

Genetische Untersuchungen von Hähersaaten

Bernhard Hosius, Ludger Leinemann, Peter Röhe, Wolfgang Voth

Für den Waldbauer ist es wichtig zu wissen, ob die durch den Häher entstandenen Verjüngungen stets nur von Eichen in der unmittelbaren Nachbarschaft oder auch von weiter entfernt vorkommenden Bäumen oder Beständen abstammen. Auf der Basis von Elternschaftsanalysen lassen sich die Beteiligung der Altbäume an der Hähersaat nachweisen sowie Transportdistanzen von Eicheln durch den Eichelhäher ermitteln. Die Genmarkeranalysen erlauben darüber hinaus die genetische Vielfalt und Diversität in der Häherverjüngung in Relation zu Referenzbeständen zu ermitteln und zu bewerten. Ziel einer von der Landesforstverwaltung Mecklenburg-Vorpommern initiierten Untersuchung war es, mithilfe von Genmarker-Analysen Entscheidungshilfen im Hinblick auf die Eignung von Hähersaaten beim Umbau von Kiefernbestockungen zu erhalten.

Das Ausschlussprinzip

Bei der Analyse der Elternschaft können grundsätzlich solche Bäume als Eltern ausgeschlossen werden, die an einem der untersuchten Genorte keine mit dem Nachkommen übereinstimmende Erbinforma-

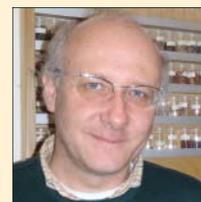
tion besitzen. Beim Ausschlussprinzip sind daher immer vier Fälle zu unterscheiden:

- Für einen Nachkommen werden beide Eltern ermittelt.
- Für einen Nachkommen kann kein möglicher Elternbaum ermittelt werden. Die Eltern lie-

gen außerhalb des Kollektivs untersuchter Elternbäume.

- Nur ein einziger möglicher Elternbaum wurde ermittelt. Pollen und Eizellenbeitrag stammen vom selben Baum. Der Nachkomme stammt aus Selbstbefruchtung.
- Mehrere 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.

Bernhard Hosius
bernhard.hosius@isogen.de



Material und Methoden

Die Basis der Untersuchung zu den Transportentfernungen (Migrationsdistanzen) stellt eine Elternschaftsanalyse dar. Zu diesem Zweck wurden aus Hähersaat hervorgegangene Jung-eichen auf einer forstlichen Versuchsfläche untersucht. Die Versuchsfläche liegt nördlich der Ortschaft Heidhof und westlich der Ortschaft Raddenfort im südwestlichen Mecklenburg nahe der Elbe (Abb. 1). Die Fläche ist gezäunt und mit einem Netz von Probeflächen ausgestattet. Hier wurden an 21 Punkten jeweils die fünf nächsten aus Hähersaat stammenden Eichen beprobt (N = 105) und die geografischen Koordinaten der Kreismittelpunkte erfasst. Als Untersuchungsmaterial dienten Blattknospen im Ruhezustand.

Im Umkreis von 1,5 km um die Versuchsfläche wurden desweiteren sämtliche potentiellen Elternbäume (N = 352) mit ihren geografischen Koordinaten erfasst. Bei den Bäumen handelt es sich um vitale, großkronige Eichen, die selten im Bestand, sondern meist an den Rändern der weit verbreiteten Kiefernbestände stocken. Es wurden alle Bäume beprobt, von denen angenommen werden konnte, dass sie Mast tragen. In den Dörfern und an den Alleen wurden ebenfalls von nahezu allen solitär stehenden älteren Eichen Proben gewonnen und deren geografische

Koordinaten ermittelt. Mit diesen Daten lassen sich Erkenntnisse über Abstammung und Migrationsdistanzen der verjüngten Eichen feststellen.

Ergänzend dazu wird die genetische Diversität an Isoenzym-Genmarkern errechnet und im Vergleich mit mehreren in Mecklenburg-Vorpommern zur Saatgutgewinnung amtlich zugelassenen Erntebeständen und einem Eichenbestand im Müritzer Nationalpark bewertet.

DNA-Untersuchungen wurden an insgesamt 4 Kern-Mikrosatelliten-Genorten ZAG 1/5, ZAG 110, ZAG 11 und ZAG 9 vorgenommen [3]. Die Isoenzym-Analysen wurden mit auf die Eichenarten angepassten Standardmethoden [4] durchgeführt. Aus der Vielzahl der zur Verfügung stehenden Enzymsysteme wurden die Systeme IDH-B, PGI-B, 6-PGDH-A, PGM-A, SKDH-A, GOT-B und MNR-A verwendet. Die genetische Analyse der verwendeten Systeme wurde von Müller-Starck [2] und Zanetto [5] etabliert.

Alle Berechnungen zu Isoenzymen wurden mit dem Programm GSED durchgeführt. Für die Aufbereitung der geografischen Daten wurde Garmin MapSource, Version 6.16.3 und für die Analyse der Elternschaft wurde das Programm PAPA [1] verwendet.

Migrationsdistanzen und Elternschaftsanalyse

Für den überwiegenden Teil der Bäume (N = 282) konnte eine Elternschaft für die Häherverjüngung ausgeschlossen werden. Von sämtlichen untersuchten Altbäumen sind damit 70 potentielle Eltern der Häherverjüngung ermittelt. Dabei konnten eine bis maximal 5 Elternschaften angenommen werden. Mit dem Begriff Elternschaft ist dabei die Weitergabe des väterlichen oder mütterlichen Anteils gemeint. Es ist dabei zu beachten, dass die Nachkommen theoretisch auch von anderen, nicht untersuchten Bäumen mit demselben Multi-locus-Genotyp abstammen könnten. Dies ist jedoch aufgrund der Anzahl der untersuchten Marker und ihrer hohen Variabilität nicht sehr wahrscheinlich.

Da von jedem Elternbaum die geografischen Koordinaten mit einer Genauigkeit von 10 m vorliegen, können, nachdem die Elternschaft geklärt ist, Migrationsdis-



Abb. 1: Lage des Vorkommens und der Probekreise sowie Übersicht über die potentiellen Elternschaften der Alteichen.



Abb. 2: Beispiele für Pollen- und Samentransporte.

tanzen errechnet werden. Für sämtliche Berechnungen gilt dabei die Annahme, dass der Pollen jeweils die weitere Strecke zurückgelegt hat als der Same (Eichel). Diese Annahme ist notwendig, da bei der Untersuchung der Eicheln nicht ermittelt werden kann, welche Erbanlage über den Pollen oder über die Eizelle in den Samen eingegangen ist.

Aus Abb. 1 geht hervor, dass tatsächlich die meisten Eltern im südlichen Nahbereich der Probekreise stocken. Hier stehen auch die meisten Bäume, für die eine mehrfache Elternschaft angenommen werden kann. Dennoch finden sich Elternbäume auch in weiter entfernt liegenden Waldflächen, Alleen oder im Dorf Raddenfort. Einige Elternbäume stehen sehr weit entfernt (max. 2 644 m) von ihrem Nachkommen.

Die Ergebnisse der Untersuchung über die Migrationsdistanzen können in drei Standardfälle aufgeteilt werden:

- 1. Kurzer Pollentransport und weiter Samentransport:** Am nördlichen Rand des untersuchten Vorkommens konnten für einige Eichen Elternschaften in den Probekreisen nachgewiesen werden (Abb. 2, Ziffer 1): Neben dem Paar 1120 x 1130 mit einem gemeinsamen Nachkommen im Probekreis 12 gibt es das eng benachbart stehende Paar 1097 x 1101 mit einem Nachkommen im Probekreis 11. In diesen Fällen kann mit Sicherheit behauptet werden, dass die Befruchtung über kurze Distanz erfolgte, während der Same später vom Häher mehr als 1,5 km weit transportiert wurde.
- 2. Kurzer Pollen- und kurzer Samentransport:** Das Paar 1029 x 1040 hat 2 Nachkommen im Probekreis 3 (Abb. 2, Ziffer 2). Beide Bäume haben oft und überdurchschnittlich stark fruktifiziert, denn sie haben insgesamt vier (1040) bzw. fünf (1029) Elternschaften in den

Probekreisen. Ein Nachkomme des Paares 1059 x 1075 wurde im Probekreis 20 nachgewiesen. In diesen Fällen kann nicht geklärt werden, welcher der Bäume den väterlichen Anteil und welcher den mütterlichen Anteil geliefert hat, da die Transportentfernungen relativ ähnlich sind.

- 3. Weiter Pollentransport und weiter Samentransport:** Bei einigen durch Häher verjüngten Eichen konnte sowohl ein weiter Pollentransport als auch ein weiter Samentransport beobachtet werden (Abb. 2, Ziffer 3). Die am nördlichen Rand des Vorkommens stockenden Eichen paarten sich mit Dorfeichen in Raddenfort (1142 x 1315, 1147 x 1314, 1152 x 1309). In diesen Fällen kann nicht ermittelt werden, welcher der Bäume den väterlichen und welcher den mütterlichen Anteil geliefert haben. Möglicherweise ist der Pollen jedoch aufgrund der vorherrschenden Windrichtung von den Eichen am Waldrand zu den Dorfeichen geweht worden. Letztere werden nach Auskunft der Bewohner alljährlich stark von Hähern frequentiert.

Migrationsdistanzen

Die Mehrzahl der Eicheln wurden über Entfernungen zwischen 200 und 600 m transportiert, die durchschnittliche Migrationsdistanz für die Eicheln beträgt 560 m (Abb. 3). Die weiteste Transportentfernung einer Eichel wurde mit 1,6 km bestimmt.

Die Aufspaltung der Migrationsdistanzen für Pollen ist erwartungsgemäß größer als bei den Samen. Als geringste Entfernung wurden 10 m gemessen, in 16 Fällen liegt die Migrationsdistanz unter 100 m. 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 m steigt jedoch die Unsicherheit: Die nicht untersuchten Bäume gehörten möglicherweise zu nicht herrschenden

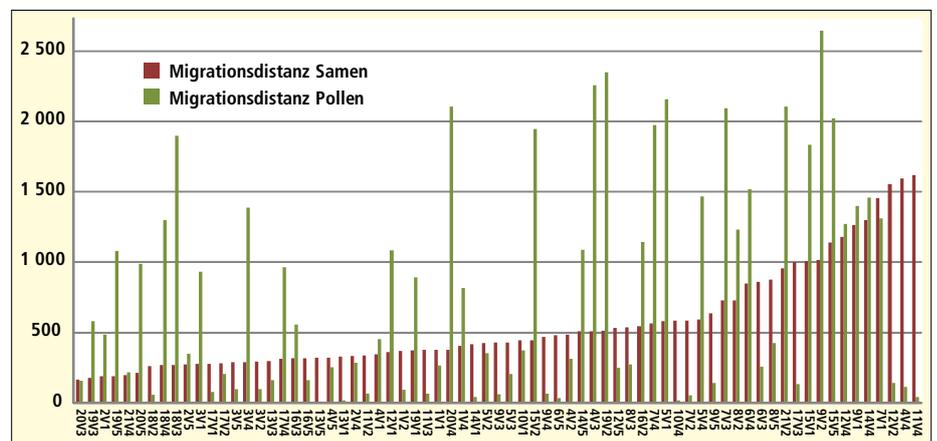
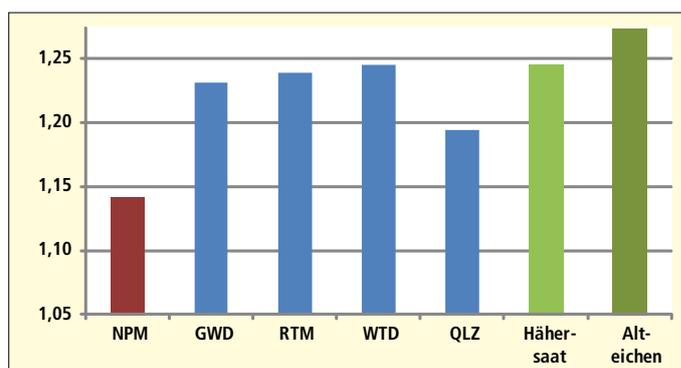


Abb. 3: Angenommene Migrationsdistanzen für Pollen und Samen, X-Achse: Probekreisnummer und Baumnummer, Y-Achse: Entfernung in Meter.

Baumklassen. Tatsächlich besteht jedoch durchaus die Möglichkeit, dass auch sie einen (kleinen) Teil zum Paarungsgeschehen, insbesondere über Pollen, beigetragen haben. Das Ergebnis zeigt, dass um eine gegebene Fläche eine Vielzahl von potentiellen Eltern existiert und die Verjüngung keineswegs allein von wenigen direkt benachbarten Bäumen abstammen muss. Dies gilt für Pollen und Samen in gleicher Weise!

Abb. 4: Genetische Diversitäten
(NPM = Nationalpark Müritz, GWD = Greifswald, RTM = Rothemühl, WTD = Weitendorf)



Zur Nutzung von Hähersaaten

• Qualität

Bereits die Auswertung der genetischen Strukturen hat gezeigt, dass die Mehrzahl der durch Hähersaat entstandenen Naturverjüngung von Altbäumen aus der nahen Nachbarschaft abstammt. Dieses bedeutet für den Waldbauern, dass er grundsätzlich Hähersaaten nutzen kann und sollte, wenn die benachbarten Alteichen seinen Anforderungen an Wachstum und insbesondere auch Qualität entsprechen. Es macht sicherlich keinen Sinn, Hähersaaten mit dem Ziel der Wertholzproduktion zu übernehmen, wenn in der Nachbarschaft lediglich Alteichen von geringer Qualität stocken. Es kann davon ausgegangen werden, dass Erbanlagen, welche für negative Qualitätseigenschaften verantwortlich sind, in gleichem Maße vererbt werden, wie mit Isoenzymen und DNA-Markern nachgewiesen wurde.

Im Falle der hier untersuchten Fläche kann sehr wenig über die voraussichtliche Qualität der Hähersaaten gesagt werden, da viele der Alteichen als Alleebäume ein für diese typisches Erscheinungsbild entwickelt haben. Ob und in welchem Maße die Nachkommenschaft bei Aufwuchs im geschlossenen Bestand den üblich hohen qualitativen Anforderungen in der Eichenwirtschaft gerecht werden kann, muss somit eine offene Frage bleiben.

• Genetische Diversität

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. Es ist jedoch allgemeiner Konsens, dass ein hohes Maß an genetischer Vielfalt und Diversität bei der Verjüngung erhalten werden soll (§ 1 Forstvermehrungsgutgesetz). Eine hohe genetische Diversität signalisiert ein gewisses Reaktionsvermögen der betreffenden Population auf sich ändernde Um-

weltbedingungen wie zum Beispiel dem Klimawandel.

Ein kurzer Vergleich der genetischen Diversität 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 (Abb. 4). Es zeigt sich, dass die beiden Kollektive Altbestand und Hähersaat eine überdurchschnittliche Genpooldiversität aufweisen. Dafür können zwei Ursachen vermutet werden:

- Erstens ist die untersuchte Stichprobengröße bei Altbestand und Hähersaat größer als bei den Vergleichsbeständen, wodurch der Parameter etwas verzerrt wird.
- Zweitens stammen die zugelassenen Erntebestände und wahrscheinlich auch der Bestand im Nationalpark Müritz aus einem Jahrgang und aus jeweils einem einzigen Bestand. Die über mehrere Dörfer und Waldränder verteilten Alteichen, aus denen die Hähersaaten kamen, stammen dagegen wahrscheinlich aus vielen verschiedenen Quellen und sicher aus verschiedenen Jahrgängen, so dass sich die höhere genetische Diversität aus der Entstehungsgeschichte erklären lässt.

Erstaunlich ist jedoch, dass sehr viele dieser verschiedenen Erbanlagen auch weitergegeben werden, denn auch das Kollektiv Hähersaat ist besonders divers. Selbst wenn, wie in dieser Untersuchung nachgewiesen, einige Bäume deutlich mehr zur Verjüngung durch Hähler beigetragen haben als andere, so wird das Kollektiv der Alteichen dennoch sehr gut und gleichmäßig repräsentiert.

Aus genetischer Sicht kann aufgrund dieses Befundes keinerlei Ablehnung der Hähersaaten resultieren, wenn eine genügend große Anzahl ($N > 20$, vergl. FoVG) Alteichen in der Nachbarschaft vorhanden ist.

Nach den vorliegenden Ergebnissen beschränkt sich die „Nachbarschaft“ nicht allein auf nahe Bäume, sondern umfasst auch über 1,5 km entfernte Bäume. Damit ist die Nachbarschaft, also das Kollektiv potentiell möglicher Eltern, deutlich grö-

ßer als das der wenigen offensichtlich in der Nähe befindlichen Alteichen.

Folgerungen

Die Naturverjüngung aus Hähersaat hat sehr große genetische Ähnlichkeit zu den Eichenvorkommen in der Nachbarschaft. Die Naturverjüngung stammt von vielen verschiedenen Altbäumen ab, wenngleich einige Alteichen einen besonders hohen Fortpflanzungserfolg hatten.

Die Migrationsdistanz für Eicheln auf der untersuchten Fläche liegt überwiegend im Bereich bis 600 m. Es wurden jedoch auch „Ferntransporte“ über Distanzen von mehr als 1,5 km nachgewiesen. Die Migrationsdistanz für Pollen liegt ebenfalls hauptsächlich im Bereich bis 600 m, es wurden jedoch auch Distanzen von mehr als 2,5 km nachgewiesen.

Die Naturverjüngung aus Hähersaat kann aus Sicht der Forstgenetik ohne weiteres übernommen werden, wenn eine ausreichend große Anzahl Alteichen in direkter Nachbarschaft vorhanden ist. Eine Beurteilung des qualitativen Potentials der Hähersaat ist demgegenüber auf Grund einer Vielzahl an Einflussfaktoren schwierig, muss sich aber bei räumlicher Betrachtung vor allem auf Altbäume in kurzer Entfernung richten.

Literaturhinweise:

- [1] DUCHESSNE, P.; GODBOUT, M.-H.; BERNATCHEZ, L. (2002): PAPA (Package for the Analysis of Parental Allocation): A computer program for simulated and real parental allocation. *Molecular Ecology Notes*. 2. [2] MÜLLER-STARCK, G.; ZANETTO, A.; KREMER, A.; 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. [3] Steinkellner H.; Fluch S.; Turetschek E.; Lexer, C.; Streiff, R.; Kremer A.; Burg, K.; Glössl, J. (1997): Identification and characterization of (GA/CT)n-microsatellite loci from *Quercus petraea*. *Plant Molecular Biology* 33: 1093-1096. [4] WENDEL, J. F.; 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. [5] ZANETTO, A.; KREMER, A.; MÜLLER-STARCK, G.; HATTEMER, H. H. (1996): Inheritance of isoenzymes in pendunculate oak (*Quercus robur*). *Journal of heredity* 87: 364-370.