

Genetik, Ökologie, Forstwirtschaft: Zusammenhänge und Perspektiven

Reiner Finkeldey

Abteilung Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Georg-August-Universität Göttingen (DE)*

Genetics, ecology, forest management: connections and perspectives

Our understanding of the genetic variation of forest trees and its dynamics is rapidly increasing. The glacial eras, postglacial migration and human transfer of reproductive material had deep impacts on genetic variation patterns of European forest trees. The genetic basis of variation at adaptive traits and traits of economic importance is currently investigated by molecular genetic approaches eventually leading to a better understanding of the functional importance of intraspecific variation for forest ecosystems. Important applications of forest genetic research including breeding, conservation and adaptation to changing environments are briefly described based on current fields of research. The establishment and observation of field trials, complemented by a molecular investigation of variation patterns in genes coding for adaptive traits, continues to be a main field of research. The potential for the use of transgenic trees is regarded as low in central Europe. The origin of forest reproductive material is routinely tested based on genetic markers in Germany. Forest genetics contributes to the protection of natural resources by the development and implementation of methods to conserve forest genetic resources. In addition, molecular genetic tools are developed to test the origin of wood and wood products and to identify illegally traded wood; first encouraging results have been obtained. Evolutionary processes must not be neglected within the context of adaptation to global change. The development of strategies to mitigate climate change effects on forests in central Europe should consider the genetic variation of tree species by the promotion of adaptive potentials. The current knowledge does not allow to propose long-distance seed transfer from south to north as a universal approach to promote adaptation to climate warming in Europe.

Keywords: adaptive variation, climate change, forest conservation, forest genetic resources

doi: 10.3188/szf.2010.0198

* Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie, Büsgenweg 2, DE-37077 Göttingen, E-Mail rfinkel@gwdg.de

Vor etwa 40 Jahren listete Rohmeder (1970) in einem kurzen Artikel in der Schweizerischen Zeitschrift für Forstwesen seine Einschätzung zur künftigen Bedeutung der Genetik für die Forstwissenschaften auf. Er erwartete, dass im Jahr 2000 die Forstpflanzenzüchtung so weit fortgeschritten sein würde, dass nahezu das gesamte forstliche Vermehrungsgut entweder aus vegetativer Vermehrung geprüfter Klone oder, zu geringeren Anteilen, aus Samenplantagen hervorgeht. Mutationszüchtung einschliesslich der Herstellung polyploider Pflanzen durch Colchizinbehandlung sollten wichtige Züchtungsmethoden darstellen. Die gezielte Änderung und Verbesserung von Genen durch «chemische Einwirkung auf die DNA» wurde als Perspektive angedeutet. Der Artikel von Rohmeder gibt Erwartungen an das Fach Forstgenetik aus dieser Zeit zu treffend wieder. Eine retrospektive Betrachtung der Ergebnisse forstgenetischer Forschung zu Beginn des

21. Jahrhunderts zeigt jedoch, dass nur sehr wenige dieser Erwartungen eingetreten sind. Zumindest in Mitteleuropa wird forstliches Vermehrungsgut nach wie vor weit überwiegend in rein phänotypisch selektierten Beständen produziert und als züchterisch kaum bearbeitetes Saatgut oder als Sämlinge in den Handel gebracht. Ergebnisse neuerer forstgenetischer Arbeiten scheinen auf den ersten Blick oft nur eine marginale Bedeutung für andere Disziplinen der Forstwissenschaften und die praktische Forstwirtschaft zu haben.

Ist Forstgenetik also eine Wissenschaft uneingelöster Versprechen, die, weitgehend losgelöst von anderen Fächern, ein isoliertes Gebiet am Rande der Forstwissenschaften bearbeitet? Die folgenden Ausführungen sollen zeigen, dass gerade das Gegenteil tatsächlich der Fall ist, wenn auch, wie häufig in den Wissenschaften, bedeutsame Fortschritte in Gebieten erreicht wurden, die lange Zeit nicht im Zent-

rum des Interesses standen. Unser heutiges Verständnis der genetischen Diversität von Waldbäumen und anderen Organismen des Waldes belegt die unverzichtbare Bedeutung der Berücksichtigung genetischer Aspekte bei Diskussionen über die nachhaltige Nutzung und den Schutz von Wäldern. Der Spagat zwischen grundlagenorientierter Forschung und Arbeiten mit konkretem Anwendungsbezug, zu dem auch andere biologisch/ökologisch orientierte Fächer der Forstwissenschaften aufgerufen sind, ist in neueren forstgenetischen Arbeiten geglückt. Die Beschäftigung mit der Genetik von Bäumen und anderen Organismen des Waldes wie Wildtieren, Insekten, Pilzen und Mikroorganismen ist nicht nur ein wissenschaftlich interessantes und sich rasant entwickelndes selbstständiges Forschungsgebiet, sondern liefert, häufig in gemeinsamen Projekten mit anderen Zweigen der Forstwissenschaften und der Biologie,¹ auch wichtige Grundlagen für praxisnahe Anwendungen.

Molekulargenetik und prioritäre Forschungsfelder

Wohl kein anderes Forschungsgebiet in der Biologie ist in den vergangenen Jahren einem so rasanten Wandel unterlegen wie die Molekulargenetik. Erste Berichte über die nahezu vollständige Sequenzierung des menschlichen Genoms erfolgten im Jahr 2001 (Venter et al 2001), als vollständig entschlüsselt gilt es seit 2003 (Collins et al 2003). Nur kurze Zeit später, nämlich im Jahr 2008, hat ein Konsortium begonnen, die Genome von mindestens 1000 Menschen innerhalb von drei Jahren vollständig zu sequenzieren (Kaiser 2008). Inzwischen hat die Firma «Complete Genomics» sogar angekündigt, bereits in diesem Jahr (2010) etwa 10000 menschliche Genome vollständig zu sequenzieren.² Die Kosten für die Sequenzierung eines menschlichen Genoms werden von etwa 100 Millionen Dollar im Jahr 2005 auf ungefähr 5000 Dollar ab dem Jahr 2011 fallen. Das Genom eines Waldbaums, nämlich der Pappel *Populus trichocarpa*,

wurde ebenfalls bereits sequenziert. Unerwartet war beispielsweise das Ergebnis, dass es mehr Funktionsgene, deren Information in Proteine umgeschrieben wird, enthält als das menschliche Genom, obwohl es wesentlich kleiner ist (Tabelle 1; Tuskan et al 2006). Auch für viele andere Baumarten zum Beispiel der Pinaceen (Kiefern, Fichten) und Fagaceen (Eichen, Kastanie) sind in den vergangenen Jahren umfangreiche Informationen über ihre «genomischen Ressourcen» zusammengetragen worden, die nun zur Charakterisierung genetischer Variationsmuster auf unterschiedlichen Ebenen und mit verschiedenen Zielen genutzt werden können (z.B. Namroud et al 2008), wie die folgenden Beispiele näher belegen.

Wir wissen daher heute nicht nur, dass Waldbäume im Vergleich zu anderen Organismen über hohe genetische Variation verfügen (Hamrick & Godt 1996), sondern haben auch ein wesentlich besseres Verständnis der evolutionären Vergangenheit vieler Waldbaumpopulationen als noch vor wenigen Jahren (Gugerli & Sperisen 2010, dieses Heft). Zudem können neue molekulargenetische Methoden genutzt werden, um die genetischen Grundlagen der Variation an anpassungsrelevanten und ertragsbestimmenden Merkmalen zu verstehen und um ein Verständnis der funktionalen Bedeutung von genetischer Variation für naturnahe Ökosysteme zu erlangen.

Abstammungsrekonstruktion und Evolutionsgeschichte

Genetische Variation innerhalb einer Baumart findet sich nicht nur an Genen mit bekannter Funktion, sondern auch in vielen Bereichen der DNA, die keine für die Synthese von Enzymen und anderen Polypeptiden wichtige Informationen enthalten und die keine besondere Bedeutung zu haben scheinen. Deren Variation wird daher oft als «anpassungsneutral» betrachtet. Die Beobachtung dieser «neutralen» Variation ist methodisch vergleichsweise einfach, erlaubt aber gleichwohl bedeutsame Rückschlüsse auf die Vergangenheit von einzelnen Bäumen oder ganzen Beständen. So kann etwa die Verbreitung genetischer Information innerhalb von Beständen durch Pollen und Samen mittels Elternschaftsanalysen und auf der Basis verschiedener Modelle (Burczyk & Koralewski 2005) untersucht werden.

Die Beobachtung der Variation der DNA von Chloroplasten und Mitochondrien erlaubt in vielen Fällen interessante Rückschlüsse auf die weiter zu-

Art	Anzahl Chromosomen (n)	Genomgröße		Anzahl Gene (n)
		Basenpaare (bp × 10 ⁶)	Länge (cm)	
<i>Escherichia coli</i>	–	< 5	0.1	4 300
<i>Arabidopsis thaliana</i>	5	ca. 115	ca. 3	25 500
<i>Populus trichocarpa</i>	19	ca. 500	ca. 16	> 41 000
<i>Homo sapiens</i>	23	ca. 3 000	ca. 100	< 25 000
<i>Pinus sylvestris</i>	12	ca. 25 000	ca. 800	unbekannt

Tab 1 Genomgrößen beim Bakterium *Escherichia coli*, bei der krautigen Modellpflanze *Arabidopsis thaliana*, der nordamerikanischen Pappel *Populus trichocarpa*, dem Menschen (*Homo sapiens*) und der Waldkiefer (*Pinus spp.*). Angegeben sind die Grösse des haploiden Chromosomensatzes, die Genomgröße in Millionen Basenpaaren (bp × 10⁶) sowie als hypothetischer DNS-Strang in cm und die ungefähre Zahl der für Proteine kodierenden Gene.

1 Z.B. Projekt Klimafolgenforschung in Niedersachsen (KLIF), www.kliff-niedersachsen.de/vweb5-test.gwdg.de/?page_id=26, und die Forschungsplattform Biodiversitätsexploratorien, www.biodiversity-exploratories.de (24.3.2010).
2 www.biotechniques.com/news/Complete-Genomics-lowers-third-generation-sequencing-price-to-under-5000/biotechniques-180414.html (3.5.2010)

rückliegende evolutionäre Vergangenheit von Populationen, da diese Bereiche der DNA nur über einen Elternteil, also uniparental, weitergegeben werden und nur selten mutieren. Die Populationsgeschichte europäischer Waldbaumarten ist im Wesentlichen durch die letzte Eiszeit und die nacheiszeitliche Rückwanderungsgeschichte (Petit et al 2003) sowie, je nach Baumart und Region sehr unterschiedlich, durch den Menschen, der Vermehrungsgut oft weiträumig verfrachtet hat (z.B. Gailing et al 2007), bestimmt. Diese Prozesse haben Spuren in der genetischen Variation von Waldbäumen hinterlassen, die insbesondere durch die Untersuchung uniparental vererbter Genmarker sichtbar werden. Gugerli et al (2010, dieses Heft) beschreiben in ihrem Beitrag die Bedeutung der Populationsgeschichte für die genetische Variation von europäischen Baumarten.

Die Suche nach «wichtigen» Genen

Ein bedeutsames Anwendungspotenzial für Untersuchungen zur genetischen Variation ergibt sich insbesondere dann, wenn es gelingt, die Bedeutung der Variation an bestimmten Genorten für anpassungsrelevante oder ertragsbestimmende Merkmale zu erkennen (González-Martinez et al 2006). Es sollen bei solchen Ansätzen häufig bestimmte Genotypen mit phänotypischen Merkmalsausprägungen korreliert und in einen funktionalen Zusammenhang gebracht werden, um die genetischen Grundlagen der Variation ökologisch oder ökonomisch bedeutsamer Merkmale, also adaptiver und ertragsbestimmender Eigenschaften, auf der Basis «populationsgenomischer» Ansätze besser zu verstehen (Krutovsky 2006).

Durch die Untersuchung der Variation an vermutlich selektionsneutralen genetischen Markern und von adaptiven Merkmalen in Nachkommen aus kontrollierten Kreuzungen ist es möglich, die Bedeutung bestimmter Bereiche der DNA für anpassungsrelevante Variation zu erkennen. Entsprechende Untersuchungen zur Identifikation von sogenannten «Quantitative Trait Loci» (QTL) werden von Gailing (2010, dieses Heft) vorwiegend am Beispiel von Eichen (*Quercus* sp.) dargestellt. Diese Untersuchungen zeigen die Bedeutung einzelner Gene für adaptive Merkmalsvariation und erlauben die grobe Lokalisierung der Gene mit grossem Einfluss auf den Chromosomen relativ zu den beobachteten Marker-Genorten (Gailing et al 2008), ohne dass die kontrollierenden Gene damit selbst präzise erkannt oder funktional charakterisiert wären. Zum letztgenannten Zweck ist die Variation an «Kandidatengen», also Genen mit einer möglichen Bedeutung für ein bestimmtes Merkmal, mit phänotypischer Variation in grossen Populationen zu assoziieren (Krutovsky & Neale 2005). Erste Ergebnisse, die solche Assoziationen belegen, liegen zum Beispiel für die Aspe (*Populus tremula*) vor, bei der Assoziationsuntersuchungen eine Kontrolle des Vegetationsab-

schlusses durch ein bekanntes Gen nahelegen (Ingvarsson et al 2006). Die Effekte einzelner Genorte scheinen aber recht klein zu sein und in der Regel nur wenige Prozent der Gesamtvariation an anpassungsrelevanten Merkmalen zu erklären; entsprechend schwer ist ihr Nachweis.

Funktionale Bedeutung von genetischer Variation für Ökosysteme und ihre Dienstleistungen

Untersuchungen zur Biodiversität auch komplexer Ökosysteme widmen sich über die reine Beschreibung biologischer Vielfalt hinaus seit einiger Zeit vermehrt der Analyse von deren Bedeutung für Ökosystemprozesse (Loreau et al 2001) und für die Dienstleistungen von Ökosystemen (Steffan-Dewenter et al 2007). Forschungsbedarf besteht hier insbesondere hinsichtlich der diesbezüglich bislang kaum untersuchten ökosystemaren Bedeutung innerartlicher Variation (Whitham et al 2008). In intensiv genutzten landwirtschaftlichen Produktionssystemen leistet genetische Variation einen unverzichtbaren Beitrag zur langfristigen Erhaltung beziehungsweise Steigerung der Produktivität durch Pflanzenzüchtung (Dekkers & Hospital 2002). Der Stand des Wissens ist in komplexeren naturnahen Ökosystemen (Müller-Starck et al 2005) und bei züchterisch nicht oder weniger bearbeiteten Arten noch geringer. Gerade aus diesem Grund ist weitere Forschung zur Untersuchung der Bedeutung genetischer Variation für die nachhaltige Nutzung von Waldökosystemen besonders dringlich.

Viele Problemstellungen in diesem Umfeld sind eng mit der menschlichen Einflussnahme auf Ökosysteme verknüpft (Finkeldey & Ziehe 2004). Genetische Variation kann durch Degradierung oder Fragmentierung von Ökosystemen verloren gehen und ist somit ein bedeutsamer Teil zu schützender natürlicher Ressourcen. Andererseits stellt genetische Variation nicht nur einen wesentlichen Teil des Problems, sondern auch einen Beitrag zur Lösung dar, da sie Voraussetzung für evolutionäre Anpassungsprozesse an in der Regel durch den Menschen bewirkte Umweltveränderungen ist. Die Fähigkeit von Waldbäumen, sich auch an extreme Umweltveränderungen rasch anpassen zu können, ist vielfach belegt (Abbildung 1), auch wenn die Anpassungsmechanismen häufig noch unklar sind.

Anwendungen

Das Erscheinungsbild eines Baumes, sein Phänotyp, ergibt sich aus dem komplexen Zusammenspiel der in ihm gespeicherten genetischen Information, seines Genotyps, mit den Umweltbedingungen, denen der Baum ausgesetzt war und ist. Dieser seit Langem bekannte, einfache Sachverhalt stellt nach



Abb 1 Kiefern (*Pinus sylvestris*) in unmittelbarer Nähe zum explodierten Atommeiler in Tschernobyl (im Hintergrund) zeigen Schadenssymptome, konnten sich aber anpassen.

wie vor die wichtigste Grundlage für die Berücksichtigung der Rolle genetischer Information zum Verständnis der Anpassbarkeit und des Wachstums von Bäumen und Beständen dar.

Züchtung, also die gezielte Auswahl von bestimmten Genotypen für den Anbau, ist eine wichtige Möglichkeit zur Steigerung des Ertrags von künstlich verjüngten Beständen. Moderne Züchtungsmethoden basieren nach wie vor auf Feldversuchen; molekulare Arbeiten können Züchtung von Waldbäumen jedoch effektiver machen. Genetische Ressourcen sind eine unverzichtbare Grundlage für die Erhaltung naturnaher Ökosysteme und für eine nachhaltige Forstwirtschaft; es werden daher auch forstgenetische Beiträge zum Schutz natürlicher Lebensgrundlagen angesprochen. Vor dem Hintergrund sich rasch ändernder Umweltbedingungen ist die Analyse der Chancen und Risiken genetischer Anpassungsstrategien zum Beispiel an den Klimawandel eine wichtige Herausforderung an die forstgenetische Forschung.

Konventionelle Züchtung

Forstpflanzenzüchtung basiert zu wesentlichen Anteilen auf der jahrzehntelangen Beobachtung anpassungsrelevanter und ertragsbestimmender Variation in langfristig angelegten Feldversuchen (Williams et al 2002). Die Anlage, Betreuung, intensive Beobachtung und Auswertung dieser Versuche (insbesondere Herkunftsversuche, Nachkommenschaftsprüfungen und Klontests) mittels quantitativ-genetischer Methoden ist daher auch künftig unverzichtbar. Eine Tendenz zur Abnahme der Zahl beobachteter Versuchsflächen in Mitteleuropa gibt daher Anlass zur Besorgnis, zumal die für komplexe quantitativ-genetische Untersuchungen erforderliche Expertise verloren zu gehen droht.

Züchtungsziele ändern sich mit neuen ökonomischen und ökologischen Rahmenbedingungen; Programme sind entsprechend anzupassen. Stand noch vor Kurzem allein eine Ertragssteigerung durch Verbesserung von Massen- oder Wertleistung im Zentrum von Züchtungsvorhaben bei Waldbäumen, so ist heute sicher auch die Variation der Umweltbedingungen in Raum und Zeit zu berücksichtigen. Züchtungsverfahren wie das von Namkoong (1984) vorgeschlagene «multiple population breeding», die die Heterogenität von Umweltbedingungen berücksichtigen und die Schaffung differenzierter Populationsstrukturen sowie die Etablierung von Populationen mit bestimmten Eigenschaften und unterschiedlichem Anpassungsverhalten zum Ziel haben, sind besonders geeignet, Züchtungs- und Erhaltungsziele in einer kohärenten Strategie miteinander zu verbinden (Eriksson et al 1993).

Ein funktionales Verständnis der genetischen Grundlagen adaptiver und ertragsbestimmender Merkmale setzt neben der molekularen Charakterisierung möglicherweise bedeutsamer Gene auch die Beobachtung der phänotypischen Merkmale in den gleichen Kollektiven voraus (González-Martínez et al 2006). Nicht zuletzt aus diesem Grund ist eine künftig verstärkte Zusammenarbeit molekular und quantitativ-genetisch ausgerichteter Forschung in der Forstpflanzenzüchtung geboten.

Gentechnische Veränderung von Waldbäumen

Waldbäume können genau wie andere Organismen mit gentechnischen Methoden verändert werden (Rautner 2001). Nach einer solchen Veränderung ergeben sich bei vielen Pflanzen phänotypisch sichtbare Effekte, die auch züchterisch genutzt werden können (Sedjo 2006). Die Nutzung gentechnischer Methoden kommt bei Waldbäumen in erster Linie im Rahmen sehr intensiver Produktionssysteme sowie für spezielle Anwendungen auf kleinen, beispielsweise kontaminierten Flächen (Peuke & Renenberg 2005) in Betracht. Mit den gegenwärtig verfügbaren gentechnischen Methoden können nur einzelne oder sehr wenige Gene verändert werden. Ein Züchter ist aber an der Optimierung von vielen Merkmalen interessiert, von denen jedes einzelne in der Regel von wiederum vielen Genen bestimmt wird. Gentechnische Veränderungen können daher konventionelle Züchtungsprogramme nicht ersetzen, sondern diese allenfalls ergänzen. Da fortgeschrittene konventionelle Forstpflanzenzüchtung in Mitteleuropa mit der Ausnahme von Pappeln eine nur untergeordnete Rolle spielt und in den vergangenen Jahrzehnten wenig gefördert wurde, ist die Basis für die Nutzung gentechnisch veränderter Bäume entsprechend klein. Mit Ausnahme einiger Pappelplantagen in China gibt es auch in den anderen Regionen der Welt bislang keine kommerziellen

Plantagen mit gentechnisch modifizierten Waldbäumen, während weltweit bereits im Jahr 2004 auf über 80 Mio. ha landwirtschaftlicher Nutzfläche gentechnisch veränderte Kulturpflanzen, insbesondere Mais, Soyabohne und Baumwolle, angebaut wurden (White et al 2007).

Die Nutzung gentechnisch veränderter Bäume wird weltweit von weiten Teilen der Öffentlichkeit kritisch betrachtet (Sedjo 2006). Viele der von Kritikern vorgebrachten Argumente sind wenig stichhaltig und überschätzen Risiken ebenso, wie der potenzielle Nutzen vernachlässigt wird (Strauss et al 2009). Eine ausgewogene Diskussion bedarf jedoch eines Blicks auf das gesamte Produktionssystem, für das gentechnisch veränderte Bäume eine Option darstellen. Daraus ergeben sich bei einer globalen Sicht geradezu zwingend sehr unterschiedliche Bewertungen. In Mitteleuropa stellt die Maximierung der Produktion zulasten anderer Waldfunktionen einen seltenen Ausnahmefall zum Beispiel in Kurzumtriebsplantagen dar. Konzepte für die Einbringung gentechnisch veränderter Waldbäume in einen Waldbau auf ökologischer Grundlage liegen nicht vor und dürften schwer zu entwickeln sein.

Trotz dem bestenfalls geringen Potenzial der Nutzung dieser Bäume in Mitteleuropa und entsprechend wenig intensiver Forschung auf diesem Gebiet wird Forstgenetik in der Öffentlichkeit nicht selten mit der Produktion gentechnisch modifizierter Bäume gleichgesetzt und entsprechend kritisch gesehen. Weitere Forschung zur Überprüfung von Risiken beim Anbau gentechnisch veränderter Waldbäume wird als dringlich erachtet (Hoenicka & Fladung 2006). Beachtet werden sollte auch, dass in vielen Fällen weniger die gentechnische Veränderung selbst als vielmehr ein Übergang von sexueller auf klonale Vermehrung der Züchtungsprodukte eine mögliche Gefährdung für die biologische Vielfalt darstellt. Der Anbau gentechnisch modifizierter Bäume ist zumindest mittelfristig in Mitteleuropa nicht nur gesellschaftspolitisch inakzeptabel, sondern basiert für einen Grossteil der hiesigen Waldfläche auf unklaren Zielen und widerspricht den Prinzipien multifunktionaler und naturnaher Forstwirtschaft.

Markergestützte Selektion

Gelingt die Identifizierung von Genen mit direkter Bedeutung für ertragsbestimmende Merkmale, so ist es möglich, auf der Basis der Beobachtung der Variation an diesen Genen zu selektieren und gezielt solche allelische Varianten in Züchtungsprodukten zu kombinieren, die zu erwünschten Merkmalsausprägungen führen. Ein solcher Ansatz scheitert noch an der mangelhaften Charakterisierung ertragsbestimmender Gene, stellt aber für einige Gattungen (zum Beispiel *Populus* und *Pinus*) mittelfristig eine wichtige Option dar (Burdon & Wilcox

2007). Da eine solche Selektion und Züchtung allein auf der Basis vorhandener, natürlicher Variation basiert, gibt sie keinen Anlass zu gesellschaftspolitischer Kritik. Allerdings kann die Nutzung genomischer Informationen für die Züchtung von Forstpflanzen ebenfalls konventionelle Züchtungsprogramme nicht ersetzen, wohl aber deren Effektivität vermutlich erheblich steigern. Populationsgenomische Untersuchungen können also einen wichtigen Beitrag zur Forstpflanzenzüchtung leisten, wenn sie Teil einer Züchtungsstrategie sind, die auch andere Aspekte wie beispielsweise Feldversuche und Vermehrungspopulationen (z.B. Samenplantagen) umfasst. Ersetzen können diese modernen Ansätze eine in sich konsistente Züchtungsstrategie nicht.

Herkunftssicherheit

Das Ziel, durch Untersuchung der Variation an anpassungsrelevanten und ertragsbestimmenden Genorten die Qualität von Vermehrungsgut beziehungsweise dessen Eignung für den Anbau in einer Region zumindest teilweise erkennen zu können, ist noch nicht erreicht. Dennoch kann die Untersuchung genetischer Marker mit bereits verfügbaren Methoden dazu beitragen, Aussagen zur Eignung von Vermehrungsgut zu machen. Anhand der Unterschiede in den Häufigkeitsverteilungen genetischer Typen zwischen Populationen, also anhand ihrer genetischen Strukturen, ist es nämlich möglich, Aussagen zum angegebenen Ursprung von Vermehrungsgut, zum Beispiel zum Erntebestand von Saatgut oder Sämlingen, zu überprüfen. In Deutschland nutzen zwei Verfahren genetische Marker zur Überprüfung der Herkunft von forstlichem Vermehrungsgut: der Zertifizierungsring für überprüfbare Forstliche Herkunft Süddeutschland e.V. (ZüF)³ und der Verein Forum forstliches Vermehrungsgut e.V.⁴ Beide Vereine verlangen die Einsendung von Rückstellproben während verschiedener Stadien der Produktion von Vermehrungsgut. Neben anderen Methoden werden auch je Baumart unterschiedliche genetische Marker genutzt, um Aussagen über die Herkunft von Vermehrungsgut zu überprüfen. Zertifiziert wird mit beiden Methoden nicht unmittelbar die genetische Qualität, sondern die Richtigkeit der Angaben zum Ursprung des Vermehrungsgutes, die natürlich die Einhaltung der relevanten Regelungen nach dem Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG; Bundesgesetzblatt Jahrgang 2002, Teil I, Nr. 32; 1658 ff.) einschliesst. Die Verfahren stellen damit einen bedeutsamen Durchbruch bei der Herstellung von Herkunftssicherheit forstlichen Vermehrungsgutes dar und stärken das Vertrauen der Abnehmer von Vermehrungsgut, also der Forstbetriebe, in dessen Produzenten, vorwiegend Baumschulen. Die Über-

³ www.zuef-forstpflanzen.de (24.3.2010)

⁴ www.isogen.de (24.3.2010)

nahme dieser Methoden oder die Einführung ähnlicher Verfahren in benachbarten Ländern mit vergleichbaren Problemen bei der Feststellung von Herkunftssicherheit ist sehr zu empfehlen.

Erhaltung forstgenetischer Ressourcen

Genetische Ressourcen sind ein wichtiger Aspekt biologischer Vielfalt; demzufolge müssen Bemühungen zum Schutz von Biodiversität in Wäldern die Erhaltung forstgenetischer Ressourcen berücksichtigen. Die direkte Einflussnahme des Menschen durch Änderung der Landnutzungsform stellt nach wie vor die global grösste Bedrohung für die Biodiversität dar (Foley et al 2005). Da die Landnutzung in Mitteleuropa vergleichsweise stabil ist und die Waldfläche sogar geringfügig wächst, ist die Dringlichkeit von Konservierungsmassnahmen geringer als in Regionen mit höherer Biodiversität und schwindenden Wäldern, wie insbesondere in den Tropen (Finkeldey & Ziehe 2004). Dennoch können insbesondere für seltene Arten die Auswahl genetischer Ressourcen und deren gezielte Erhaltung auch in Mitteleuropa dringlich sein (z.B. Rotach 2000). Bestandesbildende Arten werden häufig *in situ*, also im Wald, erhalten und gegebenenfalls natürlich verjüngt. Auf die Grenzen der *In-situ*-Erhaltung gerade bei seltenen Baumarten weist zum Beispiel Kleinschmit (2000) hin. Der Wildapfel ist in vielen Regionen Mitteleuropas so selten, dass er keine funktionsfähigen Reproduktionseinheiten mehr bildet. Falls isolierte Bäume überhaupt fruktifizieren, werden sie oft mit dem Pollen von Kultursorten bestäubt. In dieser Situation sind die Konservierung *ex situ* und die Anlage klonaler Erhaltungssamenplantagen dringend geboten.

Forensische Fragen: Identifikation mittels des genetischen Fingerabdrucks

Die Entwicklung (Finkeldey & Hattmer 2007) und Umsetzung⁵ von Strategien zur Erhaltung genetischer Ressourcen stellt ein Kerngebiet forstgeneti-

scher Aufgaben dar. In den vergangenen Jahren werden zudem verstärkt genetische Methoden genutzt, um Verstösse gegen internationale Schutzabkommen oder nationale gesetzliche Regelungen auf der Basis genetischer Untersuchungen zu erkennen. Für entsprechende Anwendungen ist oft die Isolierung von DNA aus «schwierigem» Gewebe wie Rohholz oder bearbeitetem Holz die Voraussetzung (Abbildung 2). Hier wurden jüngst ermutigende Fortschritte erreicht (z.B. Deguilloux et al 2003; Rachmayanti et al 2009). Die Überprüfung der Herkunft von Holz mit molekulargenetischen Methoden hat insbesondere für Tropenholz ein hohes Potenzial. Falschangaben zu Holzarten oder zum Einschlagsgebiet können auf der Basis genetischer Marker erkannt werden (Finkeldey et al 2007a). Zollbehörden, Zertifizierungsorganisationen, dem Holzhandel, den Prinzipien einer nachhaltigen Forstwirtschaft verpflichteten Forstbetrieben und den Endnutzern wird damit ein kaum manipulierbares Instrument zur Überprüfung von Holz zweifelhafter Herkunft gegeben. Vielversprechende Ergebnisse liegen für die wichtige südostasiatische Baumfamilie der Dipterocarpaceen (Holzname: z.B. Meranti) bereits vor (Finkeldey et al 2010).

Neben den skizzierten Anwendungen im Bereich des Schutzes natürlicher Ressourcen insbesondere durch die Erkennung illegal geschlagenen Holzes können ähnliche Methoden auch für andere forensische Anwendungen genutzt werden. Sie erlangen zunehmende Bedeutung in privat- und strafrechtlichen Angelegenheiten (Finkeldey et al 2007b).

Strategien zur Anpassung an den Klimawandel

Änderungen von Umweltbedingungen auf lokaler, regionaler und globaler Ebene stellen nicht nur eine Bedrohung forstgenetischer Ressourcen dar, sondern sind zugleich der wesentliche Grund für die Bedeutung der Erhaltung genetischer Variation bei Waldbäumen: Genetisch variable Waldbaumpopulationen können sich durch Änderung ihrer genetischen Strukturen an sich wandelnde Umweltbedingungen anpassen (Whitham et al 2008).

Der prognostizierte Klimawandel stellt für Mitteleuropa die wohl gravierendste Umweltveränderung dar. Arealverschiebungen bei Waldbäumen erscheinen unausweichlich und finden, wenn auch noch weitgehend kryptisch, wohl bereits statt (Jump et al 2009). Szenarien zur künftigen Entwicklung der Waldvegetation Mitteleuropas (Kölling & Zimmermann 2007), die das physiologische und evolutionäre Potenzial von Baumarten zur Anpassung an den Klimawandel unberücksichtigt lassen, übersehen zentrale Aspekte und stellen keine geeignete Basis für konkrete Handlungsempfehlungen dar. Es kann aber

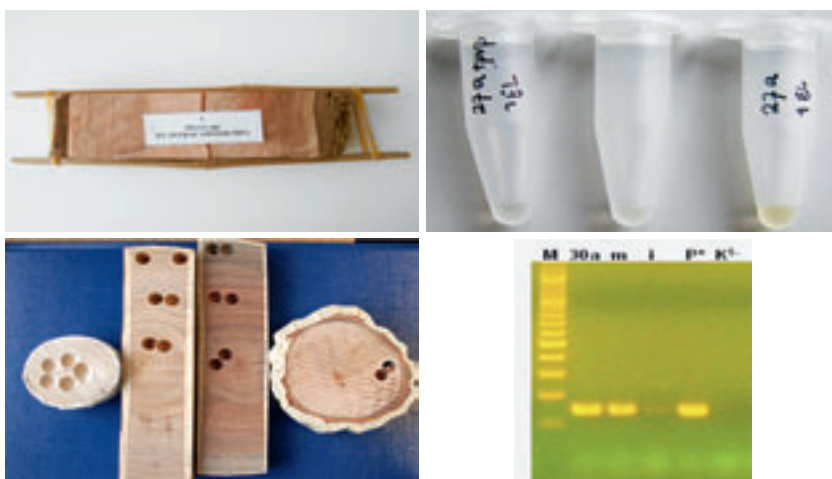


Abb 2 DNA kann auch aus Holz (hier: tropisches Meranti) isoliert und für forensische Zwecke oder zur Identifikation von Arten oder Herkunftsregionen analysiert werden.

⁵ <http://blag.fgr.genres.de/index.htm> (24.3.2010).



Abb 3 Die Erhaltung und der Schutz forstgenetischer Ressourcen im Süden Europas wird in Anbetracht des prognostizierten Klimawandels auch für die zentraleuropäische Forstwirtschaft bedeutsam. Abgebildet ist ein artenreicher, naturnaher Mischwald im Norden Griechenlands.

erwartet werden, dass die Nutzung und der Schutz forstgenetischer Ressourcen in wärmeren Klimaregionen im südlichen Europa für zentraleuropäische Gebiete bedeutsam werden (Abbildung 3), auch wenn zum gegenwärtigen Zeitpunkt ein weiträumiger Transfer von Vermehrungsgut für Wiederaufforstungen noch nicht empfohlen werden kann. Müller-Starck & Felber (2010, dieses Heft) belegen das verglichen mit anderen Baumarten geringe Potenzial für evolutionäre Anpassungsprozesse bei der Lärche im Alpenraum und stellen vor diesem Hintergrund die Möglichkeiten der Anpassung an den Klimawandel für diese Art infrage.

Viele Untersuchungen zur Klärung der genetischen Basis anpassungsrelevanter Variation bei Waldbäumen (siehe auch Gailing 2010, dieses Heft) betrachten Eigenschaften wie Trockenheitsresistenz, das Austriebsverhalten und andere Merkmale, die in direktem Zusammenhang mit der Anpassung an den Klimawandel stehen (Vornam et al 2007). Unser noch sehr lückenhaftes Verständnis der molekularen Grundlagen evolutionärer Anpassungsvorgänge als Reaktion auf eine globale Erwärmung wird daher in den kommenden Jahren sicher verbessert werden (González-Martinez et al 2006, Gailing et al 2009).

Genetische Aspekte im Waldbau

Konkrete Handlungsempfehlungen ergeben sich aus forstgenetischen Arbeiten insbesondere durch die Übertragung von Forschungsergebnissen

auf waldbauliche Strategien und Massnahmen (Hatterer 1978, Finkeldey & Ziehe 2004, Konnert et al 2007). Diese grundsätzliche Erwägung gilt auch für die Entwicklung von Empfehlungen zu den Konsequenzen des Klimawandels. Müller-Stark & Felber (2010, dieses Heft) bezweifeln beispielsweise aufgrund der von ihnen beobachteten geringen Variation der Lärche im Alpenraum die Möglichkeiten der Anpassung der Naturverjüngung dieser Baumart an den Klimawandel und regen an, sich verstärkt auch mit der Pflanzung der Lärche in den Alpen zu befassen. Die genetischen Prozesse während der künstlichen und der natürlichen Verjüngung von Beständen stehen häufig im Zentrum der Entwicklung von waldbaulichen Empfehlungen, da in dieser Phase des Bestandeslebens das Potenzial für Änderungen genetischer Strukturen am höchsten ist (Finkeldey & Ziehe 2004).

Schlussfolgerungen und Ausblick

Technologische Durchbrüche, die zunächst in der Humangenetik und dann auch bei Modellorganismen sowie landwirtschaftlichen Nutztieren und Nutzpflanzen Verwendung finden, eröffnen auch für Waldbäume mittelfristig die Perspektive, genetische Variation direkt mit anpassungsrelevanten und ertragsbestimmenden Merkmalen zu verbinden. Die sich aus diesen Ansätzen ergebenden Möglichkeiten zur Charakterisierung lokaler Anpassungsprozesse sind unbedingt zu nutzen. Der Aufwand für Untersuchungen in diesem Gebiet ist jedoch erheblich, sodass die Gefahr einer Schwerpunktsetzung anhand gegenwärtig verfügbarer Methoden besteht, die nicht selten schon nach kurzer Zeit durch noch effektivere Techniken ersetzt werden. Auch künftig sollte daher aus einem sich ständig erweiternden Spektrum verfügbarer Methoden zur Charakterisierung genetischer Variation die für eine konkrete Problemstellung effektivste gewählt werden.

Der mit der Nutzung moderner molekulargenetischer Methoden verbundene Aufwand macht Kooperationen auf nationaler und internationaler Ebene unumgänglich (Collins et al 2003). Dieser ist jedoch keinesfalls der einzige Grund für eine künftig weiter verstärkte internationale Zusammenarbeit, wie sie auf europäischer Ebene vom Exzellenznetzwerk «EvoTree»⁶ betrieben wird. Papageorgiou & Drouzas (2010, dieses Heft) weisen beispielsweise auf die internationale Dimension von Arbeiten zur Nutzung und zum Schutz forstgenetischer Ressourcen hin.

In den vergangenen Jahren hat sich ein breit gefächertes Anwendungsgebiet für innovative forstgenetische Ansätze ergeben. Die oben angesproche-

⁶ www.evotree.org (24.3.2010)

nen Verfahren zur Verbesserung der Herkunftssicherheit von forstlichem Vermehrungsgut in Deutschland sowie forensische Untersuchungen sind hier nur als Beispiele zu verstehen. Auch wenn sich die Prognosen von Rohmeder (1970) nur zu einem kleinen Teil bewahrheitet haben, bleibt doch festzuhalten, dass die Beschäftigung mit der genetischen Variation von Waldbäumen nicht nur eines der interessantesten Gebiete der Forstwissenschaften darstellt, sondern auch ein erhebliches, wenn auch nicht immer voll genutztes Anwendungspotenzial aufweist. ■

Eingereicht: 5. November 2009, akzeptiert (mit Review): 4. März 2010

Literatur

- BURCZYK J, KORALEWSKI TE (2005)** Parentage versus two-generation analyses for estimating pollen-mediated gene flow in plant populations. *Mol Ecol* 14: 2525–2537.
- BURDON RD, WILCOX PL (2007)** Population management: potential impacts of advances in genomics. *New For* 34: 187–206.
- COLLINS FS, MORGAN M, PATRINOS A (2003)** The human genome project: lessons from large-scale biology. *Science* 300: 286–290.
- DEGUILLLOUX MF, PEMONGE MH, BERTEL L, KREMER A, PETIT RJ (2003)** Checking the geographical origin of oak wood: molecular and statistical tools. *Mol Ecol* 12: 1629–1636.
- DEKKERS JCM, HOSPITAL F (2002)** The use of molecular genetics in the improvement of agricultural populations. *Nat Rev Genet* 3: 22–32.
- ERIKSSON G, NAMKOONG G, ROBERDS JH (1993)** Dynamic gene conservation for uncertain futures. *For Ecol Manage* 62: 15–37.
- FINKELDEY R, ZIEHE M (2004)** Genetic implications of silvicultural regimes. *For Ecol Manage* 197: 231–244.
- FINKELDEY R, HATTEMER HH (2007)** *Tropical forest genetics*. Berlin: Springer. 315 p.
- FINKELDEY R, RACHMAYANTI Y, GAILING O (2007A)** Molecular genetic tools for the identification of the origin of wood. In: Kües U, editor. *Wood production, wood technology and biotechnological impacts*. Göttingen: Universitätsverlag. pp. 143–158.
- FINKELDEY R, GAILING O, HATTEMER HH, VORNAM B (2007B)** Molekulare Analyse von Pflanzenteilen in der Forensik. In: Herrmann B, Saternus KS, editors. *Biologische Spurenkunde*. Band 1. Kriminalbiologie. Berlin: Springer. pp. 343–362.
- FINKELDEY R, LEINEMANN L, GAILING O (2010)** Molecular genetic tools to infer the origin of forest plants and wood. *Appl Microbiol Biot* 85: 1251–1258.
- FOLEY JA ET AL (2005)** Global consequences of land use. *Science* 309: 570–574.
- GAILING O (2010)** Erfassung der adaptiven genetischen Variation der Eiche im Hinblick auf den Klimawandel. *Schweiz Z Forstwes* 161: 216–222. doi: 10.3188/szf.2010.0216
- GAILING O, WACHTER H, SCHMITT HP, CURTU AL, FINKELDEY R (2007)** Characterization of different provenances of Slavonian pedunculate oaks (*Quercus robur* L.) in Münsterland (Germany) with chloroplast DNA markers: PCR-RFLPs and chloroplast microsatellites. *Allg Forst- Jagdztg* 178: 85–90.
- GAILING O, LANGENFELD-HEYSER R, POLLE A, FINKELDEY R (2008)** Quantitative trait loci affecting stomatal density and growth in a *Quercus robur* progeny: implications for the adaptation to changing environments. *Glob Chang Biol* 14: 1934–1946.
- GAILING O, VORNAM B, LEINEMANN L, FINKELDEY R (2009)** Genetic and genomic approaches to assess adaptive genetic variation in plants: forest trees as a model. *Physiol Plant* 137: 509–519.
- GONZALÉZ-MARTINEZ SC, KRUTOVSKY KV, NEALE DB (2006)** Forest-tree population genomics and adaptive evolution. *New Phytol* 170: 227–238.
- GUGERLI F, SPERISEN C (2010)** Genetische Struktur von Waldbäumen im Alpenraum als Folge (post)glazialer Populationsgeschichte. *Schweiz Z Forstwes* 161: 207–215. doi: 10.3188/szf.2010.0207
- HAMRICK JL, GODT MJW (1996)** Effects of life history traits on genetic diversity in plant species. *Phil Trans R Soc Lond B* 351: 1291–1298.
- HATTEMER HH (1978)** *Genetik, Wald und Forstwirtschaft*. Forst-Holzwirt 33: 77–84.
- HOENICKA H, FLADUNG M (2006)** Biosafety in *Populus* spp. and other forest trees: from non-native species to taxa derived from traditional breeding and genetic engineering. *Trees-Struct Funct* 20: 131–144.
- INGVARSSON PK, GARCÍA MV, HALL D, LUQUEZ V, JANSSON C (2006)** Clinal variation in phyB2, a candidate gene for day-length-induced growth cessation and bud set, across a latitudinal gradient in European aspen (*Populus tremula*). *Genetics* 172: 1845–1853.
- JUMP AS, MATYAS C, PENUELAS J (2009)** The altitude-for-latitude disparity in the range retractions of woody species. *Trends Ecol Evol* 24: 694–701.
- KAISER J (2008)** DNA sequencing – a plan to capture human diversity in 1000 genomes. *Science* 319: 395–395.
- KLEINSCHMIT J (2000)** Grenzen der *In-situ*-Erhaltung. *For Snow Landsc Res* 75: 51–56.
- KÖLLING C, ZIMMERMANN L (2007)** Vulnerability of German forests to climate change. *Gefahrst Reinhalt Luft* 67: 259–268.
- KONNERT M, HOSIUS B, HUSSENDÖRFER E (2007)** Genetische Auswirkungen waldbaulicher Massnahmen – Ergebnisse Stand und Forschungsbedarf. *Forst Holz* 62: 8–14.
- KRUTOVSKY KV (2006)** From population genetics to population genomics of forest trees: Integrated population genomics approach. *Russ J Genet* 42: 1088–1100.
- KRUTOVSKY KV, NEALE DB (2005)** Nucleotide diversity and linkage disequilibrium in cold-hardiness- and quality-related candidate genes in Douglas fir. *Genetics* 171: 2029–2041.
- LOREAU M ET AL (2001)** Ecology – biodiversity and ecosystem functioning: Current knowledge and future challenges. *Science* 294: 804–808.
- MÜLLER-STARCK G, ZIEHE M, SCHUBERT R (2005)** Genetic diversity parameters associated with viability selection, reproductive efficiency, and growth in forest tree species. In: Scherer-Lorenzen M, Körner C, Schulze ED, editors. *Forest diversity and function: temperate and boreal systems*. Berlin: Springer. pp. 87–108.
- MÜLLER-STARCK G, FELBER F (2010)** Genetische Variation in Altbeständen der Lärche und ihrer natürlichen Verjüngung im Alpenraum. *Schweiz Z Forstwes* 161: 223–230. doi: 10.3188/szf.2010.0223
- NAMKOONG G (1984)** A control concept of gene conservation. *Silvae Genet* 33: 160–163.
- NAMROUD MC, BEAULIEU J, JUGE N, LAROCHE J, BOUSQUET J (2008)** Scanning the genome for gene single nucleotide polymorphisms involved in adaptive population differentiation in white spruce. *Mol Ecol* 17: 3599–3613.
- PAPAGEORGIOU AC, DROUZAS AD (2010)** Initiativen zum Schutz forstgenetischer Ressourcen. *Schweiz Z Forstwes* 161: 231–238. doi: 10.3188/szf.2010.0231

- PETIT R ET AL (2003) Glacial refugia: Hotspots but not melting pots of genetic diversity. *Science* 300: 1563–1565.
- PEUKE AD, RENNENBERG H (2005) Phytoremediation with transgenic trees. *Z Naturforsch C* 60: 199–207.
- RACHMAYANTI Y, LEINEMANN L, GAILING O, FINKELDEY R (2009) DNA from processed and unprocessed wood: Factors influencing the isolation success. *Forensic Sci Int-Gen* 3: 185–192.
- RAUTNER M (2001) Designer trees. *Biotechnol Dev Monit* 44: 2–7.
- ROHMEDER E (1970) Genetik und Züchtung der Waldbäume im Jahr 2000. *Schweiz Z Forstwes* 121: 327–328.
- ROTACH P (2000) Zur Gefährdung seltener Baumarten in der Schweiz: Grundsätzliche Überlegungen, Situationsanalyse und zwei Fallbeispiele. *For Snow Landsc Res* 75: 267–284.
- SEDJO RA (2006) GMO trees: Substantial promise but serious obstacles to commercialization. *Silvae Genet* 55: 241–252.
- STEFFAN-DEWENTER I ET AL (2007) Tradeoffs between income, biodiversity, and ecosystem functioning during tropical rainforest conversion and agroforestry intensification. *Proc Natl Acad Sci USA*: 4973–4978.
- STRAUSS SH, TAN HM, BOERJAN W, SEDJO R (2009) Strangled at birth? Forest biotech and the Convention on Biological Diversity. *Nature Biotechnol* 27: 519–527.
- TUSKAN GA ET AL (2006) The genome of black cottonwood, *Populus trichocarpa* (Torr. & Gray). *Science* 313: 1596–1604.
- VENTER JC ET AL (2001) The sequence of the human genome. *Science* 291: 1304–1351.
- VORNAM B, GAILING O, FINKELDEY R (2007) GABI-DIGENFOR: Wie lassen sich Waldbäume an den Klimawandel anpassen? www.genomxpress.de/seiten/archivdetail-sonderausgabe-2004-2007.php (12.4.2010).
- WHITE, TL, ADAMS, WT, NEALE, DB (2007) *Forest genetics*. Cambridge: CABI. 682 p.
- WHITHAM TG ET AL (2008) Perspective – extending genomics to natural communities and ecosystems. *Science* 320: 492–495.
- WILLIAMS ER, MATHESON AC, HARWOOD CE (2002) *Experimental design and analysis for tree improvement*. Melbourne: CSIRO. 220 p.

Genetik, Ökologie, Forstwirtschaft: Zusammenhänge und Perspektiven

Unser Wissen über die genetische Variation von Waldbäumen wächst schneller als je zuvor. Die Eiszeiten und die nacheiszeitliche Rückwanderung haben die genetischen Variationsmuster europäischer Baumarten ebenso geprägt wie der menschliche Einfluss. Moderne molekulargenetische Methoden erlauben die Untersuchung der genetischen Basis der Variation an anpassungsrelevanten und ertragsbestimmenden Merkmalen. Diese Arbeiten bilden die Basis für ein besseres Verständnis der funktionalen Bedeutung innerartlicher Variation für Waldökosysteme. Auf der Grundlage dieser aktuellen Forschungsfelder werden wichtige Anwendungen forstgenetischer Arbeiten skizziert. Die Anlage und Beobachtung von Feldversuchen, komplettiert durch eine molekulare Charakterisierung genetischer Variation an Genen mit ertragsbestimmender Bedeutung, ist auch künftig von grosser Bedeutung. Das Potenzial für die Nutzung transgener Bäume wird dagegen als in Mitteleuropa gering eingeschätzt. Bereits heute lässt sich durch Untersuchung genetischer Marker die Herkunftssicherheit von forstlichem Vermehrungsgut verbessern; entsprechende Methoden werden in Deutschland routinemässig genutzt. Forstgenetik trägt zum Schutz natürlicher Ressourcen nicht nur durch die Entwicklung und Umsetzung von Massnahmen zur Erhaltung genetischer Ressourcen von Waldbäumen bei, sondern auch durch die Bereitstellung von Techniken, die Aussagen über die Herkunft von Holz und anderen Holzprodukten und damit letztlich die Erkennung illegal gehandelten Holzes erlauben. Ein besseres Verständnis von Vorgängen zur Anpassung an den globalen Wandel setzt die Berücksichtigung evolutionärer Prozesse voraus. Handlungsempfehlungen zur Anpassung von Wäldern an den Klimawandel Mitteleuropas müssen daher die genetische Variation der Baumarten berücksichtigen. Eine weiträumige Verfrachtung von forstlichem Vermehrungsgut von Süd nach Nord kann auf Basis des derzeitigen Wissensstands nicht als generell gültiger Ansatz empfohlen werden, um Anpassung an die Klimaerwärmung zu fördern.

Génétique, écologie, foresterie: interrelations et perspectives

Nos connaissances relatives à la variation génétique des arbres forestiers s'accroissent plus rapidement que jamais. L'ère glaciaire et la recolonisation postglaciaire ont influencé la variation génétique des arbres européens tout autant que les influences anthropogènes. Les méthodes modernes de génétique moléculaire permettent l'examen du fondement génétique de la variation de caractéristiques déterminantes dans l'adaptation d'une essence et de sa productivité. Ces travaux fondamentaux permettent une meilleure compréhension de la signification fonctionnelle de la variation intraespèce pour les écosystèmes forestiers. D'importantes applications en génétique forestière sont esquissées sur la base des travaux de recherche en cours. L'aménagement et le suivi d'essais, complétés par une détermination moléculaire de la variation génétique de gènes déterminant l'accroissement, resteront importants à l'avenir. Par contre, le potentiel d'utilisation d'arbres transgéniques en Europe centrale est jugé faible. La détermination de la provenance de semences forestières pourrait être améliorée dès à présent à l'aide de marqueur génétique. Ces méthodes sont régulièrement utilisées en Allemagne. La génétique forestière contribue à la protection des ressources naturelles, non seulement par le développement et la mise en place de mesures de conservation des ressources génétiques des essences forestières, mais aussi par la mise à disposition de techniques permettant de déterminer la provenance de bois ou de produits dérivés du bois et ainsi de confondre le bois issu de commerces illégaux. La prise en compte des processus évolutifs est une condition préalable à une meilleure connaissance des processus d'adaptation aux changements globaux. Les recommandations sylvicoles en prévision des changements climatiques doivent pour cette raison prendre en compte la variation génétique des essences forestières. Sur la base des connaissances actuelles, un transfert à large échelle de semences du sud au nord pour promouvoir l'adaptation des essences aux changements climatiques ne peut pas être considéré comme une solution universelle.