

## Dank

Herrn Dr. KÖHLER vom Landwirtschaftsministerium Mecklenburg-Vorpommerns sei für die Bereitstellung von Probenmaterial, die diese Untersuchungen ermöglicht haben, sowie den technischen Assistentinnen Frau E. EWALD und Frau M. SCHNECK für präzise Laborarbeiten bei der Isoenzymanalyse und insbesondere für ihre Aufmerksamkeit, durch die die „Zwillinge“ gefunden werden konnten, recht herzlich gedankt.

## Literatur

CHELIAK, W. M. and PITEL, J. A.: Techniques for starch gel electrophoresis of enzymes from forest tree species. Information Report PI-X-42, Petawawa National Forestry Institute (1984). — CONKLE, M. T.: Isozyme variation and linkage in six conifer species. Symposium on Isozymes of North American Forest Trees and Forest Insects. Berkeley, 1979, 11 to 17 (1979). — EL-KASSABY, Y. A.: Genetic interpretation of malate dehydrogenase isoenzymes in some conifer species. *J. Hered.* **72**, 451–452 (1981). — GEBUREK, T. and WANG, Q.: Inheritance of isoenzyme variants and their linkage relationships in Chinese fir (*Cunninghamia lanceolata* HOOK.). *Euphytica* **49**, 193–210 (1990). — HATTEMER, H.: Die Populationsgenetik der Eibe. *Der Eibenfreund – Informationsschrift für die Mitglieder der Eibenfreunde* f. V., 26–33 (1995). — HEINSTEIN, P. F. and CHANG, C. J.: *Taxol*. *Ann. Rev. Plant Mol. Biol.* **45**, 663–674 (1994). — LEWANDOWSKI, A., BURCZYK, J. and MEJNARTOWICZ, L.: Inheritance and linkage of some allozymes in *Taxus baccata* L. *Silvae Genetica* **41**,

342–347 (1992). — LEWANDOWSKI, A., BURCZYK, L. and MEJNARTOWICZ, L.: Genetic structure of English yew (*Taxus baccata* L.) in the Wierzchlas Reserve: implications for genetic conservation. *Forest Ecology and Management* **73**, 221–227 (1995). — LUNDKVIST, K.: Inheritance of leucine aminopeptidase isoenzymes in *Picea abies* K.. *Hereditas* **76**, 91–96 (1974). — MAURER, R.: Disk-Elektrophorese. Walter de Gruyter & Co., Berlin (1968). — SCHEEDER, T.: Die Eibe – Hoffnung für ein fast verschwundenes Waldvolk. IHW-Verlag, Eching (1994). — SCHNECK, H., GRIMM, M. und SCHNECK, D.: Konzept zur Erhaltung und Vermehrung wichtiger, seltener heimischer Baumarten in Mecklenburg-Vorpommern. (1995). — SUSZKA, B.: Conditions for after-ripening and germination of seeds and for seedling emergence of English yew (*Taxus baccata* L.). *Arboretum Kornickie, Rocznik XXX*, 285–338 (1985). — THOMA, S.: Genetische Variation an Enzymgenloci in Reliktbeständen der Eibe (*Taxus baccata* L.). Diplomarbeit, Universität Göttingen. 87 S. (1992). — THOMA, S. und KLEINSCHMITT, J.: Grundlagen für die Erhaltung der Eibe (*Taxus baccata* L.). *Forst und Holz* **49**: 147–152 (1994). — VALLEJOS, C. E.: Enzyme activity staining. In: *Isozymes in Plant Genetics and Breeding*. (TANKSLEY, ORTON, eds). Elsevier Science, Amsterdam. 481–515 (1983). — XIE, C. Y., DANCIC, B. P. and YEH, F. C.: Inheritance and linkage of isozymes in *Thuja orientalis*. *J. Hered.* **82**, 329. (1991). — YEH, F. C. and O'MALLEY, D.: Enzyme variations in natural populations of Douglas-fir, *Pseudotsuga menziesii* (MIRB.) FRANCO, from British Columbia. 1. Genetic variation patterns in coastal populations. *Silvae Genet* **29**, 83–92 (1980).

# Genetische Variation und geographische Struktur von Eibenvorkommen (*Taxus baccata* L.) in Mecklenburg-Vorpommern

Von H. HERTEL und N. KOHLSTOCK

Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft, Institut für Forstpflanzenzüchtung, Eberswalder Chaussee 3, D-15377 Waldsiedersdorf

(Eingegangen am 28. Juni 1996)

## Zusammenfassung

In Mecklenburg-Vorpommern, im Nordosten Deutschlands, kommt die Eibe (*Taxus baccata* L.) nur noch in Relikten vor. Von diesen Einzelbäumen oder kleinen Gruppen wurden aus 8 Forstämtern insgesamt 58 Individuen mit Isoenzymmarkern genetisch untersucht. Zur Analyse wurden Ruheknospen verwendet, so daß weibliche und männliche Bäume einbezogen werden konnten.

Eine Hauptkomponentenanalyse der Daten von 7 polymorphen Loci ergab, daß sich die Vorkommen an der Ostseeküste von denen des Inlands unterscheiden.

Aus den Ergebnissen werden Schlußfolgerungen für die Konkretisierung geplanter Generhaltungsmaßnahmen abgeleitet.

*Schlagwörter:* *Taxus baccata* L., Genetik, Isoenzymmarker, geographische Struktur.

*FDC:* 165.3; 165.52; 165.53; 174.7 *Taxus baccata*; (430).

## Abstract

*Genetic variation and geographic structure of English yew (Taxus baccata L.) in Mecklenburg-Vorpommern (Germany)*

In the state Mecklenburg-Vorpommern, in the north-eastern part of Germany, English yew (*Taxus baccata* L.) is found only in relics. Fifty eight individual trees were selected from single trees or small groups in 8 forest districts for genetic analyses by isozyme markers. Dormant buds were used to include

female and male trees into the investigation. A principal component analysis of the data of 7 polymorphic loci revealed a separation of occurrences at the coast of the Baltic sea and occurrences in the inland. The results are the basis for conclusions for more detailed measures to protect genetic resources.

## Einleitung

Erkenntnisse der Genetik können und müssen die praktische Tätigkeit der Erhaltung forstlicher Genressourcen und der Forstpflanzenzüchtung wirksam unterstützen. Während bei den forstlichen Hauptbaumarten in den vergangenen 2 Jahrzehnten genetische Inventuren, d. h. umfangreiche genetische Untersuchungen im Verbreitungsgebiet der Art, schon wesentliche Erkenntnisse über geographische Strukturen (u. a. auch zu Rückwanderungswegen nach der Eiszeit) erbracht haben, steht man mit vielen Nebenbaumarten, so auch mit der Eibe (*Taxus baccata* L.), noch am Anfang solcher Arbeiten.

Das zunehmende Interesse an der Eibe bezieht sich nicht nur auf die Erhaltung ihrer genetischen Ressourcen (THOMA und KLEINSCHMITT, 1994; LEWANDOWSKI et al., 1995; MEINHARDT und SCHWIMMER, 1995; SCHMITT, 1995) und ihre Wiedereinbringung in Forstwirtschaft und Waldbau (MATHE, 1996), sondern richtet sich auch auf den medizinisch bedeutsamen Inhaltsstoff *Taxol* (u. a. OSTHOFF, 1995), so daß Züchtungsmaßnahmen auch in dieser Richtung notwendig werden.

Nach dem „Konzept zur Erhaltung und Vermehrung wichtiger, seltener heimischer Baumarten in Mecklenburg-Vorpommern“ (SCHNECK et al., 1995) sind in diesem Bundesland noch 655 Eiben vorhanden, davon 139 älter als 20 Jahre. Insgesamt 90% dieser Eiben sind als Generhaltungsobjekte ausgewiesen, wobei die Bäume meist einzeln oder als kleine Gruppen, z. T. in Forstgärten oder Parks, stehen.

Einige dieser Individuen mit einer Mindesthöhe von 6 m sind für die Stecklingsvermehrung ausgewählt worden, und dieses Material bildete auch die Grundlage, um erste Informationen über ihre genetische Struktur zu erhalten. Bei den untersuchten Eiben handelt es sich um Reste natürlicher Vorkommen oder, im Fall von Individuen aus Parks und Forstgärten, um solche, bei denen eine Abstammung aus der unmittelbaren Umgebung angenommen wird.

## Material und Methoden

Eine Beschreibung des Untersuchungsmaterials nach Standort, Höhe und Durchmesser sowie das geschätzte Alter der Bäume befinden sich in *Tabelle 1*. Unter den insgesamt 58 untersuchten Bäumen befanden sich 24 weibliche, 19 männliche und 15 mit unbekanntem Geschlecht.

*Tabelle 1.* – Herkunft und Beschreibung des Versuchsmaterials.

Bezeichnung und Forstamt	Anzahl der Bäume	Mittlere Höhe (m)	Mittlerer Durchmesser (cm)	Geschätztes Alter (Jahre)
1 Gadebusch	13	11.5	20.8	70 - 90
2 Bad Doberan	2	11.0	43.5	-
3 Jasnitz	8	8.3	13.9	-
4 Jägerhof	5	9.3	19.2	-
5 Poggendorf	13	9.4	20.5	30 - 65
6 Neu Pudagla	3	5.7	13.0	40 - 50
7 Werder	5	7.1	15.8	55 - 75
8 Born	10	7.9	44.5	70 - 350

Zur Isoenzymanalyse wurden Ruheknochen verwendet. Die Methoden zur Proteinextraktion, Elektrophorese und Färbung sowie zur genetischen Kontrolle der Markerloci sind bei HERTEL (1996) detailliert beschrieben.

Die Berechnung der populationsgenetischen Parameter (mittlere Anzahl der Allele pro Locus A/L, mittlerer Heterozygotenanteil H, mittlerer erwarteter Heterozygotiegrad  $H_e$ , Fixierungsindex F und genetischer Abstand) erfolgte nach HATTEMER et al. (1993). Die Genpooldiversität, die totale Populationsdifferenzierung und die Subpopulationsdifferenzierung wurden nach GREGORIUS (1986 und 1987) ermittelt. Für statistische Berechnungen wurde das Programm 'Statistical Analysis System' (SAS Institute Inc.) verwendet.

## Ergebnisse

An folgenden 7 Enzymgenloci konnten reproduzierbare und auswertbare Muster aus ruhenden Knospen erhalten werden: Alkoholdehydrogenase (ADH-B), Aspartataminotransferase (AAT-B), Leucinaminopeptidase (LAP-B), Phosphoglucomutase (PGM-A), 6-Phosphogluconat-Dehydrogenase (PGDH), Phosphoglucose-Isomerase (PGI-B) und Shikimatdehydrogenase (SKDH-A).

Die zusätzlich nur an Endospermen untersuchten Loci werden in diese Betrachtung nicht mit einbezogen, da sie nur für die weiblichen Individuen zur Verfügung stehen.

Bei einem Vergleich der Allelhäufigkeiten von weiblichen und männlichen Bäumen an 7 polymorphen Loci in dieser und in einer anderen Untersuchung mit ca. 120 Eiben aus Chorin

(HERTEL und MATHE, unveröffentlicht) wurden keine signifikanten Unterschiede zwischen den Geschlechtern gefunden.

Trotz des extrem geringen Stichprobenumfangs (2 bis 13 Bäume je Forstamt) wurden einige Parameter berechnet, um Anhaltspunkte für Vergleiche zu haben (*Tab. 2*). Die Anzahl der Allele pro Locus zeigt eine starke Abhängigkeit von der Stichprobengröße, während die Genpooldiversität, die zusätzlich die relativen Allelhäufigkeiten berücksichtigt, etwas ausgeglichener erscheint. Nur mit weiteren Untersuchungen kann geklärt werden, ob die im Material einzelner Forstämter nicht nachgewiesenen Allele wirklich fehlen oder nur bedingt durch die geringe Stichprobengröße nicht gefunden wurden. Die totale Populationsdifferenzierung wurde als Variationsmaß gewählt, um die unterschiedlichen Stichprobenumfänge besser zu berücksichtigen.

*Tabelle 2.* – Populationsgenetische Parameter.

Forstamt	1	2	3	4	5	6	7	8	Inland	Küste	alle
A/L	2.4	2.0	1.9	2.1	2.6	2.0	2.3	2.6	2.6	2.7	2.7
He	0.46	0.38	0.30	0.41	0.45	0.33	0.39	0.42	0.44	0.42	0.44
H	0.48	0.50	0.32	0.34	0.55	0.29	0.40	0.43	0.45	0.41	0.44
F	-0.04	-0.31	-0.04	0.14	-0.20	0.09	-0.02	-0.04	-0.00	0.01	0.04
Genpooldiversität	1.86	1.60	1.42	1.70	1.82	1.50	1.64	1.72	1.80	1.71	1.80
Totale Pop.-differenzierung	0.48	0.50	0.32	0.46	0.47	0.40	0.43	0.44	0.45	0.43	0.45
Subpopulationsdiff. (endl.)	0.17	0.17	0.16	0.19	0.11	0.15	0.20	0.10			0.15

Besonders auffallend sind die meist negativen F-Werte, die einen Überschuss an Heterozygoten im Vergleich zum HARDY-WEINBERG-Gleichgewicht anzeigen, sowie die ungewöhnlich großen Subpopulationsdifferenzierungen.

Am Genort PGI-B, der die größte Variation unter den untersuchten Loci besitzt, wird die Allelverteilung in den 8 Forstämtern Mecklenburg-Vorpommerns in der *Abbildung 1* dargestellt. Hier läßt sich eine deutliche geographische Differenzierung erkennen. Das Allel PGI-B1 nimmt in der Häufigkeit von Nordosten nach Südwesten zu, während die Häufigkeit des Allels PGI-B3 von Ost nach West abnimmt (Ausnahme Forstamt Gadebusch). Das Allel PGI-B2 ist in den Vorkommen an der Ostseeküste besonders häufig.

Um geographische Strukturen zu veranschaulichen, die nicht nur auf einem, sondern mehreren Genorten basieren, verwendeten wir die Hauptkomponentenanalyse, die die Darstellung der einzelnen untersuchten Vorkommen in einem 2dimensionalen Koordinatensystem erlaubt.

Bei der Hauptkomponentenanalyse entspricht jedes Vorkommen (alle untersuchten Individuen eines Forstamtes zusammen) einer Beobachtung, die durch mehrere numerische Variablen, hier die Allelfrequenzen an 7 polymorphen Loci, charakterisiert ist. Die Hauptkomponenten sind dann Linearkombinationen der numerischen Variablen, die absteigend nach ihrer Varianz geordnet sind. So kann bei der Verwendung der ersten beiden Hauptkomponenten als Achsen des Koordinatensystems ein beträchtlicher Teil der gesamten Variation dargestellt werden (Anteile an der Gesamtvarianz in Klammern an der Achsenbeschriftung).

In die *Abbildung 2* wurde neben den Eibenvorkommen der 8 Forstämter in Mecklenburg-Vorpommern zusätzlich ein artifizielles Vorkommen in Chorin bei Eberswalde im nördlichen Brandenburg (ca. 120 Bäume, unveröffentlicht) einbezogen. Aus der Graphik geht hervor, daß die Ostsee-Vorkommen (Forstämter Neu Pudagla, Werder, Born und Bad Doberan) deutlich von den Inlandvorkommen (Forstämter Gadebusch,

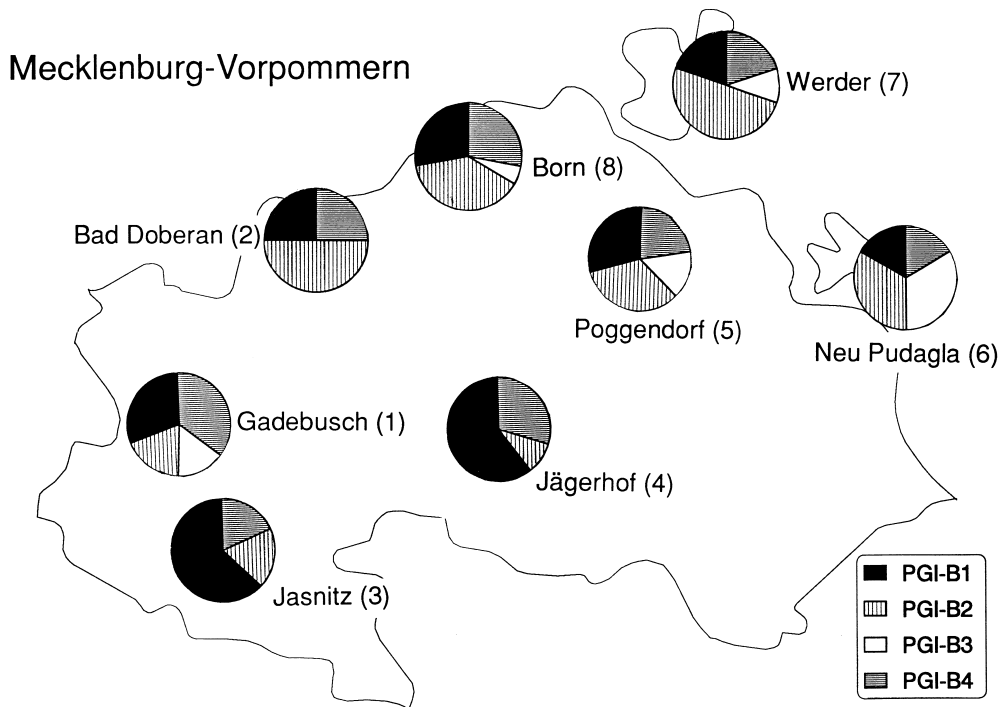


Abbildung 1. – Darstellung der relativen Allelhäufigkeiten am Locus PGI-B in Probenmaterial von Eiben aus 8 Forstämtern Mecklenburg-Vorpommerns.

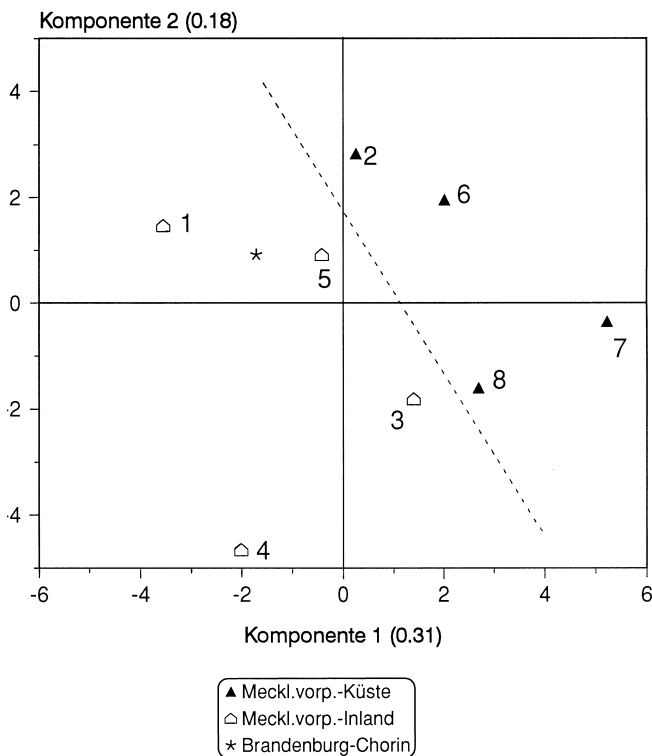


Abbildung 2. – Genetische Struktur von Eibenvorkommen (Hauptkomponenten), basieren auf 7 polymorphen Loci.

Jägerhof, Jasnitz und Poggendorf) separiert sind. Das Choriner Eibenvorkommen befindet sich hier inmitten der Mecklenburg-Inlandvorkommen.

In der Tabelle 3 sind die mittleren Allelfrequenzen getrennt nach Vorkommen an der Ostseeküste und im Inland Mecklenburg-Vorpommerns und die an einigen Loci erheblichen genetischen

Tabelle 3. – Allelfrequenzen an 7 polymorphen Enzymgenloci von Eiben aus Mecklenburg-Vorpommern, getrennt nach Vorkommen an der Ostseeküste und im Inland und genetischer Abstand, Vergleich der Häufigkeitsverteilungen mit dem FISHER-Test ( $p < 0,05^*$ ).

Genlocus	Allel	Inland (Forstämter 1, 3, 4, 5)	Küste (Forstämter 2, 6, 7, 8)	Genetischer Abstand
ADH-B	1	0.077	0.237	0.188 *
	2	0.051	0.079	
	3	0.872	0.684	
AAT-B	1	0.231	0.053	0.178 *
	2	0.769	0.947	
LAP-B	1	0.397	0.579	0.182
	2	0.603	0.421	
PGM-A	1	0.474	0.474	0.011
	2	0.090	0.079	
	3	0.436	0.447	
PGDH	1	0.577	0.579	0.002
	2	0.423	0.421	
PGI-B	1	0.410	0.237	0.206
	2	0.231	0.421	
	3	0.090	0.105	
	4	0.269	0.237	
SKDH-A	1	0.000	0.026	0.140 *
	2	0.833	0.947	
	3	0.167	0.026	

Abstände angegeben. Der mittlere genetische Abstand zwischen Inland- und Küstenvorkommen beträgt 0,13.

In einer 2. Hauptkomponentenanalyse (Abbildung 3) wurden, um ein größeres Areal des Verbreitungsgebietes der Eibe zu erfassen, Daten von 4 Beständen aus Hessen, Niedersachsen, Baden-Württemberg und aus der Schweiz hinzugefügt, deren Allelhäufigkeiten von THOMA (1995) veröffentlicht wurden. Für diese Analyse konnten nur die in beiden Untersuchungen gemeinsam verwendeten 4 Genorte AAT-B, PGM-A, PGI-B und SKDH-A mit insgesamt 12 Allelen genutzt werden. Leider war die Einbeziehung von Daten eines Genreservates in Polen (LEWANDOWSKI et al., 1995) aufgrund der nur teilweisen Zuordnung der Allelbezeichnungen nicht möglich. Die Graphik

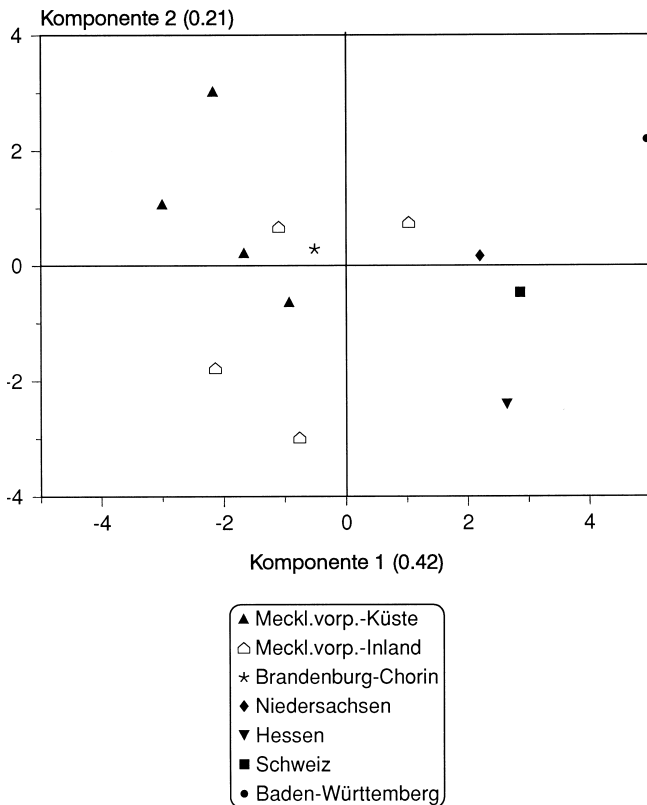


Abbildung 3. – Genetische Struktur von Eibenvorkommen (Hauptkomponenten), basieren auf 4 polymorphen Loci, unter Einbeziehung von Daten von THOMA (1995).

läßt erkennen, daß die genetischen Strukturen an vier polymorphen Loci mit der geographischen Lage der Vorkommen recht gut in der Richtung von Nordosten nach Südwesten übereinstimmen.

### Diskussion

Die Eibe nimmt eine Sonderstellung unter den Forstbaumarten insofern ein, daß sie kaum noch, wie andere Baumarten mit mehr oder weniger kontinuierlicher Verbreitung, Populationen im Sinne von Fortpflanzungsgemeinschaften im Untersuchungsgebiet bildet. Für diese Verbreitungsstruktur zeigt sie eine überraschend große genetische Variation auf der Ebene des Individuums, die sich in einem hohen Heterozygotiegrad von im Mittel 44% ausdrückt. Heterozygotiegrade in der gleichen Größenordnung besitzen auch die hier nicht näher beschriebenen Choriner Eiben und ebenso die Standorte, die von THOMA (1995) und LEWANDOWSKI et al. (1995) untersucht wurden, wobei das Spektrum der untersuchten Markerloci nur teilweise übereinstimmt.

Eine Ursache dafür ist sicher die ausschließliche Fremdbefruchtung der diözischen Eibe, die sich damit von den monözischen Baumarten mit partieller Selbstbefruchtung unterscheidet. Die hohen Heterozygotiegrade können im Zusammenhang mit dem meist zusätzlich vorhandenen Heterozygotenüberschuß (negative Fixierungsindizes) annehmen lassen, daß auch Selektionsprozesse an der Herausbildung dieser genetischen Struktur beteiligt sind.

Es konnte weder im Untersuchungsmaterial aus Mecklenburg-Vorpommern noch bei den Choriner Eiben ein Unterschied in den genetischen Strukturen zwischen weiblichen und

männlichen Bäumen nachgewiesen werden. Mit diesem Befund könnten die Untersuchungen, die nur weibliche Bäume berücksichtigten (THOMA, 1995; LEWANDOWSKI et al., 1995), als repräsentativ für den jeweiligen Bestand gelten.

Die Subpopulationsdifferenzierungen, die den genetischen Abstand eines Vorkommens zur Gesamtheit der übrigen angeben, liegen in Mecklenburg-Vorpommern mit 0,11 bis 0,20 in einem ähnlichen Bereich wie die von THOMA (1995) angegebenen paarweisen genetischen Abstände, jedoch weit über den für andere Forstbaumarten bekannten Werten.

Diese großen Differenzierungen zwischen den einzelnen Vorkommen könnten ebenso wie der hohe Heterozygotenanteil und die hohe Genpooldiversität als besondere Merkmale der Baumart Eibe angesehen werden.

Obwohl erst relativ wenige Individuen untersucht worden sind, zeichnet sich schon jetzt eine deutliche geographische Struktur innerhalb des bisher erfaßten Gebietes ab. Unterschiede bestehen vor allem zwischen den in dieser Arbeit beschriebenen Regionen Ostseeküste und Inland Mecklenburg-Vorpommerns und den südlicher gelegenen von THOMA (1995) untersuchten Eibenvorkommen aus Hessen, Niedersachsen, Baden-Württemberg und der Schweiz, die den Gradienten nach Südwesten hin fortsetzen. Innerhalb dieser 3 Regionen ist die Differenzierung nicht mehr geographisch strukturiert. Die vorgesehenen genetischen Analysen von Eibenvorkommen in Zusammenarbeit mit der Landesanstalt für Forsten in Sachsen erbringen sicher weitere Mosaiksteine zur Vervollständigung des Bildes.

Bestände aus Nachkommen, die auf Anpflanzungen von Eiben in der Vergangenheit zurückgehen, können durchaus erhaltenswert sein, wie das Beispiel der Choriner Eiben belegt, zumal ihre genetische Zusammensetzung annähernd der der benachbarten Relikte natürlicher Populationen entspricht.

Die Anlage von 2 nach den Regionen Ostseeküste und Inland getrennten Erhaltungsplantagen für die Baumart Eibe statt der bisher im „Konzept zur Erhaltung und Vermehrung wichtiger, seltener heimischer Baumarten in Mecklenburg-Vorpommern“ vorgesehenen einer Plantage scheint sinnvoll, wie die bisherigen Resultate der genetischen Untersuchungen zeigen. Die Plantagen sollten die Grundlage für eine schrittweise Vermehrung der Eibe auf generativem oder vegetativem Wege über eine zwischengeschaltete Baumschule sein.

Der anschließende Anbau könnte am Standort der derzeitigen Vorkommen diese mit den dazugehörigen Nachkommen erweitern und so zu einer leichteren Rekombination der Anlagen bei der natürlichen Verjüngung der nächsten Generation beitragen. Bei Einzelbaumvorkommen oder geringer Baumzahl sollten Nachkommen des nächstgelegenen Nachbarvorkommens mit eingebracht werden.

Darüber hinaus wäre der Waldbau in der Lage, geeignete Standorte für die Eibe zurückzugewinnen, insbesondere in Naturschutzgebieten oder Biosphärenreservaten.

Es liegt auf der Hand, daß neben schon eingeleiteten und weiteren Erhaltungsmaßnahmen auch der Züchtung eine Bedeutung zukommen soll. Erste Hinweise ergaben sich aus der Ermittlung der Gehalte an den therapeutisch wirksamen Stoffen 10-Deacetylbaecatin und Taxol von 18 der hier genetisch untersuchten Bäume aus Mecklenburg-Vorpommern. Dabei wiesen die 4 untersuchten Eiben des Forstamtes Jasnitz einen ca. 10fachen Gehalt an 10-Deacetylbaecatin im Vergleich zu den übrigen Probestämmen auf (HACKER, 1995). Es muß weiteren Versuchen vorbehalten werden zu klären, ob dieser Unterschied auf genetische Ursachen oder standörtliche Bedingungen zurückzuführen ist.

## Dank

Wir danken Herrn Dr. KÖHLER vom Landwirtschaftsministerium Mecklenburg-Vorpommerns für die Bereitstellung von Probenmaterial, die diese Untersuchungen ermöglicht haben, sowie den technischen Assistentinnen Frau E. EWALD und Frau M. SCHNECK für die Durchführung der Laborarbeiten zur Isoenzymanalyse.

## Literatur

GREGORIUS, H.-R.: Measurement of genetical differentiation among sub-populations. *Theor. Appl. Genet.* **71**, 826–834 (1986). — GREGORIUS, H.-R.: The relationship between the concepts of genetic diversity and differentiation. *Theor. Appl. Genet.* **74**, 397–401 (1987). — HACKER, C.: Untersuchungen zur Biosynthese des Baccatins. Diplomarbeit, Institut für Biochemie und Molekulare Biologie der Technischen Universität Berlin, 53 S. (1995). — HATTEMER, H.-H.: Die Populationsgenetik der Eibe. *Der Eibenfreund* 2/1996. Herausgeg. Informationsschrift für die Mitglieder der Eibenfreunde f. V., 26–33 (1995). — HATTEMER, H.-H., BERGMANN, F. und ZIEHE, M.: Einführung in die Genetik für Studierende

der Forstwissenschaft. J. D. Sauerländer's Verlag, Frankfurt am Main (1993). — HERTEL, H.: Vererbung von Isoenzymmarkern bei Eibe (*Taxus baccata* L.). *Silvae Genetica* **45**, 284–290 (1996). — LEWANDOWSKI, A., BURCZYK, L. and MEJNARTOWICZ, L.: Genetic structure of English yew (*Taxus baccata* L.) in the Wierzchlas Reserve: implications for genetic conservation. *Forest Ecology and Management* **73**, 221–227 (1995). — MATHE, A.: Das Eibenvorkommen am Choriner Weinberg. Diplomarbeit, Forstliche Fachhochschule Eberwalde. 100 S. (1996). — MEINHARDT, H. und SCHWIMMER, M.: Die Eibe in Thüringen. *Der Wald* **45**, 190 (1995). — OSTHOFF, H.: Die Eibe in der Medizin. *Der Eibenfreund* 2/1996. Herausgeg. Informationsschrift für die Mitglieder der Eibenfreunde f. V., 79–80 (1995). — SCHMITT, H. P.: Die Eibe im nordrhein-westfälischen Weserbergland. *AFZ* **288**, 195 (1995). — SCHNECK, H., GRIMM, M. und SCHNECK, D.: Konzept zur Erhaltung und Vermehrung wichtiger, seltener heimischer Baumarten in Mecklenburg-Vorpommern (1995). — THOMA, ST.: Genetische Unterschiede zwischen vier Reliktbeständen der Eibe (*Taxus baccata* L.). *Forst und Holz* **50**, 19–24 (1995). — THOMA, ST. und KLEINSCHMIT, J.: Grundlagen für die Erhaltung der Eibe (*Taxus baccata* L.). *Forst und Holz* **49**: 147–152 (1994).

# Untersuchungen zur genetischen Struktur der autochthonen Fichtenpopulation Carlsfeld im Erzgebirge und ihrer Nachkommenschaften als Grundlage zur Beurteilung der Effektivität von Generhaltungsmaßnahmen

Von G. GÄRTNER, H. WOLF und H. BRAUN

Sächsische Landesanstalt für Forsten, Abteilung Generhaltung, Saatgutwesen, Züchtung,  
D-01827 Graupa, Bundesrepublik Deutschland

(Eingegangen am 5. Juli 1996)

## Zusammenfassung

Die vorliegenden Untersuchungen hatten zum Ziel, einerseits die genetische Struktur der erzgebirgischen Fichtenpopulation Carlsfeld zu charakterisieren sowie andererseits die Möglichkeit der Einbeziehung von Herkunftsversuchen in *Ex-situ*-Generhaltungsmaßnahmen zu prüfen.

Die untersuchte Population Carlsfeld weist relativ hohe Werte der genetischen Vielfalt, Diversität und Heterozygotie auf, die höher als die mitteleuropäischen Durchschnittswerte und höher als die Werte ausgewählter Populationen aus anderen Herkunftsgebieten liegen. Desweiteren wurde gegenüber anderen Populationen eine höhere Anzahl seltener Allele beobachtet.

Mit den Untersuchungen wurde bestätigt, daß Nachkommenschaften aus verschiedenen Beerntungsjahren und an verschiedenen Anbauorten die genetische Struktur der Elternpopulation Carlsfeld repräsentieren. Damit erscheint eine Verwendung von Herkunftsversuchen, die mit züchterischen Zielvorstellungen angelegt worden sind, für *Ex-situ*-Generhaltungsmaßnahmen prinzipiell möglich.

**Schlagwörter:** Fichte, *Picea abies* (L.) KARST., SO<sub>2</sub>-Schäden, Generhaltung, Herkunftsversuche, Isoenzymanalyse, genetische Variation.

**FDC:** 232.11; 165.3; 165.52; 425.1; 174.7 *Picea abies*; (430); (234.5).

## Summary

Title of the paper: *Investigations on the genetic structure of the autochthonous Norway spruce population Carlsfeld in the*

*Ore mountains and its progenies as basis for the evaluation of the effectivity of gene conservation measures.*

The aim of the investigations presented was firstly to characterise the genetic structure of the Norway spruce population "Carlsfeld" in the Ore Mountains and secondly to evaluate the suitability of provenance trials for *ex-situ* gene conservation measures.

The population Carlsfeld showed high values of genetic diversity and heterozygoty as compared to the average values in Central Europe and to populations of other parts of the distribution area. Further on, a high number of rare alleles could be observed.

According to the results progenies descended from different seed collection years and planted at different trial plots represent the genetic structure of the parent population Carlsfeld. Consequently, the use of provenance trials established according to breeding aims seems principally possible for *ex-situ* gene conservation measures.

**Key words:** Norway spruce, *Picea abies* (L.) KARST., SO<sub>2</sub>-damages, gene conservation, provenance trials, isozyme analysis, genetic variation.

## Einleitung

Die Fichte (*Picea abies* (L.) KARST.), die im Erzgebirge maßgeblich an den potentiell natürlichen Waldgesellschaften beteiligt ist, bildet derzeit mit 83% den Hauptanteil an der Baumartenzusammensetzung der Wälder im Erzgebirge. Seit Mitte der 60er Jahre treten im Erzgebirge anhaltende Schäden an