

Inhalt

Vorwort	3
1. Einführung	7
1.1. Erhaltung von Genressourcen, Forstpflanzenzüchtung und forstgenetische Forschung	7
1.2. Phänotypische und genetische Merkmale	8
1.3. Zielsetzungen und Vorgehensweise	9
2. Untersuchungsmethode	11
2.1. Isoenzyme als genetische Marker	11
2.2. Isoenzym-Elektrophorese	11
2.3. Auswahl von Enzymsystemen und Genloci	13
2.4. Zur Beschreibung der untersuchten Enzymsysteme	14
2.5. Diskussion: Genetische Interpretation der Zymogramme	16
3. Genetische Anpassung	19
3.1. Ökologische und genetische Anpassung in Buchenwaldökosystemen	19
3.2. Faktoren der genetischen Differenzierung	21
3.2.1. Evolutionsfaktoren des genetischen Anpassungsprozesses	21
3.2.2. Einwanderung der Buche in die Rheinebene und in die angrenzenden Mittelgebirge	24
3.2.3. Bewirtschaftung der Buchenwälder und ihre genetischen Auswirkungen	25
3.3. Genetische Variation und Anpassung	28
3.4. Phänotypische Variation und ihre genetische Basis	30
4. Experimentelles Material	32
4.1. Genetische Inventuren	32
4.1.1. Auswahlkriterien	32
4.1.2. Untersuchungsbestände	32
4.1.3. Stichprobennahme	33
4.1.4. Datenauswertung	38
4.2. Untersuchungen zur genetischen Kontrolliertheit der Verzweigungsform in einem Buchenbestand	40
5. Ergebnisse und Diskussion der genetischen Inventuren	41
5.1. Polymorphismen an Isoenzym-Genloci	41
5.1.1. Beobachtete Polymorphismen	41
5.1.2. Ursachen der beobachteten Polymorphismen	46
5.2. Genetische Differenzierung	48
5.3. Einfluß ökologischer Selektionsfaktoren auf die genetische Differenzierung der Buchenbestände an Marker-Genloci	53
5.3.1. Methoden zum Nachweis der natürlichen Selektion	53
5.3.2. Beobachtungen im experimentellen Material	57
5.4. Angepaßtheit	64
5.5. Vergleichbarkeit der genetischen Strukturen zwischen unterschiedlichen ontogenetischen Stadien in bewirtschafteten Buchenbeständen	65

5.5.1. Reproduktion	65
5.5.2. Repräsentativität der Stichprobennahme	68
5.5.3. Räumliche genetische Differenzierung innerhalb von Buchenbeständen	70
5.6. Qualitative Differenzierung genetischer Strukturen	70
5.6.1. Klassifizierung der Allele in Häufigkeitsbereiche	70
5.6.2. Erfassung der seltenen Allele – ein Problem der Stichprobengröße	72
5.6.3. Qualitative genetische Differenzierung und mögliche Ursachen ihrer Aufrechterhaltung	74
5.7. Genetische Variation und Heterozygotie innerhalb der Bestände	77
5.7.1. Allelische Gesamtdifferenzierung und Diversität	77
5.7.2. Heterozygotie	80
5.8. Anpassungsfähigkeit	81
5.8.1. Allelische Vielfalt	81
5.8.2. Evolutionäres adaptives Potential	82
5.8.3. Erhaltung adaptiver Potentiale	85
6. Genetische Kontrolliertheit morphologischer Variation (Ergebnisse und Diskussion)	88
6.1. Ausgewähltes Vermehrungsgut	88
6.2. Zwieselbildung in bewirtschafteten Buchenbeständen	91
6.2.1. Nachweis genetischer Faktoren	92
6.2.2. Mögliche Auswirkungen der waldbaulichen Auslese auf genetische Variation	95
6.2.3. Strukturierte Stichprobennahme und phänotypische Merkmale	99
7. Zur Eignung der benutzten Untersuchungsmethode und Ausblick	101
8. Schlußfolgerungen für die Erhaltung genetischer Ressourcen	105
Auswahl der Generhaltungsbestände	105
Phänotypische Kriterien	106
Erhaltung <i>in situ</i>	107
Erhaltung <i>ex situ</i>	107
Dynamische und statische Erhaltung genetischer Ressourcen	108
9. Zusammenfassung	110
10. Summary	113
11. Literaturverzeichnis	115
Anhang	126
Allelische Häufigkeitsverteilungen	126
Benutzte Maße der genetischen Variation und Berechnungsgrundlagen	134