

Genetische Variation der Weißtanne in Bayern

MONIKA KONNERT UND ERWIN HUSSENDÖRFER

Die Weißtanne war eine der ersten Baumarten, deren genetische Variation und Differenzierung im gesamten Verbreitungsgebiet intensiv untersucht wurde (z. B. SCHROEDER 1989; BERGMANN et al. 1990; BREITENBACH-DORFER et al. 1992; KONNERT 1992; LONGAUER 1992; KONNERT und BERGMANN 1995; HUSSENDÖRFER 1997). Im Vergleich zu den anderen Baumarten weist sie einige „genetische Besonderheiten“ auf. Einzelne Genvarianten sind nur in bestimmten Regionen zu finden (arealspezifische Genvarianten). Es gibt geographische Kline in den Häufigkeiten der Erbanlagen an mehreren Genorten, d.h. die Häufigkeiten bestimmter Genvarianten nehmen mit der geographischen Länge und/oder Breite zu. Als Folge ist eine klinale Variation in der genetischen Diversität zu beobachten. So nimmt z. B. innerhalb Süddeutschlands die genetische Diversität von West nach Ost und von Süd nach Nord ab. Auch in Bayern wurden bereits mehr als 50 Tannenpopulationen auf ihre genetische Variation hin untersucht (z. B. KONNERT 1993, 1996, 2003). Zu diesen gehören Bestände aus den Hauptverbreitungsgebieten der Tanne - Alpen und Ostbayerische Mittelgebirge - aber auch Vorkommen aus Regionen, in denen die Tanne nur vergleichsweise selten zu finden ist, wie Mittelfranken oder das Tertiäre Hügelland. Standen bei ersteren vor allem das Ausmaß der genetischen Variation und die Autochthoniefrage im Vordergrund, so ging es bei letzteren auch um die Frage, ob eine Erhöhung des Tannenanteils ausgehend von den wenigen, durchaus vitalen und verjüngungsfreudigen Restvorkommen vom genetischen Standpunkt aus sinnvoll ist.

Genetische Variation innerhalb und zwischen Tannenpopulationen aus Bayern

Die Tannenpopulationen auf dem Gebiet Bayerns unterscheiden sich nur wenig in der genetischen Vielfalt mit im Mittel 1,73 Genvarianten pro untersuchtem Genort. Bei der genetischen Diversität und Heterozygotie (Grad der Gemischterbigkeit) sind die Unterschiede viel größer. Die mit Abstand geringsten Werte finden wir im Frankenwald und Fichtelgebirge, die größte Variationsbreite in Mittelfranken (siehe Abb. 1 und Tab. 1).

Die mittleren genetischen Abstände zwischen

den 50 untersuchten bayerischen Tannenpopulationen liegen zwischen ca. 2 und 17 %. An einzelnen Genorten wurden aber auch Werte von bis zu 40 % ermittelt. Die Gesamtdifferenzierung in Bayern beträgt ca. 6 %, ein vergleichsweise hoher Wert, der die genetische Heterogenität der Populationen bestätigt. In den Hauptverbreitungsgebieten der Tanne - Alpen und Ostbayerische Mittelgebirge - ist die Differenzierung deutlich geringer als in den Gebieten mit stark fragmentierten und in ihrem Umfang stark reduzierten Vorkommen wie Mittelfranken und Tertiäres Hügelland.

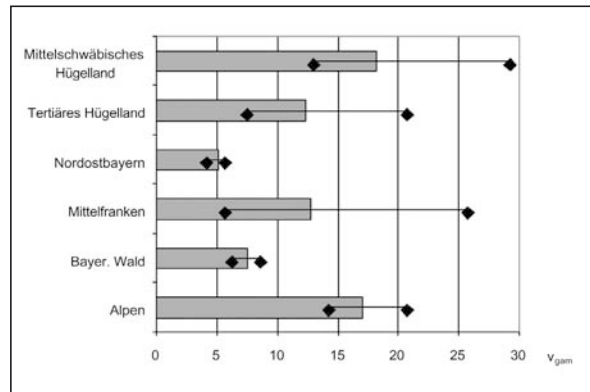


Abb. 1: Genetische Diversität in Weißtannenpopulationen aus verschiedenen Regionen Bayerns (mittlere regionale Werte als Balken, Extremwerte sind durch Linien verbunden)

Regionale genetische Unterschiede und deren Ursachen

Tannenpopulationen im Alpenbereich und den ostbayerischen Mittelgebirgen

In den Hauptverbreitungsgebieten der Tanne in Bayern wurden an mehreren Genorten klinale Veränderungen der Häufigkeiten bestimmter Genvarianten mit der geographischen Länge und/oder Breite festgestellt. So nimmt die Häufigkeit der Genvariante IDH-B3 von West nach Ost und von Süd nach Nord ab, und zwar von etwa 50 % im Allgäu auf etwa 11 % im Frankenwald und Fichtelgebirge. Ähnliches gilt für die Genvariante AP-A3, die zwischen ca. 36 % in Südwestbayern und 5 % in Nordost-

| Region | Heterozygotie (%) | | Genpool-Abstand (%) | | Differenzierung |
|-------------------------|-------------------|------|---------------------|------|-----------------|
| | von | bis | von | bis | % |
| Alpen | 23,3 | 26,1 | 2,0 | 5,0 | 3,0 |
| Mittelschwäb. Hügelland | 18,2 | 24,4 | 1,9 | 3,9 | 3,5 |
| Tertiäres Hügelland | 15,6 | 20,7 | 3,0 | 12,0 | 5,2 |
| Bayerischer Wald | 16,0 | 19,0 | 1,9 | 5,0 | 2,7 |
| Nordostbayern | 13,8 | 16,0 | 1,7 | 4,0 | 2,5 |
| Mittelfranken | 12,8 | 27,2 | 2,7 | 16,5 | 5,6 |

Tab. 1: Heterozygotie und genetische Differenzierung der Tannenpopulationen aus Bayern

bayern schwankt, sowie für die Genvariante GOT-C3, die zwischen 25 % (Südwestbayern) und 9 % (Nordostbayern) liegt. Auch bei der Diversität ist eine leichte klinale Abnahme von West nach Ost und eine deutlich stärkere Abnahme von Süd nach Nord zu beobachten. So ist z. B. die genetische Diversität in Tannenpopulationen aus dem Allgäu bis zu zweimal höher als die von Beständen im Chiemgau und bis zu fünfmal höher als die von Beständen im Frankenwald und Fichtelgebirge.

Tannenbestände aus Südbayern können ihrerseits auf Grund der genetischen Strukturen in zwei Gruppen zusammengefasst werden: südwestliche Bestände und südöstliche Bestände inklusive Bestände des Bayerischen Waldes. Die genetischen Unterschiede zwischen beiden Gruppen sind statistisch signifikant. Die Trennlinie liegt etwa im Bereich der Forstämter Schliersee und Rosenheim.

Bei den größtenteils autochthonen Tannenpopulationen Süd- und Ostbayerns bestimmt die aus den eiszeitlichen Rückzugsgebieten mitgebrachte und während der Rückwanderung veränderte genetische Information auch heute noch wesentlich die genetischen Strukturen. Nach Bayern wanderte die Tanne aus inselartigen Refugien im Apennin über den relativ kurzen „Allgäuweg“ (Rheingraben) in das Allgäu, das Alpen- und Voralpengebiet bis etwa in den Bereich des Inns zurück. Über den deutlich längeren „Ostalpenweg“ (Südrand der Alpen, Waldviertel) gelangte sie in die ostbayerischen Mittelgebirge, die Berchtesgadener Alpen und den Chiemgau. Während der sehr viel längeren Wanderung nach Ost- und Nordostbayern war der Selektionsdruck vor allem wegen der starken Konkurrenz der Buche (MAYER 1984) größer. Ein Verlust an genetischer Information als Folge selektiver Vor- bzw. Nachteile bestimmter Genotypen führte wahrscheinlich zu den deutlich geringeren Diversitätswerten vor allem im Frankenwald und Fichtelgebirge. Die kleinräumige lokale Anpassung (z. B. HUSSENDÖRFER 1997) hat in den Hauptverbreitungsgebieten der Tanne in Bayern das rückwanderungsbedingte

großräumige genetische Variationsmuster bis heute nicht vollkommen überlagert.

Tannenvorkommen in Mittelfranken

Die Tannenvorkommen aus Mittelfranken sind genetisch sehr heterogen (siehe auch Tab.1 und Abb. 1). Die südlicher gelegenen Vorkommen (z. B. Dinkelsbühl, Gunzenhausen) sind den Tannenpopulationen aus Südostbayern ähnlich, die östlicheren Vorkommen (z. B. Nürnberg) denen aus Nordostbayern. Ein klarer Zusammenhang zwischen geographischer Nähe und genetischer Ähnlichkeit ist in dieser Region nicht zu erkennen.

Die Diversität und der Grad der Gemischterbigkeit ist bei vielen Populationen aus Mittelfranken zufriedenstellend, unterscheidet sich aber stark von Bestand zu Bestand. Auch bei Naturverjüngungskollektiven wurde in den meisten Fällen eine in Art und Ausmaß den Altbeständen vergleichbare genetische Variation festgestellt. Allerdings existieren hier auch Restvorkommen mit nur noch wenigen Alttannen, die sich zum Teil natürlich verjüngen. Hier zeigen aber Allelverteilungen, Diversitäts- und Heterozygotiewerte eine deutliche genetische Einengung („Verarmung“) bei den Alttannen an, die sich auch auf die nächste Generation auswirkt.

Die in Mittelfranken nachgewiesenen Genvarianten sind typisch für die aus dem Apennin rückgewanderte Tanne. Die große genetische Heterogenität der Tannenpopulationen aus diesem Gebiet und die relativ hohe genetische Diversität der in ihrer Größe zum Teil drastisch reduzierten Tannenvorkommen sprechen dafür, dass sich in diesem Gebiet, ähnlich wie im angrenzenden Schwäbisch-Fränkischen Wald, die Ausläufer westlicher („Schweizer-Jura-Weg“) und östlicher („Ostalpen-Weg“) Rückwanderungswege trafen, jedoch ohne klare geographische „Begegnungslinie“. Bei den in ihrem Umfang extrem stark reduzierten Restvorkommen sind vor allem Drifteffekte (Zufallsverluste) für die heutige genetische Struktur verantwortlich.

Tannenvorkommen im Tertiären Hügelland

Die Tannenpopulationen im Bereich des Tertiären Hügellandes unterscheiden sich stark in ihrer genetischen Zusammensetzung und im Ausmaß ihrer genetischen Variation (Diversität, Gemischterbigkeit). Eine vergleichsweise geringe genetische Variation wurde aber nur bei wenigen Beständen festgestellt. Eine klinale Variation der Allelhäufigkeiten oder der genetischen Diversität lässt sich im Tertiärhügelland nicht erkennen. Die Populationen können auch auf Grund ihrer genetischen Strukturen nur in Ausnahmefällen einer bestimmten regionalen Gruppe autochthoner Tannenpopulationen aus Bayern zugeordnet werden. Bei einigen Beständen ist wegen der Anwesenheit bestimmter „arealspezifischer“ Genvarianten in nennenswerten Häufigkeiten Autochthonie auszuschließen.

Die Ursachen für die großen genetischen Unterschiede ohne klar erkennbares Variationsmuster in diesem Gebiet liegen in der *unterschiedlichen Begründung* (Kunst- oder Naturverjüngung) und *Bewirtschaftung* (z. B. unterschiedliche Verjüngungszeiträume) der Vorkommen, in *Zufallsverlusten* (Drifteffekte) auf Grund des sehr starken Rückgangs des Tannenanteils in dem Gebiet und damit des Umfangs der Populationen, in der *unterschiedlichen Rückwanderungsgeschichte* bei autochthonen Populationen sowie in dem *fehlenden Genfluß* zwischen den Vorkommen (Fragmentierung der ursprünglich viel größeren Population).

Warum brauchen wir genetische Untersuchungen an der Weißtanne in Bayern ?

Die Ergebnisse zur genetischen Variation der Weißtanne in Bayern komplettieren das genetische Variationsmuster dieser Baumart in ihrem gesamten natürlichen Verbreitungsgebiet. Neben der Klärung phylogenetischer Fragestellungen können sie der forstlichen Praxis als wichtige Entscheidungshilfen dienen, z. B. bei der Abgrenzung von Herkunftsgebieten, der Ausarbeitung von Herkunftsempfehlungen, der Ausweisung und Überprüfung von Erntebeständen, bei Herkunftsüberprüfungen, bei Maßnahmen der Generhaltung sowie bei Strategien zur Verjüngung und Wiedereinbringung dieser Baumart.

Literatur

- BERGMANN, E.; GREGORIUS, H.-R.; LARSEN, J.B. (1990): Levels of genetic variation in European silver fir (*Abies alba*) - Are they related to the species decline? *Genetica* 82, S. 1-10
- BREITENBACH-DORFER, M.; PINSKER, W.; HACKER, R.; MÜLLER, F. (1992): Clone identification and clinal allozyme variation in populations of *Abies alba* (MILL.) from the Eastern Alps (Austria). *Pl. Syst. Evol.* 181, S. 109-120
- HUSSENDÖRFER, E. (1997): Untersuchungen über die genetische Variation der Weisstanne (*Abies alba* Mill.) unter dem Aspekt der in situ Erhaltung genetischer Ressourcen in der Schweiz. Beiheft zur Schweizerischen Zeitschrift für Forstwesen 83, 151 S.
- KONNERT, M. (1992): Genetische Untersuchungen in geschädigten Weißtannenbeständen (*Abies alba* MILL.) Südwestdeutschlands. *Mitteilungen der FVA Baden-Württemberg* 167, 119 S.
- KONNERT, M. (1993): Untersuchungen über die genetische Variation der Weißtanne (*Abies alba* Mill.) in Bayern. *Allgemeine Forst- und Jagdzeitung* 164, S. 162-169
- KONNERT, M. (1996): Genetische Variation der Weißtanne (*Abies alba* Mill.) in Bayern. *Mitteilungen der Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft Thüringen* 11, S. 71-81
- KONNERT, M. (2003): Untersuchungen zur genetischen Variation der Tannenvorkommen im Tertiären Hügelland. *Ergebnisbericht* (unveröffentlicht, am ASP zu beziehen)
- KONNERT, M.; BERGMANN, E. (1995): The geographical distribution of genetic variation of silver fir (*Abies alba*, *Pinaceae*) in relation to its migration history. *Pl. Syst. Evol.* 196, S. 19-30
- LONGAUER, R. (1992): Genetic differentiation and diversity of the European Silver Fir in the Eastern Part of its Natural Range. *Proceedings 7. IUFRO-Tannensymposium, Altensteig*, S. 155-164
- MAYER, H. (1984): *Waldbau auf soziologisch-ökologischer Grundlage*. 3. Auflage, Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, New York
- SCHROEDER, S. (1989): Die Isoenzym-Variation der Weißtanne (*Abies alba* Mill.) 16 europäischer Provenienzen. *Mitteilungen des Vereins Forstliche Standortskunde Forstpflanzenzüchtung* 34, S. 77-81