

---

# Genetische Diversität im Bergmischwald der Alpen als Grundlage seiner Anpassungsfähigkeit

Dr. Monika Konnert, Dr. Roland Baier

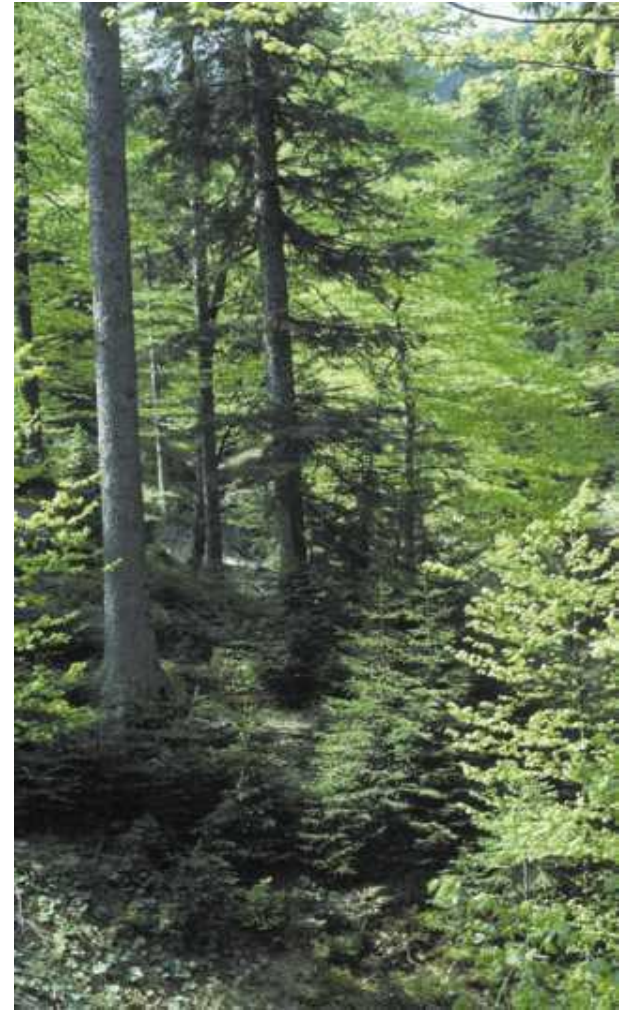
*Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP)  
Teisendorf*

## Haupt- und Mischbaumarten

Buche  
Tanne  
Fichte  
Lärche  
Bergahorn

## Seltene Baumarten

Zirbe  
Grünerle  
Eibe  
etc...



# Klimawandel Alpen

---

- Stärkster Anstieg der Jahresmitteltemperatur (Prognose 3-4°C)
- Ansteigen der temporären Schneegrenze (> 1200 m ü. NN)
- Abschmelzen der Gletscher
- Zunahme von Felsstürzen, Gerölllawinen
- Verschiebung der heutigen Vegetationszonen und Veränderung der Artenzusammensetzung

→ **Anpassungsfähigkeit?**

***Angepasstheit*** und ***Anpassungsfähigkeit*** werden durch Art und Anzahl der Erbanlagen bestimmt.

# Genetische Vielfalt - Einflußfaktoren

## Nacheiszeitliche Rückwanderungswege





# Genetische Vielfalt - Einflußfaktoren

---

- Natürliche Selektion



**Jahr 100:** 80 Individuen/ha



**Jahr 1:** 11 Millionen Individuen/ha

# Genetische Vielfalt - Einflußfaktoren

---

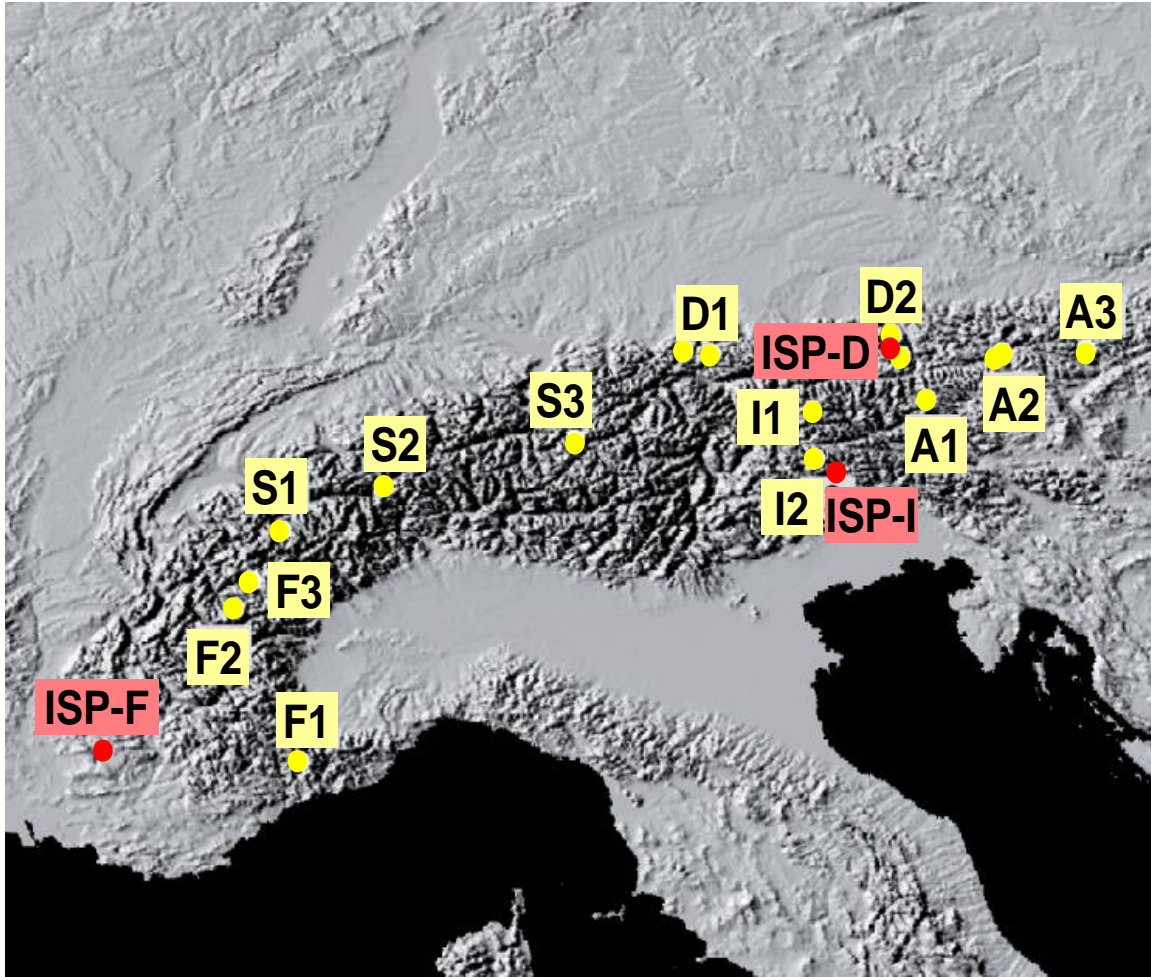
- Waldbauliche Behandlung



# Projekt BAFE – Genetische Diversität im Alpenraum

**Koordination:** Prof. Dr. G. Müller-Starck \_TUM

**Partner:** 5 Länder



## **Untersucht:**

5 Baumarten (Ta, Fi; Elä, La. Zi)

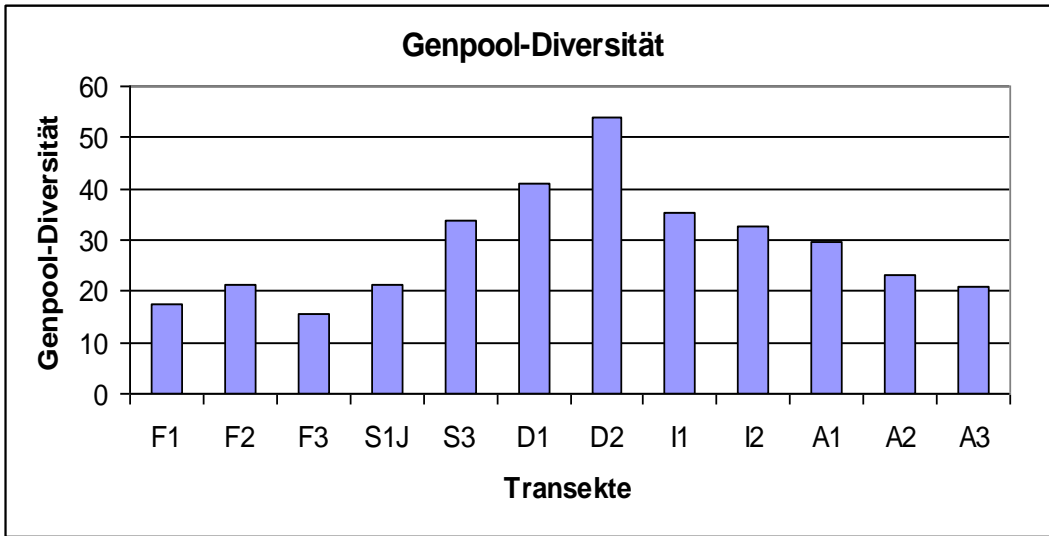
15 Höhentransekte (400-1800 m)

3 Intensivflächen

5 Aufforstungsflächen  
(Transferversuch)

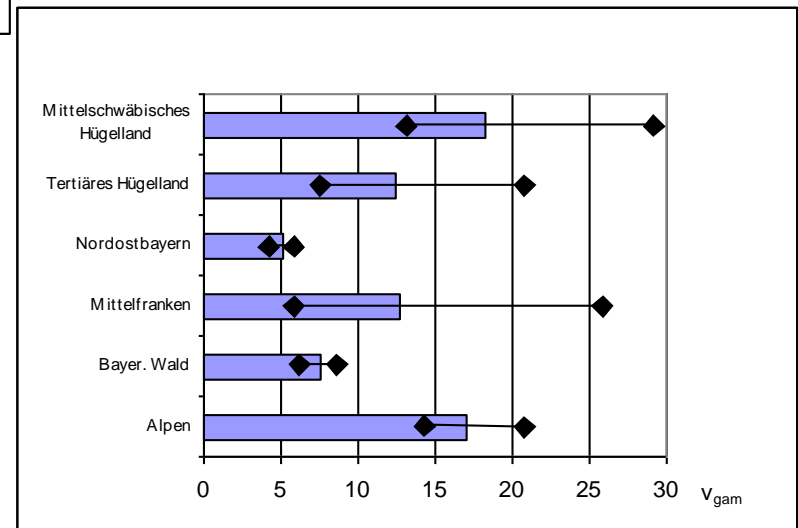
**22.600 Proben**

# Tanne (*Abies alba*)



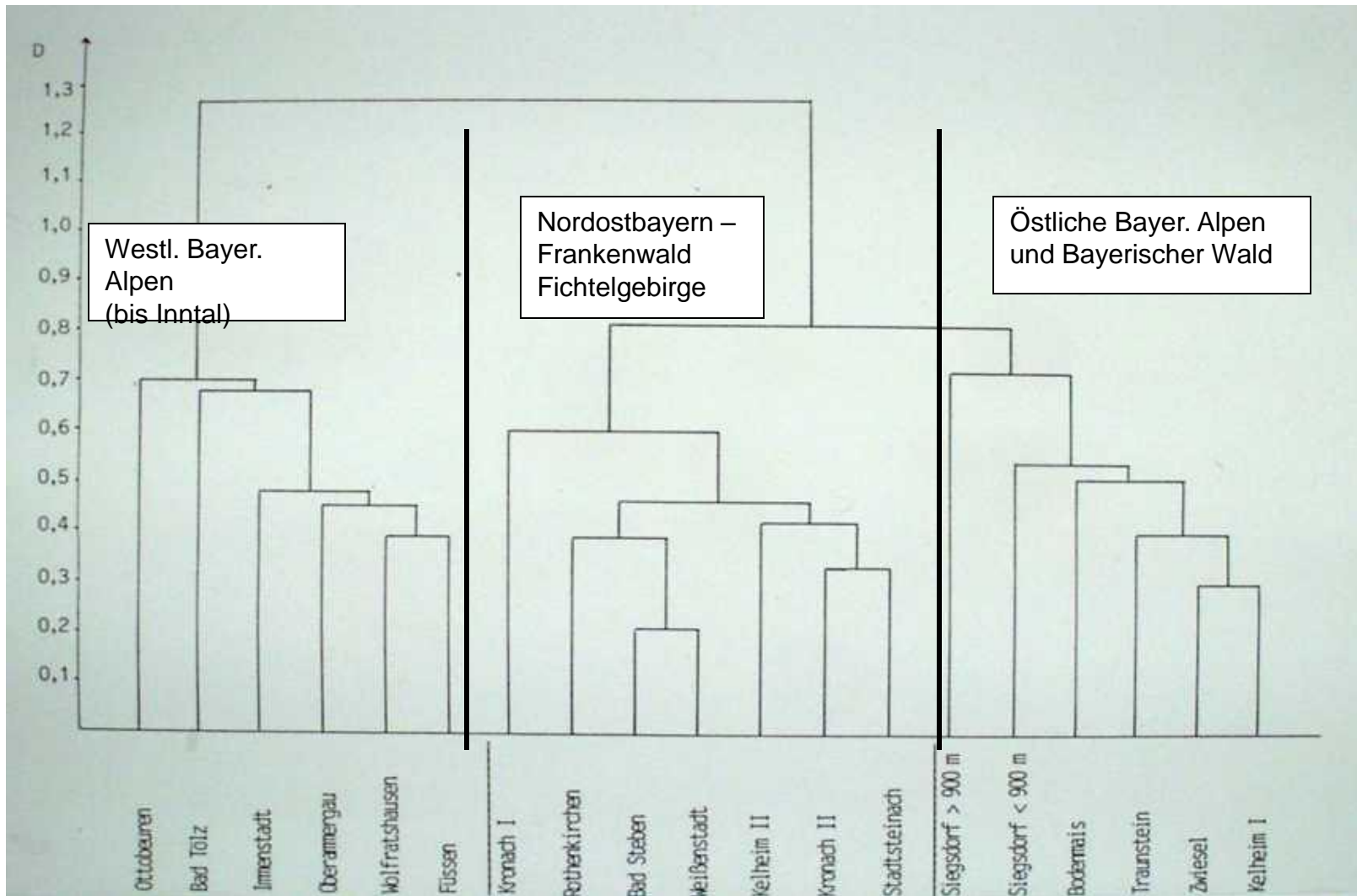
Veränderung der Genpool-Diversität im Alpenraum von West nach Ost

Im Vergleich zu anderen Regionen Bayerns ist die genetische Diversität der Tanne im Alpenraum im oberen Bereich





# Tanne (*Abies alba*)

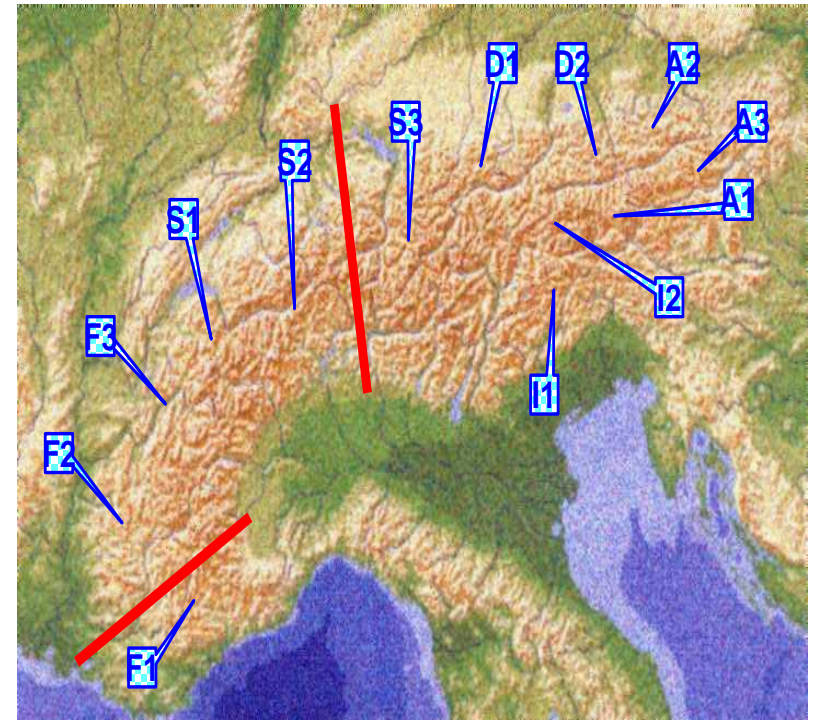
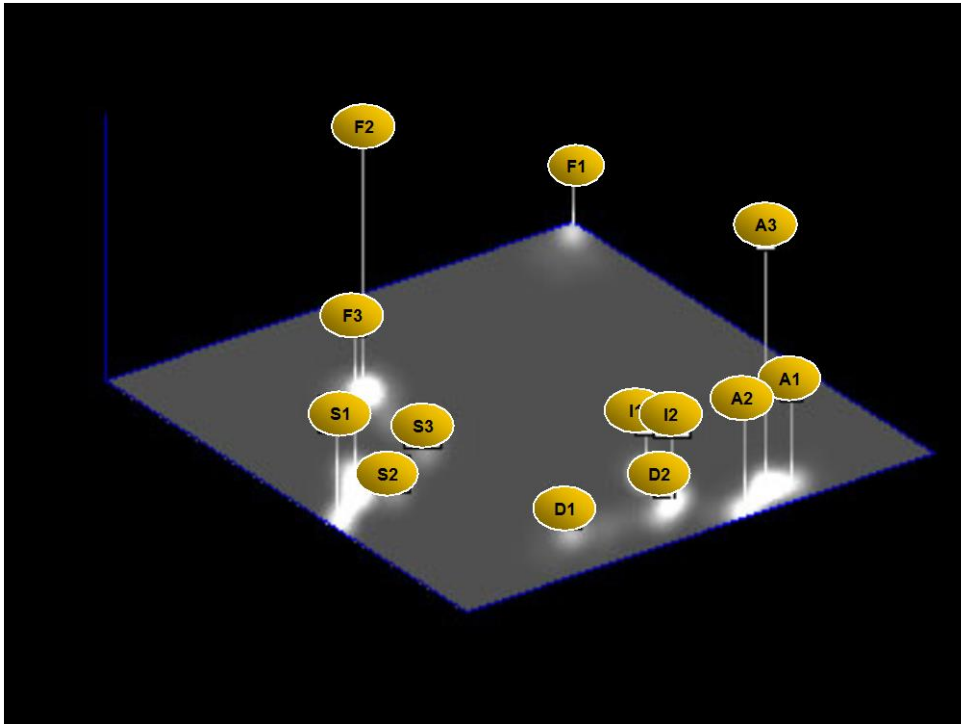


# Fichte (*Picea abies*)

Transekt	Höhe (m)	Stadium	Vielfalt	Diversität
Berchtesgaden	1000	Alt	2,30	388,4
		NVJ	2,43	334,4
	1500	Alt	2,26	410,1
		NVJ	2,39	343,6
	1800	Alt	2,22	440,8
		NVJ	2,13	331,0
Oberammergau	1200	Alt	2,35	242,1
		NVJ	2,22	285,1
	1400	Alt	2,35	280,4
		NVJ	2,47	280,5

# Fichte (*Picea abies*)

Hauptkomponentenanalyse (nSSR-Daten) zeigt die Einteilung der Fichten im Alpenraum in 3 Gruppen nach ihrer genetischen Struktur an nSSR –Genorten



Nach: Morgante, Magni, Scotti -2002

# Lärche (*Larix decidua*)

---

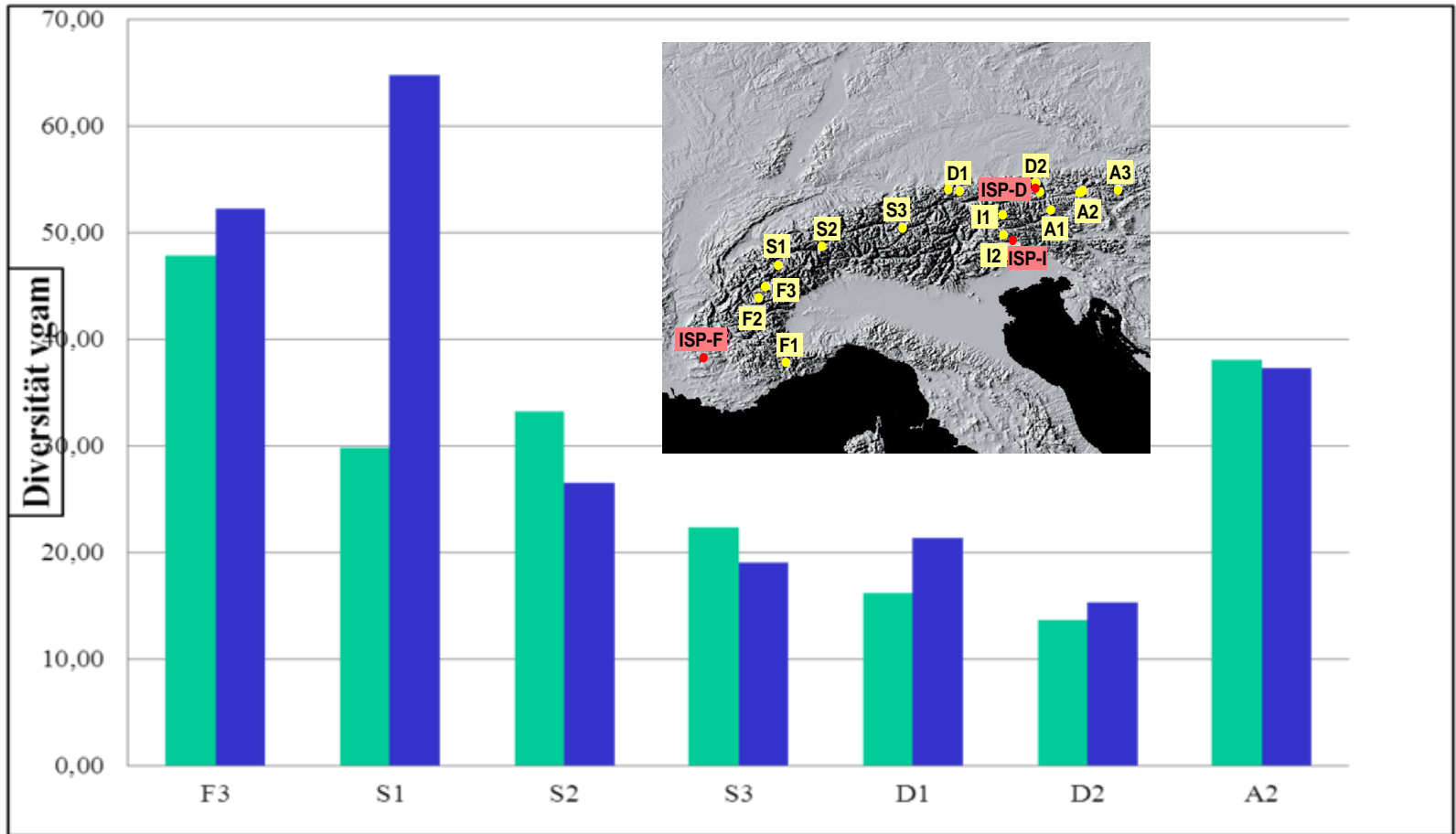


Lärchen in den Bayerischen Alpen bei Berchtesgaden



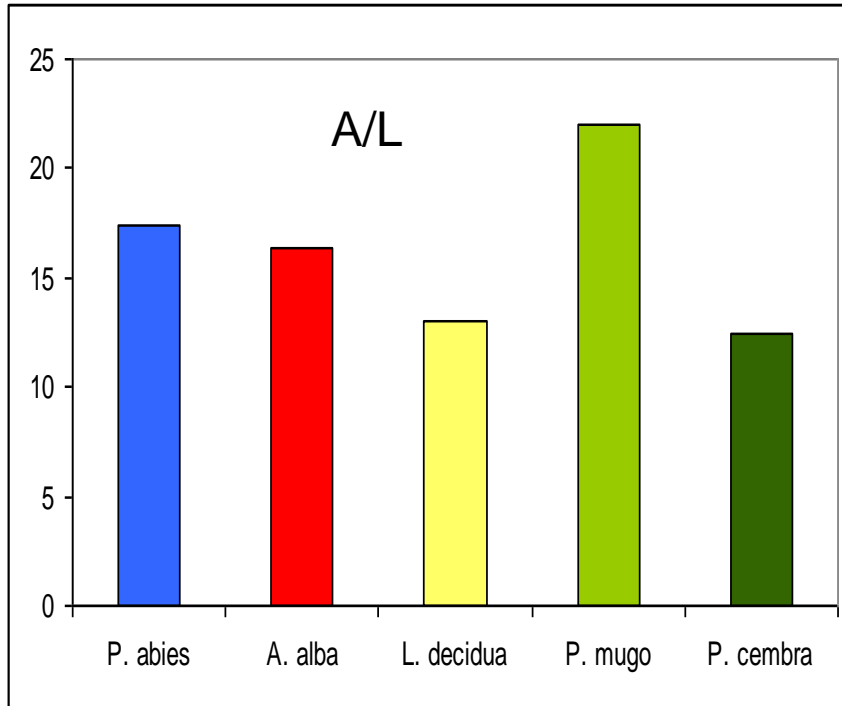


# Lärche (*Larix decidua*)

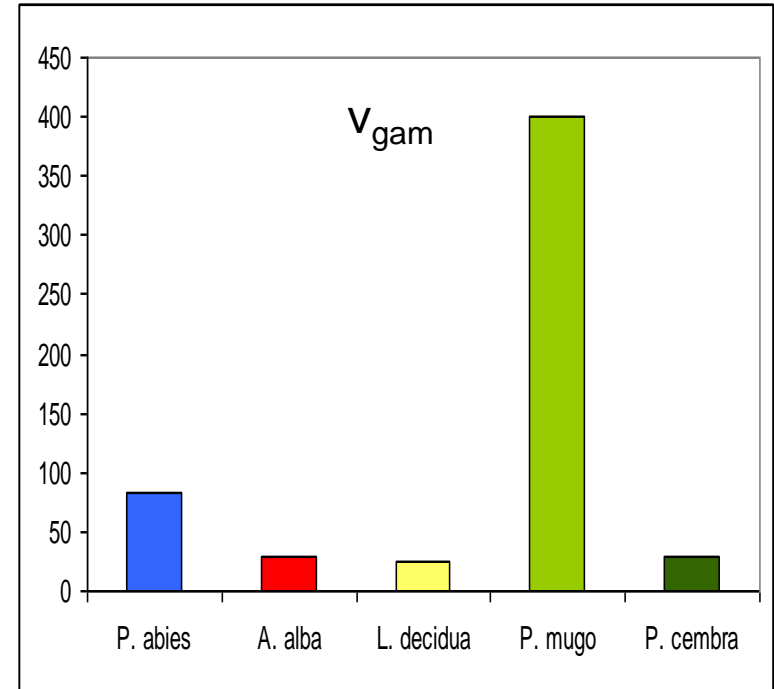


Genetische Diversität in Altbeständen und Naturverjüngung der Lärche im Alpenbereich

# Artenvergleich



Genetische Vielfalt



Genetische Diversität

# Buche



# Bergahorn



# Buche (*Fagus sylvatica*)

Bestand	Vielfalt (A/L)	Diversität ( $V_{gam}$ )	Heterozygotie ( $H_b$ , %)
Büchsenkopf	2,75	168	24,4
Binderschlag	2,31	189	25,0
Stanglahner	2,37	176	24,4
Mühlsturz	2,56	153	24,1

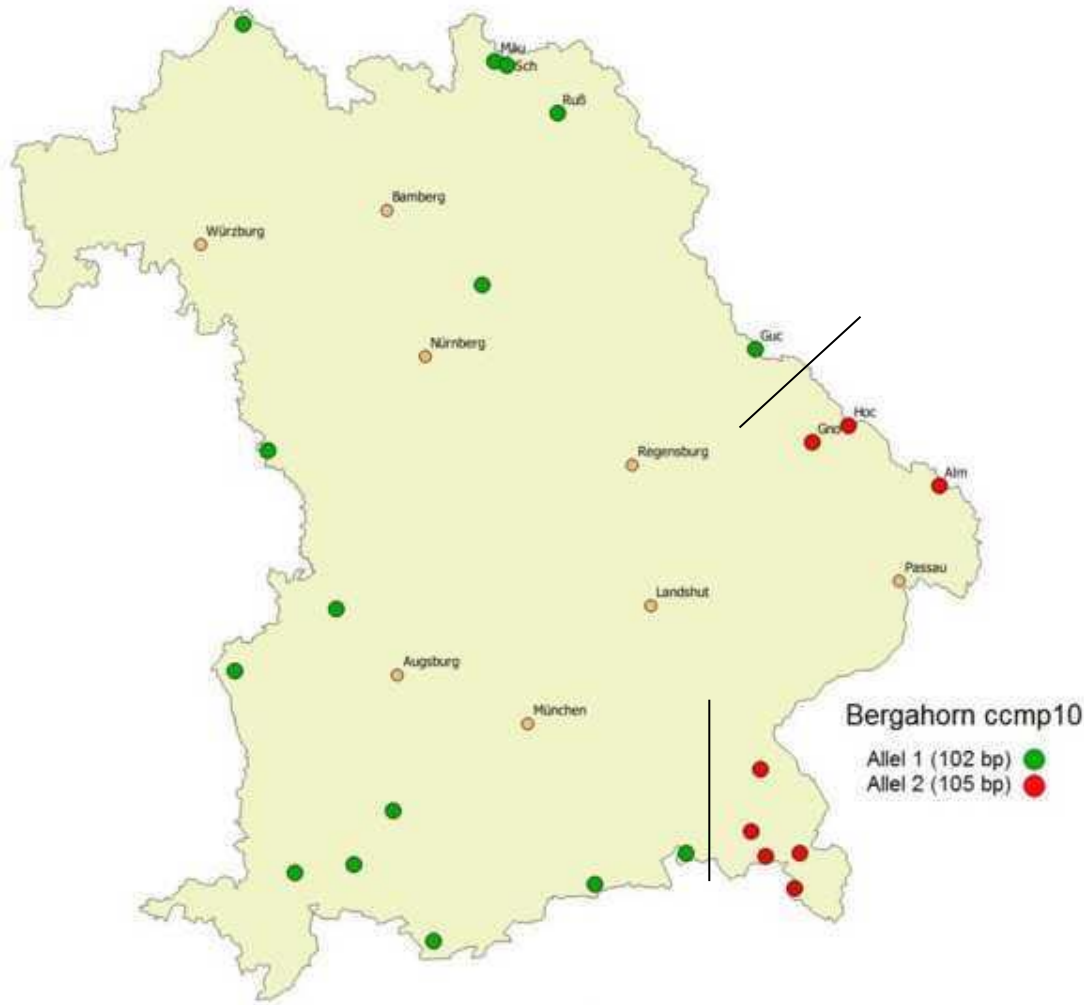
Variation der Buche im Nationalpark Berchtesgaden

## *Variationsintervalle der genetischen Parameter bei Buche in Bayern*

A/L	2,12	bis	2,75
$V_{gam}$	88	bis	301
$H_b$	22 %	bis	27 %



# Bergahorn (*Acer pseudoplatanus*)



Verteilung der  
Längenvarianten der  
ccmp10 Chloroplasten-  
mikrosatelliten in Bayern

# Grünerle (*Alnus viridis*)

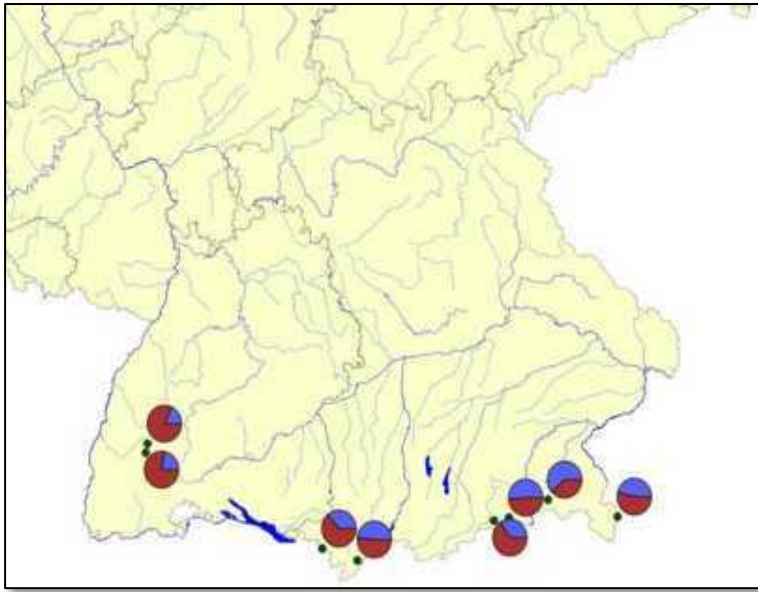


Grünerlenvorkommen in den  
Berchtesgadner Alpen



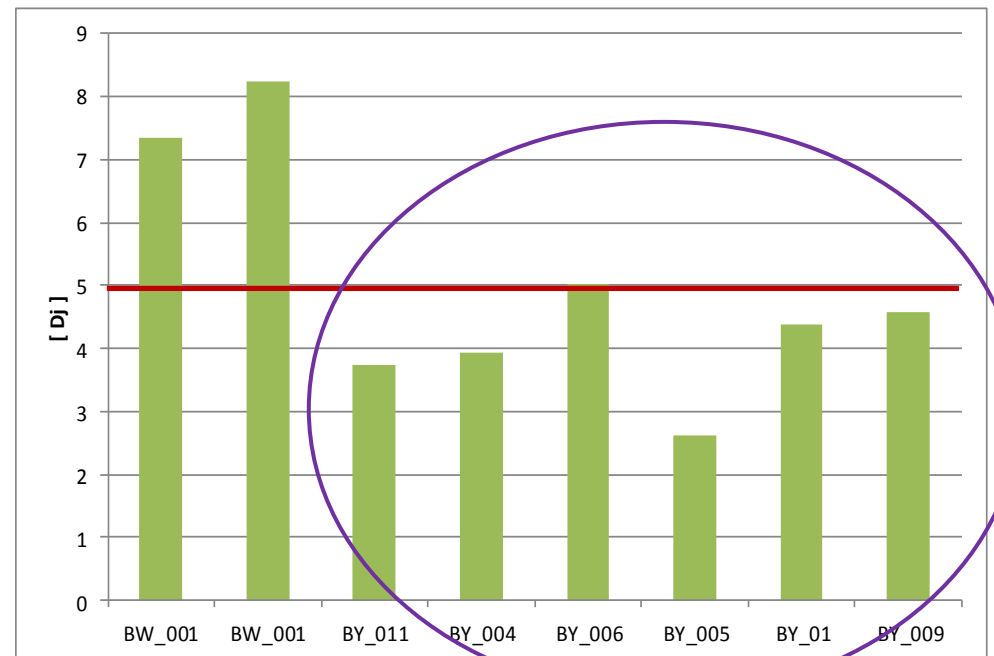
... und im Allgäu

# Grünerle – genetische Diversität und Differenzierung



Vorteilung der Erbanlagen der untersuchten Grünerlen-Vorkommen am Genort 6PGDH\_A

Genetische Differenzierungswerte ( $D_j$ ) der Grünerlenpopulationen in Süddeutschland. Die rote Linie zeigt die mittlere Differenzierung aller Populationen mit  $\bar{\delta} = 4,9\%$  an.



# Schlußfolgerungen

---

Häufig breites genetisches Potential im Gebirgswald

**Aber:** Unterschiede zwischen Arten und Populationen müssen beachtet werden

## Risikominimierung durch:

- Waldbau
- Generhaltung
- Forschung
  - *Erkennen der genetischen Variation*
  - *Suche nach anpassungsrelevanten Genen*
  - *Beobachtung der genetischen Veränderungen (Langzeitmonitoring)*
  - *Feldversuche (z.B. „Crossover Transferversuche“ über Höhenzonen)*



---

**Vielen Dank für Ihre  
Aufmerksamkeit !**

