang, 13, S. 403–408
- Konnert, M.; Hussendörfer, E.; Müller-Starck, G. (2003): Genetische Variation und Differenzierung bei Weißtanne und Lärche. AFZ/Der Wald 17, S. 864–866
- Konnert, M.; Hussendörfer, E. (2004): Genetische Variation der Weißtanne in Bayern. LWF Wissen 45, S. 30–32
- Konnert, M.; Hosius, B.; Hussendörfer, E. (2007): Genetische Auswirkungen waldbaulicher Maßnahmen – Ergebnisse, Stand und Forschungsbedarf. Forst und Holz 1, S. 8–14
- Konnert, M.; Schirmer, R. (2011): Weißtanne und Küstentanne – Herkunftsfragen und weitere genetische Aspekte. LWF Wissen 66, S. 20–27
- Konnert, M.; Fussi, B. (2012): Natürliche und künstliche Verjüngung der Douglasie in Bayern aus genetischer Sicht. Schweiz Z Forstwes 163, 3: S. 79–87
- Leinemann, L. (1996): Genetische Untersuchungen an Rassen der Douglasie (*Pseudotsuga menziesii*) (Mirb.) Franco am Beispiel gesunder und geschädigter Bestände. Göttinger Forstgenetische Berichte Nr. 23: 146 S.
- Leinemann, L.; Maurer, W. (1999): Bedeutung von Isoenzymmarkern für den Anbau der Douglasie. AFZ/Der Wald 5: S. 242–243
- Löchelt, S.; Franke, A. (1995): Bestimmung der genetischen Konstitution von Buchenbeständen (*Fagus sylvatica* L.) entlang eines Höhentransektes von Freiburg auf den Schauinsland. Silvae Genetica 44 (5-6): S. 312–319
- Perry, J. D.; Isabel, N.; Bousquet, J. (1999): Sequence-tagged site (STS) markers of arbitrary genes: the amount and nature of variation revealed in Norway spruce. Heredity 83: S. 239–248
- Ruetz, W.; Bergmann, F. (1989): Möglichkeiten zum Nachweis von autochthonen Hochlagenbeständen der Fichte (*Picea abies*) in den Berchtesgadener Alpen. Forstwissenschaftliches Centralblatt 108, Heft 3, S. 164–174
- Schubert, R.; Mueller-Starck, G.; Riegel, R. (2001): Development of EST-PCR markers and monitoring their intrapopulation genetic variation in *Picea abies* (L.) Karst. Theor Appl Genet 103: S. 1223–1231
- Starke, R.; Hattemer, H. H.; Ziehe, M.; Vornam, B.; Turok, J.; Herzog, S.; Maurer, W.; Tabel, U. (1994): Genetische Variation an Enzymgenloci der Buche. Allg. Forst- und Jagdztg. 166, S. 161–167
- Tröber, U. (1995): Genetic variation in Saxon beech populations (*Fagus sylvatica* L.). In Madsen, S.F. (ed). Genetics and Silviculture of Beech. Proceedings 5th IUFRO Beech Symposium, Horsholm, S. 168–179
- Turok, J.; Starke, R.; Ziehe, M.; Hattemer, H.H. (1998): Genetische Differenzierung rheinland-pfälzischer Buchenbestände an Enzymgenloci. Allg. Forst- und Jagdztg. 169, S. 126–135
- Vornam, B.; Decarli, N.; Gailing, O. (2004): Spatial distribution of genetic variation in a natural beech stand (*Fagus sylvatica* L.) based on microsatellite markers. Conservation genetics 5 S. 561–570

Keywords: genetic variation, gene marker, *Abies alba*, *Picea abies*, *Pseudotsuga menziesii*, *Fagus sylvatica*, *Acer pseudoplatanus* and *Fraxinus excelsior*.

Summary: The term »genetic variation« encompasses the variation of the hereditary material of individuals within and between populations. It also applies for forest trees (individuals) and stands (populations). Knowledge about the geographic pattern of genetic variation is an important decision-making tool for conservation, as well as for selection and use of forest reproductive material. Genetic variation of forest populations in a specific area is described based on genetic markers in the frame of forest inventories. In Bavaria, genetic inventories have been carried out by the ASP for important tree species like *Abies alba*, *Picea abies*, *Pseudotsuga menziesii*, *Fagus sylvatica*, *Acer pseudoplatanus* and *Fraxinus excelsior*. Results from these inventories are summarized.