

---

# Karl Gayer's Mischwald aus genetischer Sicht

GERHARD MÜLLER-STARCK und BERND STIMM

## Schlüsselwörter

Genetische Variation, Mischwald, Reproduktion, Waldverjüngung, Populationsgröße, Artenvielfalt, genetische Nachhaltigkeit

## Zusammenfassung

Ausgehend von den Prinzipien des standortgemäßen Mischwaldes wird die Bedeutung der genetischen Variation (Diversität, Variabilität) angesprochen. Fragmentierung von Populationen kann diese innerartliche Komponente der Biodiversität erheblich beeinträchtigen. Zur Vermeidung von Genverlusten und Inzuchtbelastungen ist die Beachtung von Mindestpopulationsgrößen wichtig. Damit sind Forderungen nach hoher Artenvielfalt Grenzen gesetzt. Beispiele werden genannt, in denen Mischwaldkonstellationen sich nicht negativ auswirken und somit das Potential zur genetischen Anpassung an heterogene Umwelten und zum langfristigen Überleben gewahrt bleibt. Auf der Basis von Verlustwahrscheinlichkeiten für Gene werden Mindestpopulationsgrößen benannt. Einflüsse des Reproduktionssystems (Wind- vs. Insektenbestäubung) werden ebenso angesprochen wie die Auswirkungen verschiedener Verjüngungsverfahren auf die Erhaltung seltener Genotypen. Der Femelhieb zeigt einen geringfügig größeren diversifizierenden Effekt als der Großschirmschlag. Bei der Tanne weist der Altersklassenwald eine etwas höhere genetische Variation auf als der Plenterwald. Durchforstungen, die die strukturelle Diversität begünstigen, wirken sich in der Regel positiv auf die Erhaltung genetischer Variation aus. In der Mehrzahl der betrachteten Fälle werden die GAYER'schen Postulate aus genetischer Sicht unterstützt, solange in den Mischungskomponenten die innerartliche Vielfalt weitgehend erhalten wird. Abschließend wird der Begriff der forstlichen Nachhaltigkeit aus genetischer Sicht erörtert und auf die Aktualität der GAYER'schen Prinzipien hingewiesen.

## Einführung

Unter dem Eindruck stark zunehmender Nadelholz-Reinbestände und schrumpfender Mischwälder im 19. Jahrhundert festigte sich bei GAYER die Überzeugung, dass der natürliche Wald ein gemischter Wald sei und sich die Waldbewirtschaftung an den Gesetzmäßigkeiten der Natur orientieren müsse. Nach seiner Auffassung wird der Mischwald allen Zeitläufen gerecht; er kann jede Marktanforderung befriedigen und jeder Zeitperiode das Begehrte bieten (GAYER 1886).

Das Vorbild des standortgemäßen Mischwaldes ging in die Konzepte naturnaher Waldbehandlung ein, wie sie die Landesforstverwaltungen in Deutschland formulierten. Bayern nahm in dieser Hinsicht eine Vorreiterrolle ein und schrieb Mischwald als Ziel des Waldbaus fest (SEITSCHKEK 1991). Die Behandlungstechnik orientiert sich an den natürlichen Lebensabläufen des Waldes, dabei werden nicht nur die natürlichen Kräfte des Standorts, sondern in der Regel auch das biologisch-genetische Ausgangspotential zielgerichtet genutzt.

Genetische Variation („genetische Diversität“) stellt eine wesentliche Komponente der Biodiversität dar. Sie ist Voraussetzung für Anpassung und Überleben von Populationen und im Falle von Wäldern Determinante für langfristige Stabilität und Produktivität (z. B. HATTEMER und GREGORIUS 1996).

Die Politik würdigte die Bedeutung der Biodiversität vor allem in Rahmenbedingungen wie den Helsinki- und Lissabon-Kriterien, die sich der Erhaltung der Vitalität von Waldökosystemen, der Erhaltung und Förderung der Produktionsfunktion, aber vor allem der Erhaltung, dem Schutz sowie einer angemessenen Verbesserung der Biodiversität widmen.

Die Methoden und Werkzeuge zur Erfassung der genetischen Variation wurden in den vergangenen zwei Jahrzehnten stetig verfeinert. Damit steht uns heute ein Instrumentarium zur Verfügung, um diese Variation zutreffend zu kennzeichnen (siehe u. a. HATTEMER et al. 1993). Auf diese Weise lassen sich auch die Auswirkungen waldbaulicher Maßnahmen auf die genetische

Variation der Waldökosysteme abbilden und Handlungsempfehlungen für die forstliche Praxis zur Sicherung der genetischen Nachhaltigkeit ableiten (z. B. KONNERT 1995; SCHÜTZ 1996; MÜLLER-STARCK 1996). Manuale zur Anwendung von Isoenzym-Genmarkern trugen effizient zur Nutzung genetischer Methoden bei (KONNERT 1995; MÜLLER-STARCK et al. 2001).

## Genetische Aspekte

### Potential zur Erzeugung genetischer Variation (genetische Variabilität)

Die extrem große Variabilität von Waldbaumarten wird am Beispiel der genetischen Variation der Stieleiche (*Quercus robur* L.) im Bestand „Freising“ demonstriert. Unter den gegebenen Bedingungen berechneten wir das Potential zur Bildung genetisch verschiedener Nachkommen und verglichen es mit der Situation bei Verlust von Allelen mit einer Häufigkeit bis zu fünf Prozent. Die 100 untersuchten Altbäume weisen an 17 Genorten – einem verschwindend geringen Teil des Erbgutes – insgesamt 69 verschiedene Gene auf (STREHLE 2000), von denen lediglich 34 eine Häufigkeit von über fünf Prozent besitzen. Die Multiplikation der bildbaren Genotypen über die 17 Genorte ergibt astronomische Anzahlen. Im Falle der real vorgefundenen Gene beträgt der Maximalwert  $82,7 \times 10^{15}$  Individuen, von denen  $23,6 \times 10^6$  übrigbleiben, wenn nur Gene in einer Häufigkeit über fünf Prozent berücksichtigt werden (Relation von  $3,5 \times 10^9 : 1$ ). Diese Zahlen veranschaulichen eindrucksvoll das extrem hohe Variabilitätspotential, das in einzelnen Beständen nie ausgeschöpft werden kann, demonstrieren aber zugleich die Folgen von Genverlusten.

### Artenvielfalt versus Populationsgröße

Artenvielfalt und Populationsgröße können konkurrierende Merkmale darstellen. Hohe Artenzahlen auf engem Raum bedeuten oft Variabilitätsverluste innerhalb der Arten. Für den Forstpraktiker leitet sich daraus ab, dass er im Falle einer mischwaldartigen Wirtschaftsweise besonders gefordert ist, ausreichend große, effektive Populationsgrößen der einzelnen Art zu erhalten. Eine Verringerung der effektiven Populationsgröße ruft prinzipiell die gleichen Effekte hervor wie wir sie von der Fragmentierung von Waldbeständen her kennen. Unter anderem wäre langfristig mit Diversitäts- und schließlich mit Artverlusten zu rechnen.

Eine vergleichende Mischwald-Studie in Schweizer Fichten-Tannen-Bergwäldern stellt beruhigend geringe bzw. keine Unterschiede in der innerartlichen Vielfalt

zwischen Beständen mit 45 Prozent Fichtenanteil und solchen mit 90 Prozent fest. Im Vergleich zu Mittelwerten von jeweils 20 Fichten- und Tannenbeständen in den Hochlagen der Schweiz (HUSSENDÖRFER 1997; MÜLLER-STARCK 1995) wird die Anzahl Gene (Allele) pro Genort bei der Tanne von durchschnittlich 2,16 auf 1,94, die Diversität von 1,26 auf 1,24 und die Heterozygotie von 19,3 Prozent auf 17,4 Prozent reduziert. Bei der Fichte sind die Werte annähernd gleich geblieben.

Um ein Gen (Allel), das mit einer Häufigkeit von fünf Prozent erwartet werden kann, noch mit 95-prozentiger Wahrscheinlichkeit in wenigstens einer Kopie zu erhalten, wird eine Mindeststichprobe in der Größenordnung zwischen 100 und 150 Individuen benötigt (berechnet nach HATTEMER et al. 1993). Im Falle einer Häufigkeit von drei Prozent sind es bereits über 200 Individuen.

Aus Gründen der Sicherung einer ausreichenden genetischen Variation sind im Forstvermehrungsgutgesetz (AID 2003) für die dem Gesetz unterliegenden Baumarten für die Zulassung von Erntebeständen für Vermehrungsgut der Kategorie „Ausgewählt“ bestimmte Mindestflächen und -alter festgelegt. Weißtannenbestände müssen mindestens 70 Jahre alt sein und eine Mindestfläche von einem Hektar aufweisen. Dabei wird eine Mindestbaumzahl im Erntebestand von 40 Individuen gefordert, von denen wiederum mindestens 20 Bäume zu beernten sind. Wenn man nun für einen gemischten Altbestand (50 Prozent Fichte, 40 Prozent Buche, 10 Prozent Tanne) 20 reproduktionsfähige Weißtannen pro Hektar zugrundelegt, müssten Weißtannen zur Gewinnung von Vermehrungsgut in einem solchen Mischbestand mindestens auf einer Fläche von zwei Hektar beerntet werden.

Wenn in den Weißtannen genetische Merkmale in der Häufigkeit von drei Prozent erhalten werden sollen, sind mindestens 200 Weißtannen-Individuen erforderlich. In Tannen-Reinbeständen wäre diese Zahl schon auf einer Fläche von einem bis zwei Hektar gewährleistet, im Falle beigemischter Tannen (z. B. in Form von zwei Tannenhorsten pro Hektar mit je zehn reproduktionsfähigen Tannen) bräuchte man aber bereits eine Mindestfläche von etwa zehn Hektar.

### Waldverjüngung und Bestandespflege

Eine Prämisse für den Wirtschaftler sollte also sein, ausreichend große, effektive Populationsgrößen zu erhalten, um Genverluste und Inzuchteffekte zu vermeiden. DEGEN und SCHOLZ (1996) schätzten Selbstbestäubungswahrscheinlichkeiten in Abhängigkeit von der Populationsgröße und der räumlichen Verteilung reproduzierender Bäume für drei Szenarien: Reinbestand (200/ha),

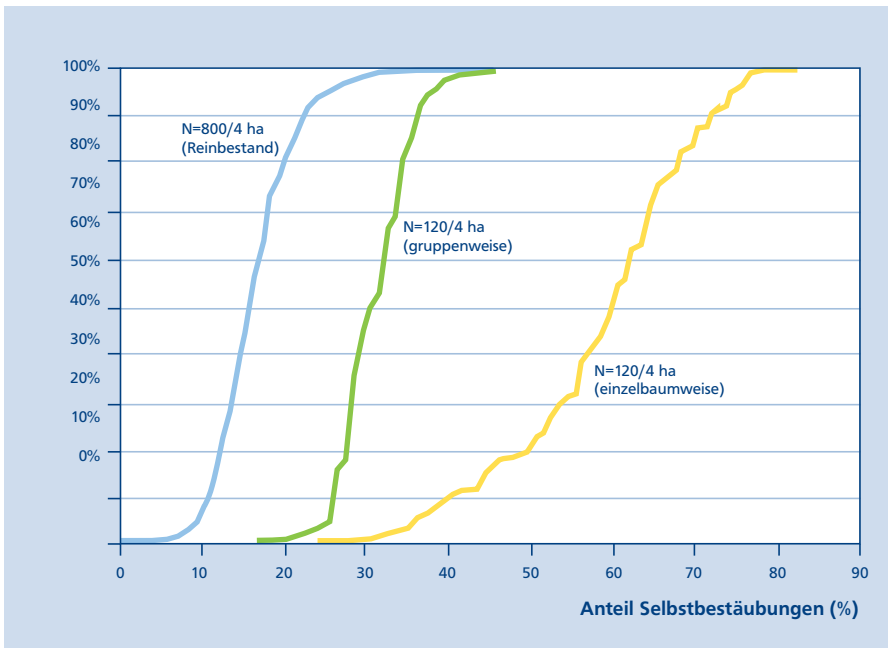


Abbildung 1:  
Kumulative Verteilung  
der Anteile von Selbst-  
bestäubungen (S) in drei  
Szenarien (Erläuterungen  
siehe Text)

Mischung gruppenweise (30/ha) und einzelstammweise (30/ha). Dabei wurden folgende Medianwerte ermittelt: 16 Prozent Selbstung für den Reinbestand, 31 Prozent für gruppenweise und 60 Prozent für einzelbaumweise Mischung (Abbildung 1).

### Befruchtung in Beständen

In Abhängigkeit von Parametern des Reproduktionssystems, z. B. wind- vs. insektenbestäubte Baumarten, kann das Risiko für Diversitätsverluste sehr unterschiedlich ausfallen.

Bei windbestäubten einheimischen Kiefern- und Fichtenbeständen wurde nachgewiesen, dass die Befruchtungswahrscheinlichkeit zwischen benachbarten Bäumen schon nach 20 bis 30 Metern sehr stark zurückgeht und nach 60 bis 70 Metern kaum noch effizient ist (MÜLLER 1977). Diese enge Abhängigkeit von der Entfernung der Paarungspartner trifft bei insektenbestäubten Arten auf Grund der räumlichen Effizienz der Bestäuber in den meisten Fällen nicht zu. Im Falle der vereinzelt vorkommenden Elsbeere zeigte sich beim Vergleich genetischer Variationsparameter von Altbestand (121 Bäume auf 3,7 ha) und Nachkommenschaft (187 Samen von 21 Bäumen) eine vergleichsweise große genetische Ähnlichkeit (BIEDENKOPF et al. 2007). Bezogen auf den Mittelwert der Altbäume reduziert sich die genetische Diversität in der Nachkommenschaft von 0,42 auf 0,37 und die Heterozygotie von 42,8 auf 31,7 Prozent, aber diese Abweichungen folgen primär aus der geringen Anzahl fruktifizierender Bäume und nicht aus der unzureichend überbrückten Entfernung.

Vielfältig aufgebaute Mischwälder sind wertvolle Waldlebensräume, die den Fortbestand seltener Baumarten sichern helfen. Sie verschaffen Pollenvektoren eine beständige verfügbare Nahrungsgrundlage. Dies kann den Genfluß zwischen Individuen, Horsten und Teilpopulationen aufrecht erhalten.

### Verjüngungsverfahren und Förderung seltener Genotypen

Untersuchungen zum Einfluss verschiedener Verjüngungsverfahren auf die genetische Struktur der Naturverjüngung sind selten (KONNERT et al. 2007). Bei der Buche fiel eine Häufung seltener Genotypen in der Randzone von Lochhieben auf (STARKE 1996).

Bei der Weißtanne wurden Altersklassenwälder und Plenterwälder miteinander verglichen (HUSSENDÖRFER und KONNERT 2000). Genetische Unterschiede zwischen den beiden Bewirtschaftungssystemen waren gering, führten aber in allen Fällen zu höheren Werten im Altersklassenwald: 2,20 vs. 2,18 Allele pro Genlocus, 1,27 vs. 1,23 im Falle der genetischen Diversität und 1,27 vs. 1,23 beim Heterozygotenanteil. Andererseits resultiert die höhere Stammzahl je Flächeneinheit im Plenterwald wiederum aus einer höheren genetischen Vielfalt.

Kleinräumiges Vorgehen und lange Verjüngungszeiträume erhalten demgemäß eine relativ hohe genetische Variation in den Folgebeständen. Die Verwendung mehrerer guter wie schwacher Samenjahre dabei ist genetisch sehr vorteilhaft. Mit dieser Vorgehensweise werden möglichst viele Populationsglieder an der

Reproduktion beteiligt. Somit ist die von GAYER postulierte „Horst- und Gruppenwirtschaft“, die ausgehend von kleinflächigen Femeln unter Einbeziehung vieler Samenjahre die Erhaltung des gemischten Waldes zum Ziel hat, aus genetischer Sicht als günstig zu bewerten. Weniger günstig schneidet hier der Großschirmschlag ab (STARKE 1996).

### Strukturelle Diversität

Der Vergleich von Variationsparametern soziologisch unterschiedlicher Kollektive der Weißtanne (KRAFT'sche Klassen 1–2 im Gegensatz zu 3–5) (HUSSENDÖRFER und MÜLLER-STARCK 1997) zeigt nur geringfügige Unterschiede, wobei die höheren Werte immer in den Klassen 3 bis 5 auftreten. Dies sind die allelische Vielfalt (30 vs. 29), allelische Diversität (1,28 vs. 1,27) und der Heterozygotenanteil (20,1 vs. 18,4).

Die Beurteilung von Baumkollektiven anhand ihrer soziologischen Stellung bildet eine wesentliche Grundlage für waldbauliche Pflegeeingriffe. Während früher und in Abhängigkeit von der Baumart häufig Niederdurchforstungen oder niederdurchforstungsartige Eingriffsvarianten gebräuchlich waren, wurden in den vergangenen Jahren und Jahrzehnten vor allem selektive Eingriffe in die herrschende Schicht praktiziert. Entsprechende Untersuchungen zum Einfluß von Pflegemaßnahmen auf die genetische Struktur von Beständen zeigen, dass maßvoll durchgeführte selektive wie schematische Eingriffe sich nur gering auf die genetische Struktur des verbleibenden Bestandes auswirken. Bei mit einer drastischen Stammzahlreduktion verbundenen Eingriffen gehen allerdings seltene Allele verloren, die genetische Vielfalt verringert sich (KONNERT et al. 2007).

### Genetische Nachhaltigkeit

Gezählte genetische Varianten oder komplex berechnete Variationsparameter allein sagen wenig aus, wenn sie nicht sinnvoll bewertet werden. Kenntnisse über reproduktionseffektive Populationsgrößen gehören dazu ebenso wie die Planung von Generhaltungsmaßnahmen (ANDERS et al. 2002).

Wichtigster Eckpunkt einer genetisch nachhaltigen Waldwirtschaft ist die Bewirtschaftung und Wiederbegründung von Waldbeständen unter Wahrung ihres natürlichen genetischen Potentials (genetische Variabilität) als Grundlage des Anpassungspotentials (MÜLLER-STARCK 1993, 1996). Neben dem Schutz genetischer Ressourcen erlangen Maßnahmen zur Erhöhung der genetischen Variation im Falle genetischer Destabilisierung (z. B. Verluste genetischer Diversität, Inzuchtbelastungen) besondere Bedeutung. Einige Maßnahmen

sind bereits im Jugendstadium erforderlich, indem z. B. in lückigen Naturverjüngungen Material mit bekannter genetischer Diversität ergänzt wird.

Berntungsmaßnahmen zur Beschaffung forstlichen Vermehrungsgutes sollten gezielt auf Repräsentativität und nicht nur auf Ertrag abgestellt werden. Eine genetisch nachhaltige Waldbewirtschaftung drückt sich auch in der Verwendung von Vermehrungsgut in hoher Qualität und großer Zahl aus, um die notwendige natürliche Selektion bereits im Stadium der Kulturbegründung zu ermöglichen. Werden Kulturen im Dichtstand begründet (z. B. bei der Buche 10.000 Individuen pro Hektar), so ist davon auszugehen, dass genetische Belastungen (insbesondere Inzuchtdepression) auf Grund von Selektion in späteren Stadien nicht mehr in Erscheinung treten. Die betriebswirtschaftlich häufig als notwendig angesehene Kulturbegründung im Weitverband ist ein den natürlichen Prinzipien gegenläufiges Vorgehen, das aus genetischer Sicht abzulehnen ist.

### Schlussfolgerungen

Im Vergleich zu anderen Nutzpflanzen weisen Waldbaumpopulationen eine sehr hohe innerartliche Diversität auf. Das darin repräsentierte Potential zur Bildung genetischer Variation scheint ein sehr wichtiges Prinzip in der Anpassung an heterogene und in ihrer Komplexität nicht vorherzusehende Freiland-Stresskonstellationen zu sein. Waldbaumpopulationen gelten zurecht als „Anpassungskünstler“, aber sie können diesem Ruf nur gerecht werden, wenn eine ausreichend hohe genetische Variation in ihnen repräsentiert ist und die Minimierung der Individuenzahlen bei der Kulturbegründung oder starke nachfolgende Vereinzelnung sie nicht von vornherein einschränkt.

Der von GAYER gelehrte Femelhieb zielt auf eine Langfristigkeit der Verjüngung ab, fördert die Gruppenstruktur und auch die Biodiversität. Aus forstgenetischer Sicht ist dabei auf die Schaffung genügend großer Horste, die in räumlich enger Beziehung stehen, zu achten. Zu kleine Horste mit einem eventuell begrenzten Genaustausch können zu erhöhter Inzuchtbelastung bzw. bestimmten Vaterschaftsmustern führen. Deutlich wird das im Plenterwald; er zeigt nicht die optimale Präsenz genetischer Vielfalt, hat aber strukturelle Vorteile gegenüber dem Altersklassenwald.

In vielen Fällen wird es notwendig sein, Mischbestände künstlich zu begründen. Auch hier kann die Forstgenetik hilfreiche Antworten auf wichtige Fragestellungen liefern, sei es in der Verwendung standortsgemäßer Herkünfte, zur Repräsentativität forstlichen Vermehrungsgutes, zur Höhe der Individuenzahl bei der Kulturbegründung sowie zu Fragen der genetischen Zertifizierung.

Die GAYER'schen Prinzipien liefern auch heute noch, über ein Jahrhundert nach seinem Wirken, zeitgemäße Antworten und Perspektiven für einen steigenden Rohstoffbedarf im Sinne der forstlichen Nachhaltigkeit. Sie können auch im Sinne der Erhaltung von Biodiversität als vorbildlich gedeutet werden, denn Mischbestände aus mehreren Baumarten fördern im Gegensatz zu Reinbeständen auch die Zunahme koadaptierter Tier- und Pflanzenarten und erzeugen somit eine höhere Biodiversität. Neben der biologischen verbessert sich auch die strukturelle Vielfalt und schafft neue Nischen für viele Lebewesen. So erhöht sich auch die Vielfalt der Waldlebensräume.

„Nur in unserem Hinarbeiten auf eine den Verhältnissen entsprechende Vielheit und Mannigfaltigkeit der Formen erkenne ich allein die richtige und praktische Erfassung unserer wirtschaftlichen Aufgabe, in dem Streben nach Unifikation liegt das Unheil für den Wald.“

(GAYER 1886: Der gemischte Wald, S. 131)

## Literatur

AID (2003): *Forstliches Vermehrungsgut – Informationen für die Praxis*. aid infodienst, Heft 1164

ANDERS, S.; ELLENBERG, H. et al. (2002): *Biodiversitätsforschung im Wald*. ForschungsReport 2, S. 17–21

BIEDENKOPF, S.; AMMER, C.; MÜLLER-STARCK, G. (2007): *Genetic aspects of seed harvests for the artificial regeneration of wild service tree (Sorbus torminalis [L.] Crantz)*. New Forests, S. 1–12

DEGEN, B.; SCHOLZ, F. (1996): *Der Einsatz des Simulationsmodells ÖKO-GEN zur Erarbeitung von Entscheidungshilfen für eine nachhaltige Forstwirtschaft*. In: Müller-Starck, G. (Hrsg.): *Biodiversität und nachhaltige Forstwirtschaft*. Ecomed, Landsberg, S. 284–299

GAYER, K. (1886): *Der gemischte Wald*. Verlag Paul Parey, Berlin, 168 S.

HATTEMER, H. H.; BERGMANN, F.; ZIEHE, M. (1993): *Einführung in die Genetik für Studierende der Forstwissenschaft*. J. D. Sauerländer's Verlag, Frankfurt a. M., 492 S.

HATTEMER, H. H.; GREGORIUS, H.-R. (1996): *Bedeutung der biologischen Vielfalt für die Stabilität von Waldökosystemen*. In: Müller-Starck, G. (Hrsg.): *Biodiversität und nachhaltige Forstwirtschaft*. Ecomed, Landsberg, S. 1–10

HUSSENDÖRFER, E. (1996): *Wird „Biodiversität“ durch eine künstliche Bestandesbegründung beeinflusst?* In: Müller-Starck, G. (Hrsg.): *Biodiversität und nachhaltige Forstwirtschaft*. Ecomed, Landsberg, S. 160–176

HUSSENDÖRFER, E. (1997): *Untersuchungen über die genetische Variation der Weißtanne (Abies alba Mill.) unter dem Aspekt der in situ Erhaltung genetischer Ressourcen in der Schweiz*. Beiheft zur Schweizerischen Zeitschrift für das Forstwesen 83, 151 S.

HUSSENDÖRFER, E.; MÜLLER-STARCK, G. (1997): *Genetische Aspekte der dauerwaldartigen Waldwirtschaft*. Der Dauerwald 16, S. 54–68

HUSSENDÖRFER, E.; KONNERT, M. (2000): *Untersuchungen zur genetischen Variation der Weißtanne (Abies alba Mill.) in Plenterwäldern im Vergleich zu Altersklassenwäldern*. Forstwissenschaftliches Centralblatt 119, S. 208–225

KONNERT, M. (1995): *Isoenzymuntersuchungen bei Fichte (Picea abies (L.) Karst.) und Weißtanne (Abies alba Mill.) – Anleitung zur Trennmethodik und Auswertung der Zymogramme*. Bayerisches Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht, Teisendorf, 74 S.

KONNERT, M.; HOSIUS, B.; HUSSENDÖRFER, E. (2007): *Genetische Auswirkungen waldbaulicher Maßnahmen*. Forst und Holz 62, S. 8–14

MÜLLER, G. (1977): *Cross-fertilization in a conifer stand inferred from enzyme gene markers in seeds*. Silvae Genetica 26, S. 223–226

MÜLLER-STARCK, G. (1993): *Auswirkungen von Umweltbelastungen auf genetische Strukturen von Waldbeständen am Beispiel der Buche (Fagus sylvatica L.)*. Schriften der Forstlichen Fakultät der Universität Göttingen und der Niedersächsischen Forstlichen Versuchsanstalt, Band 112, Sauerländer's Verlag, Frankfurt a. M., 163 S.

MÜLLER-STARCK, G. (1995): *Genetic variation in high elevated populations of Norway spruce (Picea abies (L.) Karst.) in Switzerland*. Silvae Genetica 44 (5–6), S. 356–362

MÜLLER-STARCK, G. (1996): *Beiträge der Forstgenetik zur nachhaltigen Waldbewirtschaftung*. In: Müller-Starck, G. (Hrsg.): *Biodiversität und nachhaltige Forstwirtschaft*. Ecomed, Landsberg, S. 259–283

MÜLLER-STARCK, G.; v. WÜHLISCH, G.; KONNERT, M. (2001): *Labormanual zur Durchführung von Isoenzymanalysen bei der Buche (Fagus sylvatica L.)*, aus der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Erhaltung forstlicher Genressourcen“, Unterarbeitsgruppe „Biochemisch-genetische Analyse“, 39 S.

SCHÜTZ, J. PH. (1996): *Möglichkeiten des Waldbaus zur Förderung der Biodiversität mit Rücksicht auf die Vielfalt der Biotope sowie der Genressourcen*. In: Müller-Starck, G. (Hrsg.): Biodiversität und nachhaltige Forstwirtschaft. Ecomed, Landsberg, S. 105–113

SEITSCHEK, O. (1991): *Mischwald als Ziel des Waldbaus*. AFZ 24, S. 1248–1251

STARKE, R. (1996): *Die Reproduktion der Buche (Fagus sylvatica L.) unter verschiedenen waldbaulichen Gegebenheiten*. In: Müller-Starck, G. (Hrsg.): Biodiversität und nachhaltige Forstwirtschaft. Ecomed, Landsberg, S. 135–159

STREHLE, U. (2000): *Genetische Variation der Stieleiche (Quercus robur L.) in Bayern*. Dissertation Technische Universität München, 117 S. und Anhang (zugleich Herbert Utz Verlag, Wissenschaft, München)

### Key words

Genetic variation, mixed forests, reproduction, regeneration, population size, diversity of species, genetic sustainability

### Summary

Based on the principles of site-adapted mixed forests, the significance of genetic variation (diversity, variability) is pointed out. This within-species component of biodiversity can be substantially affected by fragmentation of populations. In order to avoid losses of genetic variation and increasing loads of inbreeding, it is important to take into consideration minimum sizes of partitioned populations which implies that demands for large numbers of species are restrained. Examples are outlined in which various mixed forest formations do not negatively infer the potential for genetic adaptation to heterogeneous environments and for long-term survival. Probabilities for losing genes and corresponding minimum sizes of populations are calculated. Impacts of the reproductive system (wind- vs. insect pollination) are presented as well as impacts of different silvicultural systems for natural regeneration on the maintenance of rare genotypes. Canopy gap openings created by the removal of groups of mature individuals („Femelhieb“) show a slightly more pronounced diversifying effect as compared to the continuous openings created by a shelterwood method („Großschirm-schlag“). In case of the Silver fir, even-aged forests reveal a slightly larger genetic variation than uneven-aged forests („Plenterwald“). Thinnings, which improve the structural diversity, stimulate the maintenance of genetic variation as a rule. In most cases, from a genetic point of view, the postulates of GAYER are supported as long as the within species diversity is largely maintained within the intra-species components of the mixed forests. Finally, forest sustainability is addressed from a genetic point of view and the up-to-dateness of GAYER's principles is pointed out.