

Diss. ETH Nr. 11849

Untersuchungen über die genetische Variation der Weisstanne
(*Abies alba* Mill.) unter dem Aspekt der *in situ* Erhaltung
genetischer Ressourcen in der Schweiz

Abhandlung

zur Erlangung des Titels

Doktor der Naturwissenschaften

der

Eidgenössischen Technischen Hochschule Zürich

vorgelegt von

Erwin Hussendörfer

Diplom-Forstwirt

geboren am 3. November 1964

von Deutschland

Angenommen auf Antrag von

Prof. Dr. J.-Ph. Schütz Referent

Prof. Dr. G. Müller-Starck Korreferent

1996

Zusammenfassung

Titel: Untersuchungen über die genetische Variation der Weisstanne (*Abies alba* Mill.) unter dem Aspekt der *in situ* Erhaltung genetischer Ressourcen in der Schweiz

Ziel der vorliegenden Untersuchung war die Untersuchung genetischer Variation der Weisstanne unter dem Aspekt der *in situ* Erhaltung genetischer Ressourcen in der Schweiz. In diesem Zusammenhang wurden - unter besonderer Berücksichtigung der Verhältnisse und Zielsetzungen in der Schweiz - methodische Problemstellungen und Rahmenbedingungen diskutiert, die für die Konzeption und Durchführung einer Erhaltungsmassnahme von Bedeutung sind. Einen wesentlichen Teil der Ausführungen nimmt die Darstellung der nacheiszeitlichen Waldentwicklung während bzw. nach der letzten Eiszeit ein. Diese wird als der entscheidende Faktor hinsichtlich der Ausbildung geographisch-genetischer Variationsmuster angesehen und stellt damit eine wichtige Grundlage zur Auswahl der Versuchsflächen dar.

Die genetischen Inventuren berücksichtigten zur Beurteilung geographisch-genetischer Variationsmuster 18 Kollektive in der Schweiz sowie 2 in Italien (Südtirol, Toskanischer Apenninen), zur Untersuchung der natürlichen Regeneration genetischer Ressourcen 3 Naturverjüngungskollektive und zur Beurteilung der künstlichen Regeneration genetischer Ressourcen 4 Kollektive eines Provenienzversuches. Pro Kollektiv wurden 100 Bäume mit Hilfe einer systematischen Punktstichprobe auf einer Fläche von jeweils ca. 10 Hektaren beprobt. Am Beispiel des Kollektives *Zofingen* wurde eine zusätzliche Stichprobe zur Überprüfung möglicher Effekte des Stichprobendesigns untersucht.

Die Entwicklung bzw. Modifizierung biochemisch-genetischer Methoden erfolgte an Einzelbaumabsaaten, Knospen- und Nadelgewebe von ca. 100 Individuen. Insgesamt konnten 14 polymorphe Isoenzym-Genorte zur Erfassung genetischer Variation routinemässig berücksichtigt werden.

Die Ergebnisse der genetischen Inventuren können folgendermassen zusammengefasst werden:

- (1) Der Vergleich unterschiedlicher Stichprobenverfahren (systematische Punktstichprobe vs. systematisches Baum-Abstandsverfahren) ergibt über verschiedene genetische Variationsparameter hinweg an einzelnen Genloci deutliche und zum Teil statistisch signifikante Unterschiede. Diese Befunde werden insbesondere auf methodische Effekte in Abhängigkeit vom Stichprobenumfang zurückgeführt.
- (2) In der durchschnittlichen Anzahl an Allelen pro Genlocus (A/L), im quantitativen Anpassungspotential M_α ($\alpha \geq 2\%$) bzw. in den Allelhäufigkeiten $\geq 5\%$ weisen die Kollektive keine ausgeprägten Unterschiede auf. Es ergeben sich damit auch keine konkreten Hinweise auf einen Verlust an genetischer Variation im Zusammenhang mit der nacheiszeitlichen Rückwanderung.
- (3) Die Betrachtung der Allelverteilung pro Genlocus ergibt über alle Flächen insgesamt ein sehr heterogenes Bild. Ausgeprägte klinale Veränderung der Allelhäufigkeiten werden an keinem Genlocus offensichtlich. Lediglich an den Genloci der Aminopeptidasen (AP-A, -C, -D) ergeben sich Hinweise auf mögliche adaptive Zusammenhänge mit standörtlichen, insbesondere bodenchemischen Faktoren. Diskriminierende Allele, die Rückschlüsse auf eiszeitliche Refugien erlauben, werden nicht beobachtet.
- (4) Die Werte der aktuellen Heterozygotie (H_A) liessen zwischen den untersuchten Kollektiven nur geringe Unterschiede erkennen, die Kollektive unter heterogenen Umweltbedingungen weisen allerdings eine Tendenz zu höherer Heterozygotie auf.

- (5) Die Werte der Diversitätsparameter v bzw. v_{gam} weisen deutliche Unterschiede zwischen den Kollektiven ausserhalb und im Alpenraum auf, wobei für Kollektive im Alpenraum die mittleren Werte grösser sind. Diese Befunde spiegeln die Bedeutung genetischer Diversität für das Überleben unter komplexen bzw. heterogenen Umweltsituationen wider.
- (6) Die Bewertung der genetischen Differenzierung δ unterstreicht ebenfalls die Heterogenität der genetischen Strukturen. Einzelne Werte lassen Besonderheiten erkennen, die möglicherweise im Zusammenhang mit der nacheiszeitlichen Waldentwicklungen stehen. Am deutlichsten differenziert ist das mittelitalienische Kollektiv *Abetone* mit 8.3 % im Mittel und bis rund 41 % am Genort AP-A oder rund 21 % am Genort 6PGDH-A. Diese Befunde sprechen möglicherweise gegen die Hypothese der Einwanderung lediglich aus einem einzigen Refugium in Mittelitalien. Der Vergleich nach Regionen ergibt eine geringere genetische Differenzierung in den Regionen *Jura* bzw. *Voralpen/Mittelland*, hingegen eine deutliche genetische Differenzierung in den Regionen *Schweizer Alpen* bzw. *Alpen-Südseite*.
- (7) Der paarweisen Vergleich von Kollektiven unter verschiedenen Expositionen zeigt, dass offensichtlich selbst kleinräumige Heterogenität der Umweltbedingungen zu einer signifikanten genetischen Differenzierung genetischer Strukturen führen kann.
- (8) Aufgrund des Vergleichs zwischen der natürlichen und künstlichen Regeneration von Waldbeständen - und damit der in ihnen repräsentierten genetischen Ressourcen - werden Naturverjüngungsverfahren empfohlen. Die Ergebnisse legen auch den Schluss nahe, dass bei der Anlage und Durchführung von ökologischen oder physiologischen Untersuchungen die Variable "Genotyp" stärker berücksichtigt werden sollte.

Gesamthaft können die Ergebnisse der genetischen Inventuren keine endgültige Klärung des eiszeitlichen Refugialverhaltens bzw. der nacheiszeitlichen Waldentwicklung für die Weisstannenvorkommen der Schweiz erbringen. Es ergaben sich allerdings Hinweise, dass die differenzierte Rückwanderung in die Schweiz möglicherweise nicht nur von einer einzigen Refugialpopulation in Mittelitalien ausging.

Die Beobachtung einer deutlichen genetischen Differenzierung im Alpenraum (*Schweizer Alpen* und *Alpen-Südseite*) gegenüber Regionen ausserhalb des Alpenraumes (*Jura*, *Voralpen*, *Mittelland*) wurde im Zusammenhang mit dem eiszeitlichen Refugialverhalten, der nacheiszeitlichen Waldentwicklung als auch adaptiven Prozessen und damit der Ausbildung von Ökotypen erklärt. Unter heterogenen und/oder komplexen Umweltsituationen, können nach den vorliegenden Befunden adaptive Prozesse sogar zu einer grösseren genetischen Differenzierung führen, als dies infolge verschiedener waldgeschichtlicher Entwicklungen möglich ist.

Für die Erhaltung genetischer Ressourcen werden aufgrund dieser Befunde folgende Schlussfolgerungen abgeleitet:

Es wird empfohlen, im Alpenraum ein dichteres Netz an Erhaltungseinheiten gegenüber weniger Erhaltungseinheiten ausserhalb des Alpenraumes zu etablieren, wobei deren Grösse sich an den waldbaulichen Gegebenheiten und Möglichkeiten orientieren sollte. Für die Regeneration genetischer Ressourcen ist der Naturverjüngung der Vorzug zu geben. Um die Erhaltung genetischer Ressourcen umfassend realisieren zu können, erscheint die Integration dieser Aufgabe in die forstliche Planung und Tätigkeit als Bestandteil der forstlichen Nachhaltigkeit notwendig.

Summary

Title: Investigation on genetic variation in Silver fir populations (*Abies alba* Mill.) for the *in situ* preservation of genetic resources in Switzerland

The objective of this study is to describe genetic variation in Silver fir populations, to characterize genetic resources, and to determine forest gene reserves for the *in situ* preservation of genetic variation in Switzerland. The introduction discusses measures and strategies for the conservation of genetic resources, e.g. measures for declaring genetic resources, political conditions, ecology, and management of Silver fir. Also reported is the history of Silver fir, which is regarded as an important factor for today's spatial genetic differentiation, including questions on glacial refugias, postglacial re-immigration, and human impact.

Indigenous populations within the natural range of Switzerland (18 populations) and Italy (2 populations) were chosen for the investigation on genetic variation. The populations were selected on the basis of historical (e.g. supposed glacial refugias, postglacial re-immigration) and ecological conditions (e.g. natural ranging, site conditions). Furthermore, in order to study possible effects of regeneration on genetic resources, genetic structures of adult populations and 3 naturally regenerated offspring populations were compared, as well as those of 4 artificially regenerated offspring populations.

Based on a square grid system, 100 individuals were systematically selected from each population and from each offspring. Based on a system of five-tree sample plots, 100 trees within one stand were additionally selected for the comparison of the two different sampling strategies.

The inheritance and linkage of isoenzymes was studied using megagametophytes, embryos, and leaf and bud tissues from single trees (results published in HUSSENDÖRFER *et al.* 1995). For each tree, multilocus genotypes could be identified at 14 polymorphic enzyme coding gene loci. Spatial allelic distribution is described for each gene locus, and genetic parameters are compiled (genetic multiplicity, heterozygosity, diversity, genetic differentiation, and genetic distance). The following results are evident:

- (1) The comparison of different sample strategies reveals significant deviations which seem to largely be caused by effects of sample size.
- (2) Among Silver firs from central or northern Italy and Switzerland, no significant deviations are obvious - neither in genetic multiplicity nor in the occurrence of unique alleles. Patterns of clinal variation were not observed at any of the gene loci. However, genetic structures showed a distinct heterogeneity.
- (3) Levels of observed heterozygosity deviate little among populations, and are only slightly greater for populations of heterogeneous environments.
- (4) Gene pool diversity and particularly hypothetical gametic diversity are considerably greater in populations of the alpine region than in populations of other regions.
- (5) A significant deviation of genetic differentiation levels was observed between populations and between regions. This can primarily be explained by local adaptation to specific site conditions and by the heterogeneity of environmental conditions in different regions. Effects of different glacial refugias, postglacial re-immigration and human impact may also be evident in some populations.
- (6) Regeneration of genetic resources of the Silver fir should be performed naturally.

Overall, the current knowledge of the genesis and history, as well as the status quo of genetic variation of the Silver fir in Switzerland is considered to be incomplete. Nevertheless, significant deviations in genetic structures between populations or regions can be observed. It is assumed that genetic deviation is especially dependent on processes of adapting to heterogeneous or specific environmental conditions, rather than on effects of historical conditions.

For the determination of forest gene reserves, these results lead to the conclusion that a larger number of gene reserves should be established under heterogeneous environmental conditions, especially within the *Alpine Region* and the *South-Alpine Region*. In order to extensively conserve genetic resources, it is necessary to realize the preservation of genetic variation as an essential goal in sustainable management of forest ecosystems.