
Seltene Baum- und Straucharten im forstgenetischen Labor

Eva Cremer, Barbara Fussi und Monika Konnert

Schlüsselwörter: Genetische Variation, Genetische Marker, Eibe (*Taxus baccata*), Elsbeere (*Sorbus torminalis*), Schwarzpappel (*Populus nigra*), Hartriegel (*Cornus sanguinea*)

Zusammenfassung: Seltene Baum- und Straucharten sind wichtige Komponenten unserer Wälder und Landschaften, die langfristig erhalten werden müssen. Als zuständige Stelle für die Erhaltung forstlicher Genressourcen in Bayern beschäftigt sich das ASP mit genetischen Analysen bei seltenen Baum- und Straucharten. Für die Baumarten Eibe (*Taxus baccata*), Elsbeere (*Sorbus torminalis*), Schwarzpappel (*Populus nigra*) und die Strauchart Hartriegel (*Cornus sanguinea*) werden die Ergebnisse genetischer Untersuchungen und ihre Bedeutung für Generhaltung und Herkunftskontrolle beschrieben.

Einleitung

Die Vorkommen seltener Baum- und Straucharten sind häufig räumlich isoliert und/oder bestehen nur noch aus wenigen Individuen, so dass die Gefahr einer genetischen Einengung (Verarmung) besteht. Durch gezielte Erhaltungsmaßnahmen soll dem entgegen gewirkt werden. Die Forstgenetik kann dafür wichtige Entscheidungshilfen erarbeiten, indem sie die genetische Variation in den Vorkommen und die genetischen Unterschiede zwischen diesen aufdeckt sowie genetische Prozesse wie Inzucht und Genfluss durch Pollen und Samen analysiert. Sie bedient sich dabei sogenannter Genmarker, durch die die Variation an bestimmten Abschnitten des Genoms erfasst werden kann. Für viele seltene Baumarten wie *Sorbus*-Arten, Eiben, Schwarzpappel, Wildapfel etc. stehen entsprechende genetische Marker bereits zur Verfügung. Für ausgewählte Straucharten werden solche Marker zurzeit entwickelt. Dies auch vor dem Hintergrund des neuen Bundesnaturschutzgesetzes, das vorgibt, dass ab 2020 in Deutschland nur einheimische Gehölze aus regionaler Herkunft (sogenannte gebietseigene Herkünfte) verwendet werden dürfen. Zur Überprüfung der Einhaltung dieser Vorgaben können genetische

Vergleichsanalysen unter Verwendung von genetischen Markern verwendet werden.

Ergebnisse

Eibe (*Taxus baccata*)

Um den Gefährdungsgrad von zehn als selten eingeschätzten Baumarten in Deutschland abschätzen zu können, darunter auch die Eibe, hat das Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) das Vorhaben »Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener Baumarten in Deutschland« initiiert und finanziell gefördert (Kätzel et al. 2011). In dem Verbundvorhaben unter Beteiligung mehrerer Fachinstitutionen in Deutschland wurden auch genetische Analysen an ausgewählten Vorkommen durchgeführt, um deren genetische Diversität und Differenzierung zu bestimmen. Das ASP hat im Rahmen dieses Projektes 14 Eibenvorkommen in ganz Deutschland genetisch untersucht. Die Vorkommen verteilten sich auf Baden-Württemberg (1), Bayern (5), Thüringen (2), Rheinland-Pfalz (1), Niedersachsen (1), Nordrhein-Westfalen (1), Brandenburg (1) und Mecklenburg-Vorpommern (2). Die Auswahl der Bestände und die Probenbereitstellung erfolgten durch das Forstbüro Ostbayern. Die bayerischen Vorkommen lagen bei Gössweinsteig, Paterzell, Kelheim, Thumsee und im Bayerischen Wald.

Die Proben sind an 14 Isoenzym-Genorten untersucht worden: AAT-A, AAT-B, ADH-A, IDH-A, IDH-B, LAP-A, LAP-B, MDH-C, MNR-A, PEPCA, 6-PGDH-A, PGI-B, PGM-A, SDH-B. Diese Marker sind auf ihre genetische Kontrolle hin getestet (Hertel 1996; Lewandowski et al. 1992) und wurden auch in anderen Arbeiten erfolgreich bei der Eibe eingesetzt (Klumpp und Dhar 2011; Lewandowski et al. 1995; Tröber et al. 2004). Die genetische Vielfalt, d. h. die mittlere Anzahl der Genvarianten je Genort, zeigte nur geringe Unterschiede zwischen den Vorkommen und lag zwischen 2,00 (MV_AltKarin) bis 2,50 (TH_Veronikaberg). Demgegenüber ist die genetische Diversität (V_{gam}) mit Werten von 40,00 (RP-Brodendbachtal) bis 946,51 (NI-Neuenburger) stark unterschiedlich (Abbildung 1). Hervorzuheben ist die

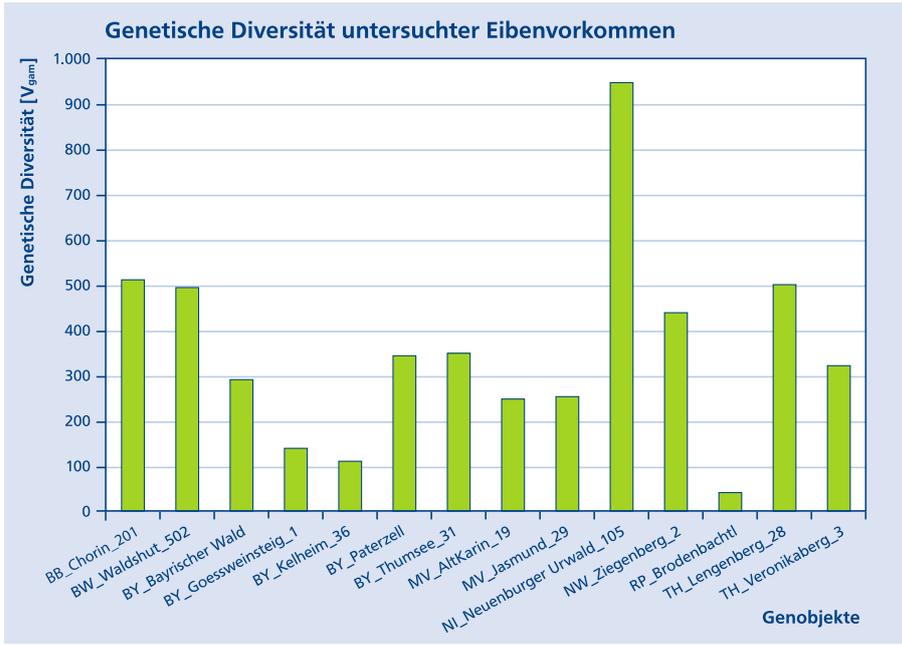


Abbildung 1:
Genetische Diversität (V_{gam}) in den untersuchten Eibenvorkommen. V_{gam} ist ein Maß für die Anzahl verschiedener Keimzellen (Gameten), die von einer Population gebildet werden können

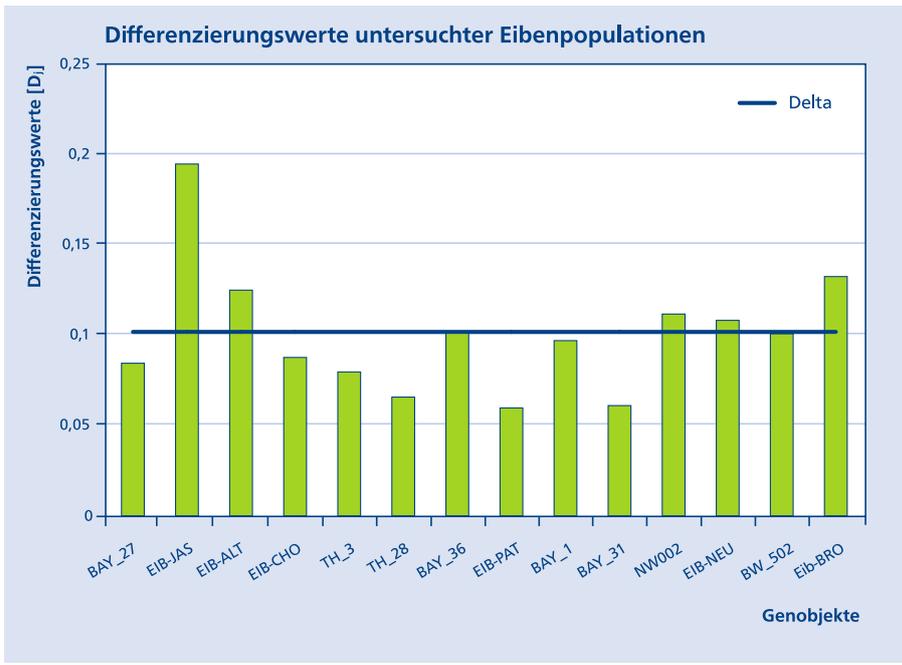


Abbildung 2:
Differenzierungswerte (D_i) der untersuchten Eibenpopulationen. Die blaue Linie zeigt die mittlere Differenzierung aller Populationen mit $\delta = 10\%$ an.

geringe Diversität in den bayerischen Vorkommen aus Kelheim ($V_{gam} = 110,08$) und Gössweinsteig ($V_{gam} = 138,67$).

Der genetische Abstand zwischen den Eibenvorkommen ist ebenfalls sehr hoch und liegt zwischen 7% und 23%. Werte über 10% sind als vergleichsweise hoch einzustufen und gelten als ein Indiz für hohe genetische Unterschiede zwischen den Populationen. Der höchste Abstand wurde mit 23% zwischen den Vorkommen MV_Jasmund und BY_Kelheim sowie MV_Jasmund und TH_Veronikaberg gefunden. Dem-

gegenüber ist der Abstand zwischen den bayerischen Vorkommen aus dem Bayerischen Wald und von Paterzell bzw. Thumsee mit nur 7% am geringsten. Eine Clusteranalyse, die auf dem genetischen Abstand aufbaut, zeigt eine deutliche Nord-Süd-Trennung: Bestände aus Süddeutschland (Baden-Württemberg, Bayern, Thüringen) bilden eine Gruppe, die sich klar von den anderen Beständen absetzt.

Betrachtet man den Gesamtpool aller untersuchten Bestände, so ergibt sich eine Differenzierung von 10% (Abbildung 2). Dieser als hoch einzuschätzende Wert



Abbildung 3: Foto Eibe Foto: G. Huber

ist ein weiterer Indikator für die genetische Heterogenität der Eibenvorkommen aus Deutschland. Am wenigsten differenziert und damit am repräsentativsten für den Gesamtpool sind die Bestände Paterzell und Thumsee aus Bayern sowie Lengenbergl und Veronika-berg aus Thüringen. In Verbindung mit der vergleichsweise hohen Diversität in diesen Vorkommen erscheinen sie für die Generhaltung bei dieser Baumart neben dem Vorkommen aus Niedersachsen mit extrem hoher Diversität sehr gut geeignet.

Aufgrund der klaren genetischen Unterschiede zwischen den Eiben in Süd- und Norddeutschland sollten bei Generhaltungsmaßnahmen Vorkommen aus beiden Regionen einbezogen werden.

Elsbeere (*Sorbus torminalis*)

Auch die Elsbeere gehört zu den seltenen und gefährdeten Baumarten, die in dem oben genannten Projekt (siehe Eibe) erfasst und deren genetische Variation anhand ausgewählter Vorkommen am ASP untersucht wurde. Da bei der Elsbeere vegetative Vermehrung bekannt ist, wurde ein weiteres Augenmerk auf die Auswertung von klonalen Strukturen innerhalb der Bestände gelegt. Bei 17 Elsbeerenvorkommen verteilt über ganz Deutschland, darunter drei Vorkommen aus Bayern (Tabelle 1), wurde eine DNA-Analyse an jeweils 20 bis 30 Individuen pro Vorkommen mittels folgender Kernmikrosatelliten durchgeführt: MSS1, MSS5, MSS6, MSS9, MSS13, MSS16 (Ouddou-Muratorio et al. 2001); CH01h01 (Gianfranceschi et al. 1998) und CH02c09 (Liebhard et al. 2002).

Insgesamt wurden an den acht untersuchten Mikrosatelliten 138 Genvarianten (Allele) nachgewiesen. Die genetische Vielfalt, d.h. die mittlere Anzahl der Genvarianten je Genort, variiert in den Elsbeerenvorkommen zwischen 3,63 (BB_Prehlitzwerder) und 10,88 (BY_Iphofen). Diese Unterschiede sind als sehr hoch

einzuschätzen. In dreizehn der untersuchten Populationen wurden Allele gefunden, die spezifisch für die jeweilige Population sind und in anderen Populationen nicht vorkommen (private Allele). Den größten Anteil privater Allele weist die Population BW_Birkensohl auf. Die genetische Diversität liegt für alle untersuchten Vorkommen zwischen 2,36 (BB_Prehlitzwerder) und 5,81 (BY_Iphofen) (Abbildung 4).

Vergleichsweise geringe Diversitäten weisen die Vorkommen Prehlitzwerder (Brandenburg), Klepeshagen (Mecklenburg-Vorpommern) und Messel (Hessen) auf. Die süddeutschen Vorkommen aus Baden-Württemberg und Bayern zeichnen sich, ebenso wie die Vorkommen Soonwald (Rheinland-Pfalz) und Utzberg (Thüringen), durch eine hohe Diversität aus.

Die beobachtete Heterozygotie ist in allen Populationen vergleichbar hoch (zwischen 75% und 86%). Bei der erwarteten Heterozygotie schwanken die Werte sehr stark und liegen zwischen 54% (BB_Prehlitzwerder) und 80% (BY_Iphofen). Der geringe Wert bei der Population BB_Prehlitzwerder zeigt eine starke Abweichung von der Gleichverteilung (unter Hardy-Weinberg-Strukturen) und einen Überschuss an homozygoten (reinerbigen) Individuen an. Dies kann eine Folge der in diesem Bestand besonders ausgeprägten klonalen Strukturen sein (Tabelle 1). Unter den 20 Indi-

Population	N Proben	N Klone	N Individuen je Klon	N Genotypen
BB_Bredow	25	1	2	24
BB_Prehlitzwerder	20	3	2-5	15
BW_Birkensohl	31	3	2	28
BW_Lerchenberg	27	1	2	26
BW_Obergriesbach	26	3	2	23
BY_Herrsching	29	1	2	28
BY_Iphofen	30	1	2	28
BY_Neumarkt	30	0	-	30
HE_Messel	25	1	3	23
HE_Schwalmtal	27	1	2	25
MV_Klepeshagen	24	5	2-3	18
NI_Wettensen	25	2	2	23
NW_Eschweiler	30	4	2-3	25
RP_Soonwald	30	4	2	26
SN_Ziegenbusch	29	0	-	29
ST_Ziegelroda	25	0	-	25
TH_Utzberg	30	3	2	27
Gesamt	463	33	2-5	423

Tabelle 1: Klonale Strukturen innerhalb der untersuchten Elsbeerenvorkommen

viduen aus diesem Vorkommen sind drei Klone (d. h. Individuen) – mit exakt demselben Genotyp an allen Mikrosatellitenorten (gleicher Multilocus-Genotyp), mit jeweils 2–5 Ramets (Wiederholungen desselben Klons) gefunden worden. In den anderen Beständen schwankt die Anzahl der Klone innerhalb der Vorkommen zwischen 0 (BY_Neumarkt, SN_Ziegenbusch, ST_Ziegelroda) und 5 (MV_Klepelshagen). Die Anzahl der Individuen je Klon beträgt bis auf eine Ausnahme (ein Klon in BB_Prehlitzwerder) jeweils zwei oder drei. Aufgrund dieser klonalen Strukturen liegt die Anzahl unterschiedlicher Multilocus-Genotypen bei nur 423,

obwohl 463 verschiedene Elsbeeren untersucht wurden.

Die Schwankungsbreite der genetischen Abstände zwischen den Elsbeerenvorkommen ist mit 15% bis 82% sehr hoch. Bei Verwendung dieser sehr variablen Genmarker sind Werte über 50% als vergleichsweise hoch einzuschätzen und ein Indiz für hohe genetische Unterschiede zwischen den Vorkommen. Der höchste Abstand wurde mit 82% zwischen den Vorkommen BB_Prehlitzwerder und BY_Neumarkt gefunden. Demgegenüber ist der Abstand zwischen den drei Vorkommen aus Baden-Württemberg (Birkensohl, Ler-

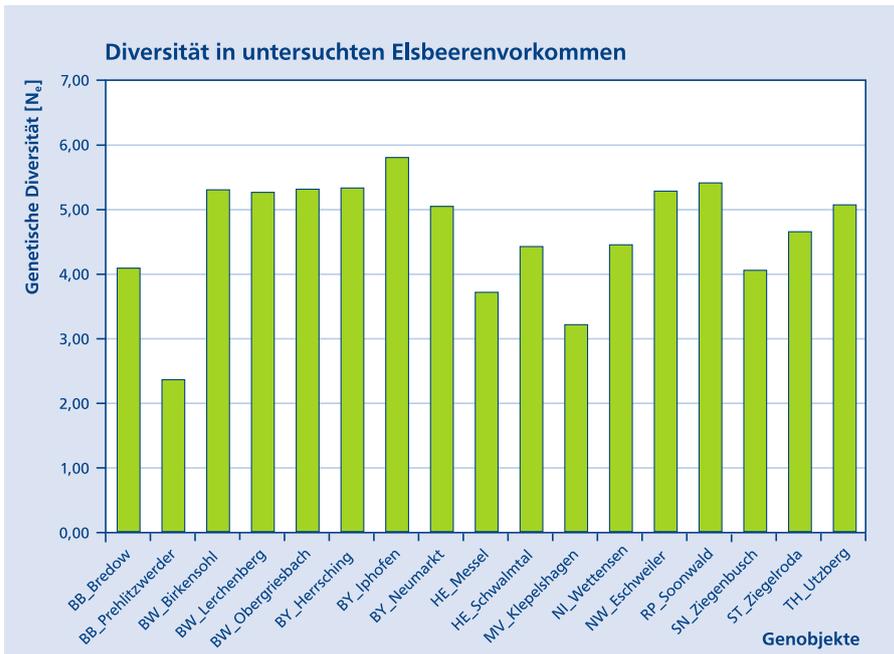


Abbildung 4: Genetische Diversität (N_e) in den untersuchten Elsbeerenvorkommen

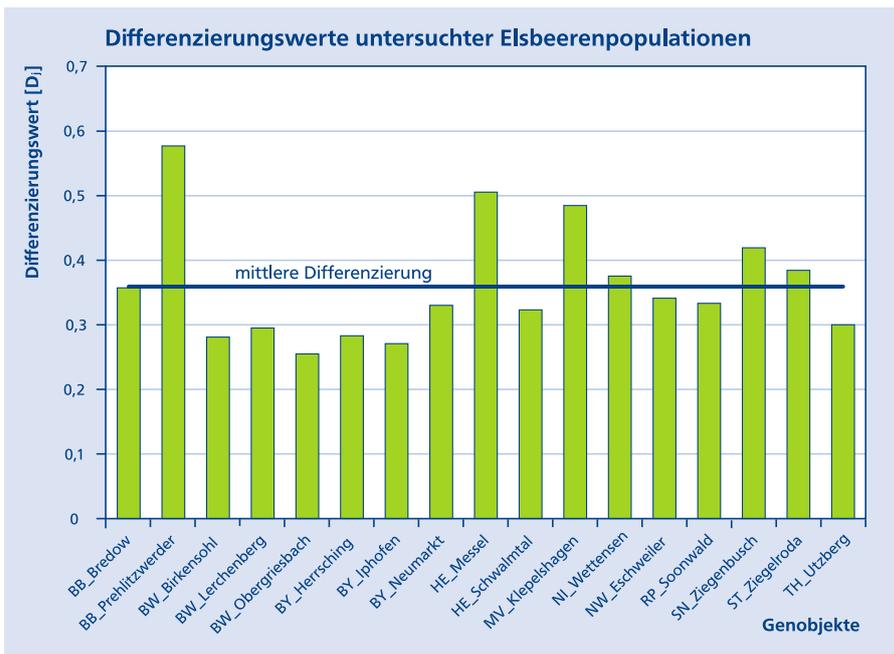


Abbildung 5: Differenzierungswerte (D_j) der untersuchten Elsbeerenpopulationen. Die blaue Linie zeigt die mittlere Differenzierung aller Populationen mit 36% an

chenberg, Obergriesbach) mit nur 15–22% deutlich geringer. Ähnliches gilt für die Abstände zwischen den drei Beständen aus Bayern (Herrsching, Iphofen, Neu- markt) (22–30%). Eine klare geografische Gruppierung aller siebzehn Vorkommen aufgrund der genetischen Abstände ergab sich bei der Elsbeere nicht (wie z. B. bei der Eibe zwischen Nord- und Süddeutschland). Die mittlere Gesamtdifferenzierung aller Vorkommen ist mit 36% nicht so hoch, wie man aufgrund einiger Abstandswerte erwartet hätte. Wie Abbildung 5 zeigt, haben nur drei Vorkommen deutlich höhere Differenzierungswerte als das Mittel: der wiederholt auffällige Bestand BB_Prehlitzwerder sowie HE_Messel und MV_Klepelshagen.

Am wenigsten differenziert und damit am repräsentativsten für alle siebzehn Vorkommen sind die Bestände Birkensohl, Lerchenberg und Obergriesbach aus Baden-Württemberg sowie Herrsching und Iphofen aus Bayern. In Verbindung mit der relativ hohen Diversität in diesen Vorkommen erscheinen sie für die Generhaltung bei dieser Baumart neben dem Vorkommen aus Thüringen, Rheinland-Pfalz und Nordrhein-Westfalen mit hohen Diversitätswerten sehr gut geeignet.

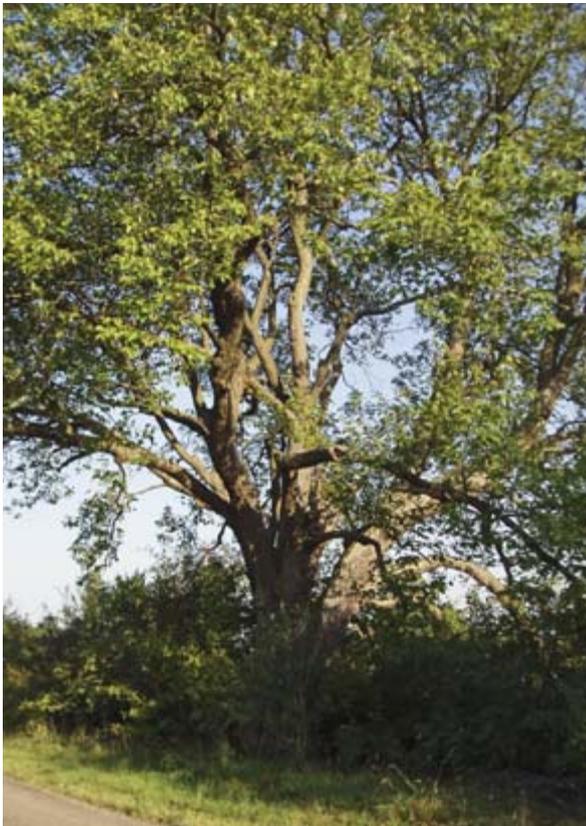


Abbildung 6: Elsbeere Foto: Forstbüro Oberbayern

Schwarzpappel (*Populus nigra*)

Ziel der genetischen Untersuchungen bei der Schwarzpappel war die sichere Abgrenzung von Schwarz- und Hybridpappeln (Artzugehörigkeit) sowie die Bestimmung der genetischen Variation innerhalb und zwischen Vorkommen in Süddeutschland (Cremer und Konner 2010).

Für die Artunterscheidung wurde in der Chloroplasten-DNS die trnF-trnL-Region untersucht. Proben von der reinen Schwarzpappel zeigen bei der Analyse auf einem Agarose-Gel eine Linie, Proben der Hybridpappel zwei Linien (Abbildung 7). Von den bislang über 2.500 zur Artüberprüfung untersuchten Pappeln wurden ca. 85% eindeutig als Schwarzpappel identifiziert, die übrigen 15% waren Hybridpappeln.

Die genetische Diversität und Differenzierung wurden anhand von sieben (bayerische Schwarzpappeluntersuchung [Cremer und Konner 2010]), in den folgenden Untersuchungen an zehn Kernmikrosatelliten-Orten (SSRs) bestimmt: WPMS05, WPMS09, WPMS12, WPMS14, WPMS18, WPMS20, PMGC14, PMGC2163, PMGC0456, ORPM023 (van der Schoot et al. 2000; Smulders et al. 2001 Poplar Molecular Genetics Co-operative). Grundsätzlich wurde sowohl eine hohe genetische Variabilität in den untersuchten Pappel-Vorkommen als auch eine hohe Differenzierung zwischen diesen gefunden. Teilweise zeigten sich innerhalb der Vorkommen klonale Strukturen. Dabei trugen häufig benachbarte Individuen, im Fall des weitläufigen Vorkommens im Neckargebiet aber auch weiter entfernt stehende Individuen denselben Genotyp an allen untersuchten SSR-Orten. Entsprechend gab es in manchen Schwarzpappelvorkommen einen signifikanten Zusammenhang zwischen räumlicher und genetischer Distanz. In den meisten dieser Fälle handelt es sich um natürliche klonale Strukturen, die aus vegetativer Vermehrung Stockausschlag, Wurzelbrut oder Bewurzelung von Astabsprüngen entstanden sind. Im Neckargebiet konnten mittels des genetischen Fingerabdrucks künstliche klonale Strukturen nachgewiesen werden.

Mit einer Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) ließen sich ca. 10% der genetischen Gesamtvariation auf Unterschiede zwischen Vorkommen unterschiedlicher Flusssysteme zurückführen. Dies ist ein vergleichsweise hoher Wert. Der genetische Abstand nach Nei zwischen Populationen unterschiedlicher Flusssysteme war mit 22 bis 28% bis zu dreimal höher als der zwischen den Populationen desselben Flusssystems (9%). Stecklinge für Erhaltungsmaßnahmen sollten demnach von mehreren Flusssystemen gewonnen und im Mutterquartier getrennt gehalten werden. So kann später entschieden werden,



Abbildung 7: Artunterscheidung mittels Chloroplasten-DNA-Marker; Schwarzpappeln zeigen jeweils eine Bande (Proben 1–3, 5, 6); Hybridpappeln dagegen zwei Banden (Proben 4, 7–9)



Abbildung 8: Schwarzpappel-Jungpflanzen aus generativer Vermehrung in der Baumschule Foto: ASP

ob man bei Wiedereinbringungsmaßnahmen nur die lokalen Klone verwendet oder zur Erhöhung der genetischen Variation auch Klone von anderen Flusssystemen hinzunimmt. Stecklinge sollten nur von genetisch auf Artreinheit überprüften Bäumen gewonnen werden, die möglichst weit auseinander liegen, um zu vermeiden, dass es sich um Klone handelt. Räumlich-genetische Korrelationen konnten bis zu einem Abstand von ca. 60m gefunden werden (Cremer und Konnert 2010).

Eine Alternative zur vegetativen Vermehrung ist die generative Vermehrung mittels Samen, auch wenn Samengewinnung und schnelle Aussaat bei Pappel nicht immer einfach sind. Eine Untersuchung von 100 Sämlingen aus der Ernte eines Schwarzpappelbestands an der Rott zeigte, dass die genetische Vielfalt und Diversität der Sämlingspopulation ähnlich der des Elternbestandes war. Die genetische Vielfalt in einer simulierten vegetativen Vermehrung durch Stecklinge

war deutlich geringer. Zudem ist das Geschlechterverhältnis bei der generativen Vermehrung ausgewogener als bei einer Stecklingsvermehrung, wo das Geschlecht der Stecklinge meist unberücksichtigt bleibt (Cremer et al. 2013).

Hartriegel (*Cornus sanguinea*)

Mit dem neuen Bundesnaturschutzgesetz, das ab 2020 die ausschließliche Verwendung gebietseigener Gehölze vorsieht, wird die Frage der Herkunftsüberprüfung mit genetischen Verfahren auch bei Sträuchern sehr aktuell. Ein häufig angepflanzter Strauch in Parks und entlang von Straßen ist der Hartriegel (*Cornus sanguinea*). Er formt 4–5m hohe Sträucher und bildet Hecken an Waldrändern, Flussläufen und in Auwäldern. Der Hartriegel vermehrt sich klonal, was dazu führen kann, dass in einer großen Hecke nur wenige genetisch unterschiedliche Typen vorkommen. Daher sind Kenntnisse über die genetische Ausstattung nicht nur für die Überprüfung der Vorkommen, sondern auch für die Generhaltung und zur Auswahl der Klone für den Aufbau von Samenplantagen wichtig.

Bisherige genetische Analysen an Hartriegel wurden anhand von Isoenzym- und Chloroplastengemarkern durchgeführt. Damit wurde nur eine geringe genetische Variation in den Vorkommen festgestellt (Leinemann et al. 2002; Liesebach und Götz, 2008). Das ASP hat nun zusammen mit Wissenschaftlern der Universität Tennessee in Knoxville (USA) 16 hochvariable Kernmikrosatelliten-Marker für Hartriegel entwickelt (Wadl et al. 2013). Sie eignen sich zur Bestimmung der genetischen Variation innerhalb und zwischen Vorkommen und zur Analyse der klonalen Strukturen. Sie werden aber auch eine Rückverfolgung des Vermehrungsguts auf die Erntevorkommen erlauben und damit die Herkunftskontrolle bei Hartriegel ermöglichen.

Kürzlich hat das ASP mit acht dieser Kernmikrosatelliten (CS4, CS5, CS19, CS21, CS22, CS26, CS27, CS30) elf Pflanzenpartien von Hartriegel untersucht. Dazu wurden Knospen von Jungpflanzen von der Baumschule Hörmann zur Verfügung gestellt. Die Samen, aus denen diese Pflanzen angezogen worden waren, stammten von elf Vorkommen aus drei Herkunftsgeländen (07 = Süddeutsches Hügel- und Bergland, Fränkische Platten und Mittelfränkisches Becken, 08 = Schwäbische und Fränkische Alb, Bayerischer Jura und 09 = Alpen und Alpenvorland). Je Partie wurden 19 bis 27 Sämlinge untersucht.

Insgesamt wurden an den acht untersuchten Genorten 80 Genvarianten (Allele) nachgewiesen. Die einzelnen Genorte zeigen zwischen fünf (Genort CS5) und

13 Allele (Genorte CS21 und CS27). Die mittlere Anzahl der Allele pro Herkunft liegt zwischen 3,9 (Schoedhof_09) und 8,1 (Holstein_07) und die genetische Diversität zwischen 2,6 (Dollnstein_08) und 4,1 (Holstein_07) (Abbildung 9).

Die beobachtete Heterozygotie zeigt keine großen Unterschiede zwischen den Pflanzenpartien und liegt mit Werten zwischen 53 und 68% im mittleren Bereich.

Der genetische Abstand nach Nei zeigt mit 5% den geringsten Wert zwischen Holstein_07 und Holstein_08 und den höchsten Wert mit 72% zwischen Kleinhohen-

ried_09 und Dorsbrunn_07. Diese Werte stellen eine extrem hohe Schwankung dar und bedeuten eine sehr geringe bzw. sehr starke Verwandtschaft der betreffenden Sämlingspartien. Diese Unterschiede werden auch aus der Abbildung 10 ersichtlich, in der die genetischen Abstände grafisch dargestellt sind. Hier befindet sich Kleinhohenried_09 in der rechten unteren Ecke und Dorsbrunn_07 in der linken oberen Ecke, was den großen Abstand dieser beiden Parteien bestätigt.

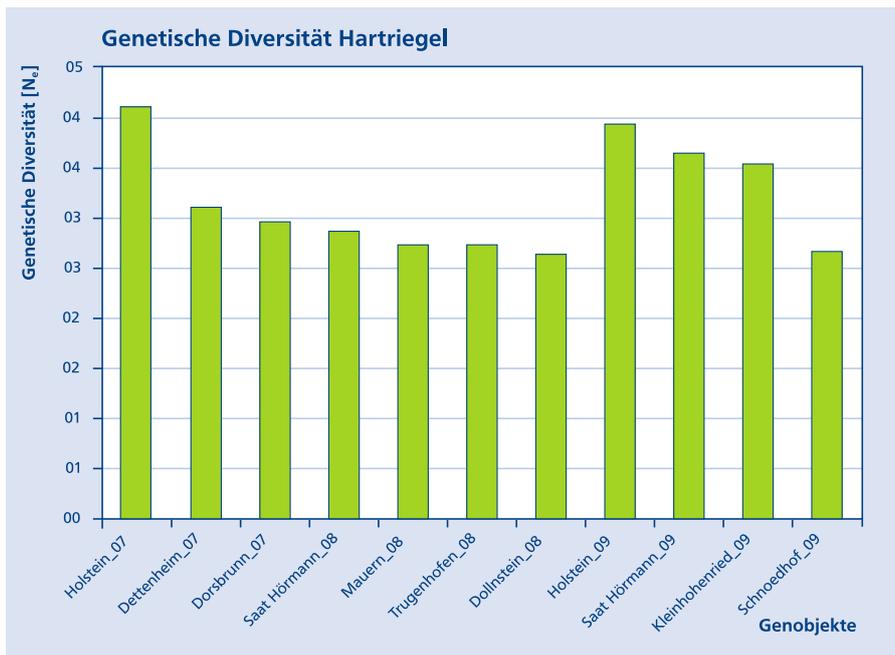


Abbildung 9: Genetische Diversität (Ne) in den untersuchten Pflanzenpartien des Hartriegels

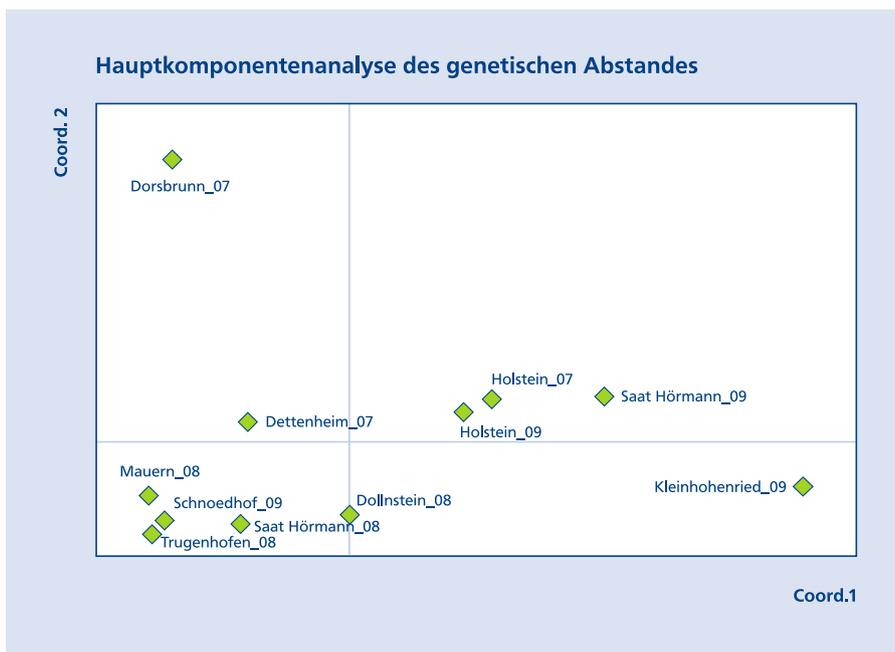


Abbildung 10: Hauptkomponentenanalyse des genetischen Abstandes nach Nei zwischen den elf Pflanzenpartien



Abbildung 11: Früchte des Europäischen Hartriegels (*Cornus sanguinea*). Foto: B. Fussi

Literatur

- Cremer, E.; Luckas, M.; Konnert, M.; Buchwinkler, B. (2013): Generative Nachzucht fördert Erhalt von genetischer Vielfalt der Schwarzpappel. AFZ/Der Wald 2, S. 33–35
- Cremer, E.; Konnert, M. (2010): Genetische Untersuchungen an Schwarzpappeln aus Bayern. LWF Wissen 64, S. 46–51
- Gianfranceschi, L.; Seglias, N.; Tarchini, R.; Komjanc, M.; Gessler, C. (1998): Simple sequence repeats for the genetic analysis of apple. Theor Appl Genet 96, S. 1069–1076
- Hertel, H. (1996): Inheritance of isozyme markers in English yew (*Taxus baccata* L.), Silvae Genetica 45, S. 284–290
- Kätzler, R.; Schulze, T.; Becker, F.; Schröder, J.; Riederer, J.; Kamp, T.; Wurm, A.; Huber, G. (2011): Seltene Baumarten in Deutschland – Erfassung und Erhaltung. AFZ/Der Wald 19, S. 37–39
- Klump, R.; Dhar, A. (2011): Genetic variation of *Taxus baccata* L. populations in the Eastern Alps and its implications for conservation management. Scandinavian Journal of Forest Research, First published on 31 March 2011 (iFirst)
- Leinemann, L.; Bendixen, K.; Kownantzki, D.; Hattemer, H.H.; Liepe, K.; Stenger, G. (2002): Genetic studies in trees and shrubs for landscape propagation with emphasis on production and certification of reproductive material. Allgemeine Forst und Jagdzeitung 173: S. 146–152
- Lewandowski, A.; Burczyk, J.; Mejnartowicz, L. (1992): Inheritance and linkage of some allozymes in *Taxus baccata* L. Silvae Genetica, 41(6), S. 342–347
- Lewandowski, A.; Burczyk, J.; Mejnartowicz, L. (1995): Genetic structure of English yew (*Taxus baccata* L.) in the Wierzchlas Reserve: Implications for genetic conservation. Forest Ecology and Management, 73, S. 221–227
- Liebhard, R.; Gianfranceschi, L.; Koller, B.; Ryder, C.D.; Tarchini, R.; Van de Weg, E. et al. (2002): Development and characterisation of 140 new microsatellites in apple (*Malus domestica* Borkh.). Mol Breeding 10, S. 217–241
- Liesebach, H.; Götz, B. (2008): Low chloroplast DNA diversity in red dogwood (*Cornus sanguinea* L.). Silvae Genetica 57, S. 291–300
- Ouddou-Muratorio, S.; Aligon, C.; Decroocq, C.; Plomion, S.; Lamant, T.; Mush-Demesure, B. (2001): Microsatellite primers for *Sorbus torminalis* and related species. Molecular Ecology Notes 1: S. 297–299
- Smulders, M.J.M.; van der Schoot, J.; Arens, P.; Vosman, B. (2001): Trinucleotide repeat microsatellite markers for black poplar (*Populus nigra* L.). Molecular Ecology Notes 1, S. 188–190
- Tröber, U.; Paul, M.; Kahlert, K. (2004): Genetic characterization of English yew (*Taxus baccata* L.) in Thuringia and Saxony as basis for gene conservation, S. 275–288, 11. Arbeitstagung von 20. bis 22. September 2004. Teisendorf: Tagungsband.
- Van der Schoot, J.; Pospíškova, M.; Vosman, B.; Smulders, M.J.M. (2000): Development and characterisation of microsatellite markers in black poplar (*Populus nigra* L.). Theoretical & Applied Genetics 101, S. 317–322
- Wadl, P.A.; Hatmaker, A.; Fussi, B.; Scheffler, B.E.; Trigiano, R.N. (2013): Isolation and characterization of microsatellite loci for *Cornus sanguinea* (Cornaceae). American Journal of Botany AJB Primer Notes & Protocols in the Plant Sciences 1 (9): 1300012 doi:10.3732/apps.1300012

Keywords: genetic variation, genetic markers, yew tree (*Taxus baccata*), service tree (*Sorbus torminalis*), black poplar (*Populus nigra*), cornel (*Cornus sanguinea*)

Summary: Rare tree and shrub species are important components of our landscape that have to be maintained over a long-term period. Genetic analyses in rare tree and shrub species are, therefore, a focus of the Bavarian Institute for Forest seeding and Planting (ASP) that is responsible for the conservation of forest genetic resources in Bavaria. For the species yew tree (*Taxus baccata*), service tree (*Sorbus torminalis*), black poplar (*Populus nigra*) and cornel (*Cornus sanguinea*) the results of the genetic analyses and their importance for genetic conservation as well as for the source identity control systems are described.