

Zeitschrift: Schweizerische Zeitschrift für Forstwesen = Swiss forestry journal = Journal forestier suisse

Herausgeber: Schweizerischer Forstverein

Band: 150 (1999)

Heft: 6

Artikel: Ein Beitrag zur Frage der repräsentativen Stichprobennahme bei genetischen Inventuren in Waldbaumpopulationen

Autor: Hussendörfer, Erwin / Köhl, Michael / Müller-Strack, Gerhard

DOI: <https://doi.org/10.5169/seals-1098425>

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften auf E-Periodica. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen sowie auf Social Media-Kanälen oder Webseiten ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. [Mehr erfahren](#)

Conditions d'utilisation

L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. La reproduction d'images dans des publications imprimées ou en ligne ainsi que sur des canaux de médias sociaux ou des sites web n'est autorisée qu'avec l'accord préalable des détenteurs des droits. [En savoir plus](#)

Terms of use

The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. Publishing images in print and online publications, as well as on social media channels or websites, is only permitted with the prior consent of the rights holders. [Find out more](#)

Download PDF: 17.04.2026

ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, <https://www.e-periodica.ch>

Ein Beitrag zur Frage der repräsentativen Stichprobennahme bei genetischen Inventuren in Waldbaumpopulationen

ERWIN HUSSENDÖRFER, MICHAEL KÖHL und GERHARD MÜLLER-STARCK

Keywords: Genetic inventory; sample size; diversity; isoenzymes; *Abies alba* Mill. FDK 165 : 174.7 Abies : 524.6 : UDK 519.243

Abstract: The precision of estimates of genetic inventories in dependency on the sample size and sample design is investigated by means of results of inventories within silver fir stands. Recommendations are derived about how to statistically verify results of genetic inventories.

Abstract: Die Schätzgenauigkeit genetischer Inventuren in Abhängigkeit von Stichprobenumfang und Stichprobendesign wird an Inventurergebnissen in Weisstannenbeständen untersucht. Daraus werden Empfehlungen zur Realisierung statistisch abgesicherter Ergebnisse genetischer Inventuren abgeleitet.

1. Einleitung

Genetische Inventuren in Waldbaumpopulationen dienen der Erfassung genetischer Information an bestimmten Marker-Genloci einschliesslich deren räumlicher und zeitlicher Verteilungsmuster (Übersicht siehe HATTEMER *et al.*, 1993, Kapitel 8.8). Die beobachteten Häufigkeitsverteilungen von Allelen und/oder Genotypen bilden die Datengrundlage zur Untersuchung populationsgenetischer und genökologischer Fragestellungen. Wegen des hohen Aufwands (Kosten, Zeit, Arbeitskapazität) werden genetische Inventuren in der Regel nicht in Form von Vollerhebungen durchgeführt, sondern beschränken sich auf Stichproben aus einer Grundgesamtheit (Population, Bestand).

Die Repräsentativität einer Stichprobennahme für die zu untersuchende Grundgesamtheit ist im wesentlichen abhängig vom Stichprobenumfang und der zu Grunde liegenden gewünschten Schätzgenauigkeit. Liegt die genetische Information räumlich und/oder in Teilmengen der Grundgesamtheit (z. B. Bäume unterschiedlicher sozialer Stellung) nicht repräsentativ verteilt vor, beeinflusst das Design der Stichprobe die Schätzgenauigkeit.

Bislang wurde der erforderliche Stichprobenumfang bei genetischen Inventuren meist anhand der erwünschten Genauigkeit zur Erfassung seltener genetischer Varianten (Allele, Genotypen) abgeleitet (GREGORIUS, 1980; GREGORIUS, 1983; FINKELDEY, 1993). Mit dieser Vorgehensweise wurde angenommen, dass häufigere genetische Varianten, d. h. Varianten mit Frequenzen >20%, ebenfalls ausreichend repräsentativ erfasst werden.

Für die Weisstanne (*Abies alba* Mill.) sind die Allelfrequenzen an einem Isocitrat-Dehydrogenase-Genort (IDH-B) von Südwest-Deutschland (Baden-Württemberg) bis nach Südtalien bekannt. An diesem Genort wurden in allen untersuchten Populationen bislang zwei Allele (IDH-B3 und IDH-B4) beobachtet, deren Häufigkeit jeweils mehr als 20% beträgt (Übersicht bei KÖHL *et al.*, 1999, im Druck). Vergleicht man aus verschiedenen Untersuchungen die Frequenzen für diese beiden Allele in einzelnen Regionen bzw. über Regionen hinweg, so wird folgendes ersichtlich:

- Innerhalb von Regionen wurden die Allele zum Teil mit deutlich verschiedenen Allelfrequenzen beobachtet. So fanden beispielsweise in der Region Süd-Italien MÖLLER (1986), BERGMANN & KOWNATZKI (1988) sowie BERGMANN *et al.* (1990) das Allel IDH-B3 mit deutlich grösserer Frequenz als das Allel IDH-B4 (IDH-B3: 66%–79%; IDH-B4: 34%–21%). SCHROEDER (1989) beschreibt in derselben Region beinahe eine Gleichverteilung beider Varianten (IDH-B3: 42%–68%; IDH-B4:

58%–32%). Nach VICARIO *et al.* (1995) ist hingegen das Allel IDH-B4 häufiger als das Allel IDH-B3 (IDH-B3: 27%–50%; IDH-B4: 73%–50%).

- Überregional, d. h. von Süd-Italien bis Südwest-Deutschland beschreiben MÖLLER (1986), BERGMANN & KOWNATZKI (1988) sowie BERGMANN *et al.* (1990) ein klines Variationsmuster in der Form, dass das Allel IDH-B3 von Süden nach Norden in seiner Häufigkeit ab-, das Allel IDH-B4 entsprechend zunimmt (vgl. BERGMANN & GREGORIUS, 1993). Aufgrund der Untersuchungen von SCHROEDER (1989) und HUSSENDÖRFER (1997, 1998) konnte dieser Trend allerdings nicht bestätigt werden.

Vergleicht man die genannten Ergebnisse hinsichtlich der ihnen zu Grunde liegenden Versuchsmethodik, so werden deutliche Unterschiede ersichtlich. Dies trifft sowohl hinsichtlich des Untersuchungsmaterials zu, an dem die genetischen Daten erhoben wurden (Altbäume, Saatgut oder Pflanzen aus Provenienzversuchen), als auch hinsichtlich der unterschiedlichen Stichprobenumfänge, die den jeweiligen Untersuchungen zu Grunde liegen.

Inwiefern insbesondere Unterschiede im Stichprobenumfang sich auf die Zuverlässigkeit und Schätzgenauigkeit genetischer Inventuren zur Erfassung häufiger genetischer Varianten auswirken können, ist bislang nicht bekannt. In der vorliegenden Arbeit werden mögliche Implikationen auf die Genauigkeit zur Erfassung häufiger genetischer Varianten am Beispiel zweier genetischer Inventuren in Weisstannen-Beständen untersucht. Am Beispiel verschiedener Modellpopulationen werden weiterhin erste Empfehlungen zum erforderlichen Stichprobenumfang für die Schätzung häufiger genetischer Varianten abgeleitet.

2. Material und Methoden

2.1 Versuchsmaterial

Die genetischen Inventuren wurden in Weisstannen-Beständen im Bannwald Schwarzahalden (Forstbezirk Waldshut und Tiengen, Baden-Württemberg) sowie auf der Versuchsfläche TA 225 der FVA Baden-Württemberg (Abteilung Waldwachstumkunde) im Forstbezirk Bad Herrenalb (Baden-Württemberg) durchgeführt. In beiden Beständen wurden jeweils 200 Bäume mit einem BHD über 7 cm berücksichtigt.

Im Bannwald Schwarzahalden erfolgte die Auswahl der Bäume in Form von Probekreisen, die durch die Bannwaldgrundaufnahme in Form eines systematischen Rasternetzes mit 50x100 m Abstand der einzelnen Rasterpunkte vorgegeben war. Entlang dieses Rasternetzes wurden vier Probekreise mit jeweils 25 Individuen und fünf Probekreise mit

jeweils 20 Individuen in die Untersuchung miteinbezogen. Zur Untersuchung der oben genannten Fragestellung wurden vier verschiedene Straten gebildet:

- Pr-Kr (25): alle Individuen im ersten Probekreis mit $n = 25$,
- Pr-Kr (50): alle Individuen in den ersten beiden Probekreisen mit jeweils $n = 25$,
- Pr-Kr (100): alle Individuen in den vier Probekreisen mit jeweils $n = 25$,
- Pr-Kr (200): alle Individuen der neun Probekreise.

Auf der Versuchsfläche TA 225 erfolgte die Auswahl der Probebäume in Form einer Vollaufnahme, d. h. die Bäume wurden innerhalb der Versuchsanlage fortlaufend beprobt. Die oben genannte Fragestellung wurde in folgenden vier Straten untersucht:

- Voll (25): die ersten 25 Individuen,
- Voll (50): die ersten 50 Individuen,
- Voll (100): die ersten 100 Individuen,
- Voll (200): alle 200 Individuen.

Die Stichprobennahme erfolgte auf beiden Flächen gemäss der üblichen Praxis, d. h. durch die zufällige Entnahme einer konstanten Anzahl von Bäumen aus einer Grundgesamtheit. Die Aufnahmewahrscheinlichkeit für die einzelnen Bäume ist daher nicht bekannt, so dass eine (unbekannte) Verzerrung der Schätzung möglich ist. Auch auf Wiederholungen bzw. verschiedene Kombinationen der Stichprobennahme musste verzichtet werden. Zur Simulation verschiedener Stichprobenverfahren werden umfangreichere Daten einer Grundgesamtheit benötigt, die zum jetzigen Zeitpunkt noch nicht vorliegen. Diese werden in einer derzeit laufenden Untersuchung im Rahmen eines von der DFG geförderten Verbundprojektes der FVA Baden-Württemberg, Abteilung Botanik und Standortkunde, und der TU Dresden, Professur für Biometrie und forstliche Informatik, erhoben und zu einem späteren Zeitpunkt vorgestellt (siehe Homepage der FVA: <http://fva.forst.uni-freiburg.de>).

2.2 Genetische Daten

Die Auftrennung und Anfärbung der jeweiligen Enzymsysteme erfolgte gemäss den bei HUSSENDÖRFER *et al.* (1995) beschriebenen Methoden für die Weisstanne. Die Interpretation der im Zymogramm exprimierten Bandenmuster erfolgte entsprechend den Resultaten der dort beschriebenen genetischen Analyse. Bei der im folgenden gewählten Nomenklatur der Allele IDH-B3 und IDH-B4 bezeichnet das Allel IDH-B3 die Variante mit der grösseren Wanderungsgeschwindigkeit.

Aus den Rohdaten wurden für die unter 2.1 genannten Straten die Häufigkeiten der beiden Allele sowie die genetische Diversität (nach GREGORIUS, 1978) an diesem Genort bestimmt:

$$v = \left(\sum_{i=1}^k p_i^2 \right)^{-1},$$

wobei p_i die Häufigkeit des Allels i und k die Anzahl der Allele am untersuchten Genort bezeichnet.

2.3 Statistische Methoden

Zur Bestimmung der Genauigkeit der Schätzung der Allelfrequenzen für die Allele IDH-B3 und IDH-B4 in Abhängigkeit vom Stichprobenumfang wurden jeweils obere und untere Konfi-

denzgrenzen gemäss dem bei KÖHL *et al.* (1999, im Druck) beschriebenen Verfahren berechnet:

$$p \pm \left[t \sqrt{\frac{pq}{n-1}} + \frac{1}{2n} \right],$$

wobei p und $q \equiv$ Häufigkeiten der Allele IDH-B3 und IDH-B4, $t = 1,96$ (Signifikanzniveau $\equiv 0.05$) und $n \equiv$ Stichprobenumfang. q ist die Häufigkeit der Alternativklasse, d. h. $q = 1-p$.

Anmerkung: Bei dem hier angewandten Verfahren wird angenommen, dass die Anteile der einzelnen Klassen binomial verteilt sind. Ob diese Annahme tatsächlich zutrifft, wird zur Zeit an einem umfangreicheren Datensatz untersucht.

3. Ergebnisse

3.1 Allelfrequenzen

In *Tabelle 1* sind für das Allel IDH-B3 die beobachteten Frequenzen für die jeweiligen Straten sowie jeweils die Konfidenzintervalle und die oberen und unteren Konfidenzgrenzen zusammengefasst.

Auf der Versuchsfläche im Bannwald Schwarzhalden (Aufnahme in Form von Probekreisen) wurde das Allel IDH-B3 mit der geringsten Frequenz im Stratum Pr-Kr (25) beobachtet (22%). Die grösste Frequenz wurde für dieses Allel im Stratum Pr-Kr (50) gefunden (54%). Für das Stratum Pr-Kr (25) wurde das grösste Konfidenzintervall berechnet; für das Stratum Pr-Kr (200) das kleinste Konfidenzintervall.

Auf der Versuchsfläche TA 225 (Aufnahme in Form einer Vollerhebung) wurde das Allel IDH-B3 mit der geringsten Frequenz in den Straten Voll (25) und Voll (50) beobachtet; die grösste Frequenz im Stratum Voll (200) mit 46%. Für das Stratum Voll (25) wurde das grösste Konfidenzintervall berechnet; das kleinste Konfidenzintervall für das Stratum Pr-Kr (200).

Tabelle 1: Beobachtete Frequenzen p des Allels IDH-B3 (in %), Konfidenzintervalle (in %) sowie untere und obere Konfidenzgrenzen (in %) für unterschiedliche Stichprobenumfänge bzw. Stichprobenverfahren (Erläuterung siehe Text). Die Frequenz des Allels IDH-B4 ergibt sich als Komplement zum Wert «100%».

Stratum	Frequenz «IDH-B3»			
	beobachtet	Konfidenzintervall	untere Grenze des Konfidenzintervalls	obere Grenze des Konfidenzintervalls
Pr-Kr (25)	22	$\pm 18,6$	3,4	40,6
Pr-Kr (50)	54	$\pm 14,6$	39,4	68,6
Pr-Kr (100)	34	$\pm 9,8$	24,2	43,8
Pr-Kr (200)	39	$\pm 7,0$	32,0	46,0
Voll (25)	38	$\pm 21,4$	16,6	59,4
Voll (50)	38	$\pm 14,6$	23,4	52,6
Voll (100)	45	$\pm 10,3$	34,7	55,3
Voll (200)	46	$\pm 7,2$	38,8	53,2

3.2 Genetische Diversität

Auf der Basis der geschätzten Allelfrequenzen (*siehe Tabelle 1*) wurde für jedes Stratum die genetische Diversität v (nach GREGORIUS, 1978) sowohl für die beobachteten Allelfrequenzen als auch für die unteren und oberen Konfidenzgrenzen der Allelfrequenzen berechnet (*Tabelle 2*).

Auf der Versuchsfläche im Bannwald Schwarzhalden (Probenkreis-Verfahren) wurde für das Stratum Pr-Kr (25) die geringste genetische Diversität berechnet ($v = 1,52$), für das Stratum Pr-Kr (50) die grösste ($v = 1,98$). Die Diversitätswerte

für die Konfidenzgrenzen der Allelhäufigkeiten unterscheiden sich am stärksten für das Stratum Pr-Kr (25); am geringsten für das Stratum Pr-Kr (50).

Auf der Versuchsfläche TA 225 (flächige Beprobung) weisen die Straten Voll (25) und Voll (50) identische Diversitätswerte für die beobachteten Allelhäufigkeiten auf ($\nu = 1,89$). Die Straten Voll (100) und Voll (200) weisen mit $\nu = 1,98$ ebenfalls identische Diversitätswerte für die beobachteten Allelhäufigkeiten auf, wobei diese gegenüber den Straten Voll (25) und Voll (50) etwas grösser sind. Die Diversitätswerte für die Konfidenzgrenzen der Allelhäufigkeiten unterscheiden sich am stärksten für das Stratum Voll (25); am geringsten für das Stratum Voll (200).

Tabelle 2: Werte der genetischen Diversität ν (nach Gregorius, 1978) am Genort IDH-B für die beobachteten Allelfrequenzen sowie für die berechneten unteren und oberen Konfidenzgrenzen (siehe Tabelle 1).

Stratum	Diversität ν		
	für die beobachtete Allelfrequenz	für die untere Grenze des Konfidenzintervalls	für die obere Grenze des Konfidenzintervalls
Pr-Kr (25)	1,52	1,07	1,93
Pr-Kr (50)	1,98	1,91	1,76
Pr-Kr (100)	1,81	1,58	1,97
Pr-Kr (200)	1,90	1,77	1,99
Voll (25)	1,89	1,38	1,93
Voll (50)	1,89	1,56	1,99
Voll (100)	1,98	1,83	1,98
Voll (200)	1,98	1,90	1,99

4. Diskussion

4.1 Allelhäufigkeiten

Anhand der Ergebnisse der vorliegenden Untersuchung wird deutlich, dass der Stichprobenumfang einen erheblichen Einfluss auf die Genauigkeit der Erfassung häufiger genetischer Varianten hat. So beträgt beispielsweise für das Stratum Pr-Kr (25) das Konfidenzintervall $\pm 18,6\%$ für den beobachteten Wert 22%. Das bedeutet, dass bei diesem Stichprobenumfang mit 95%iger Vertrauenswahrscheinlichkeit die wahre Frequenz des Allels IDH-B3 zwischen 3,4% und 40,6% lokalisiert sein kann. Im Vergleich zum Stratum Pr-Kr (25) ist für das Stratum Pr-Kr (200) das Konfidenzintervall mit $\pm 7\%$ für den beobachteten Wert 39% deutlich enger. Allerdings kann selbst bei diesem Stichprobenumfang mit 95%iger Vertrauenswahrscheinlichkeit die wahre Frequenz des Allels IDH-B3 zwischen 32% und 46% lokalisiert sein. Eine grössere Schätzgenauigkeit könnte nur durch eine deutliche Vergrößerung des Stichprobenumfangs erreicht werden (vgl. Köhl et al., 1999, im Druck).

Betrachtet man unter diesen Gesichtspunkten die Ergebnisse genetischer Inventuren, die auf Stichprobenumfängen meist deutlich unter 100 Individuen beruhen, so wäre zu prüfen, inwiefern die zwischen mehreren Untersuchungen gefundenen unterschiedlichen (und zum Teil gegenläufigen) Trends (siehe Einleitung) auf methodische Einflüsse durch zu kleine Stichprobenumfänge beeinflusst sein könnten.

Die Ergebnisse verdeutlichen weiterhin, dass der erforderliche Stichprobenumfang zur Erfassung der Häufigkeitsverteilung genetischer Varianten mit einer erwünschten Genauigkeit nicht unabhängig von der tatsächlichen Verteilung dieser Varianten ist. So beträgt bei gleichem Stichprobenumfang das Konfidenzintervall für das Stratum Pr-Kr (25) $\pm 18,6\%$ bezogen auf die beobachtete Allelfrequenz von 22%, hingegen für das Stratum Voll (25) $\pm 21,4\%$ bezogen auf die beobachtete Allelfrequenz von 39%. Je näher die Verteilung zweier Varianten an der Gleichverteilung ist, desto grösser

muss offensichtlich der Stichprobenumfang gewählt werden, um dieselbe Schätzgenauigkeit zu erreichen (vgl. Köhl et al., 1999, im Druck).

4.2 Genetische Diversität

Entsprechend den Unterschieden in den beobachteten Allelfrequenzen der einzelnen Straten unterscheiden sich auch die jeweils berechneten Diversitätswerte. Auf der Versuchsfläche im Bannwald Schwarzahalden wurden zwischen allen vier untersuchten Straten deutliche Unterschiede in den Diversitätswerten bezogen auf die beobachteten Allelfrequenzen gefunden. Die grösste Spannweite wurde zwischen dem Stratum Pr-Kr (25) mit $\nu = 1,52$ und dem Stratum Pr-Kr (50) mit $\nu = 1,98$ ermittelt. Unterschiede in den gefundenen Grössenordnungen gelten bislang als charakteristisch für Populationen, die sich beispielsweise als Folge nachezeitlicher Differenzierungs- und Anpassungsprozesse verschiedenartig entwickelt haben und sich daher in ihren genetischen Strukturen unterscheiden.

Besonders ausgeprägt sind auch die Unterschiede in den Diversitätswerten für die untere und obere Grenze des Konfidenzintervalls im Stratum Pr-Kr (25). In diesem Fall erreichen die Diversitätswerte beinahe ihre mögliche untere Grenze (1,02) bzw. beinahe ihre mögliche obere Grenze (2,0) für zwei genetische Varianten. Das bedeutet, dass bei Stichprobenumfängen dieser Grössenordnung keine zuverlässigen Aussagen mehr hinsichtlich der genetischen Diversität einer Population getroffen werden können.

Weniger ausgeprägte Unterschiede in den Diversitätswerten für untere und obere Konfidenzgrenzen liegen hingegen für die Straten Pr-Kr (50) und Pr-Kr (200) vor. Für das Stratum Pr-Kr (200) kann dieser Befund auf das engere Konfidenzintervall (als Folge des grösseren Stichprobenumfangs) zurückgeführt werden. Für das Stratum Pr-Kr (50) ist dieser Befund hingegen darauf zurückzuführen, dass die beiden Allelfrequenzen annähernd gleichverteilt geschätzt wurden (54% : 46%) und dementsprechend die untere und obere Konfidenzgrenze ebenfalls um den Wert «50%» liegen (39,4% bzw. 68,6%). Aufgrund der mathematischen Konzeption des Diversitätsparameters errechnen sich für den Frequenzbereich um die Gleichverteilung «ähnlichere» Diversitätswerte als für ungleicher verteilte Allelfrequenzen. So liegen die Diversitätswerte an einem biallelen Genlocus zwischen $\nu = 1,6$ und $\nu = 1,8$, wenn ein Allel Frequenzen zwischen 25% und 33% aufweist (das andere Allel dementsprechend zwischen 75% und 67%), während die Diversitätswerte zwischen $\nu = 1,8$ und 2,0 für Frequenzen von 33% bis 50% des einen Allels angenommen werden. Das heisst, im ersten Fall bewirkt ein Unterschied von 8% in der Allelfrequenz eine Veränderung der Diversität von 0,2 (von $\nu = 1,6$ zu $\nu = 1,8$), während im zweiten Fall eine Diversitätswertveränderung ebenfalls von 0,2 (von $\nu = 1,8$ zu $\nu = 2,0$) erst bei einem Unterschied von 17% in den Allelfrequenzen erreicht wird.

Auf der Versuchsfläche TA 222 erscheinen die Unterschiede zwischen den beobachteten Diversitätswerten geringer. Dies ist einerseits auf die geringeren Unterschiede in den beobachteten Allelfrequenzen zurückzuführen, andererseits auf die geringere Abweichung von der Gleichverteilung, so dass sich hier ebenfalls ein Einfluss durch die mathematische Konzeption des Diversitätsparameters bemerkbar macht. Die Diversitätswerte für die unteren und oberen Konfidenzgrenzen unterscheiden sich für die Straten Voll (25) und Voll (50) noch deutlich, werden für die Straten Voll (100) und die Straten Voll (200) hingegen ähnlich. Dieser Befund ist einerseits auf die grössere Schätzgenauigkeit und die damit engeren Konfidenzintervalle für die Straten Voll (100) und

Voll (200) zurückzuführen und andererseits auf den schon erwähnten Einfluss durch die mathematische Konzeption des Diversitätsparameters im Bereich zunehmender Gleichverteilung zweier Varianten.

4.3 Räumliche Anordnung der Grundgesamtheit

Auf der Versuchsfläche im Bannwald Schwarzahalden, auf der die Probennahme in Stichprobenkreisen erfolgte, weisen die beobachteten Allelfrequenzen im Vergleich zu den beobachteten Frequenzen auf der Fläche TA 225 deutlich ausgeprägtere Schwankungen auf. So wurde auf der Versuchsfläche im Bannwald Schwarzahalden für das Allel IDH-B3 in der Stichprobe Pr-Kr (25) die kleinste Frequenz mit 22% ermittelt, die grösste Frequenz in der Stichprobe Pr-Kr (50) mit 54%. Die Stichproben Pr-Kr (100) bzw. Pr-Kr (200) hingegen ergaben für dieses Allel Frequenzen von 34% bzw. 39%. Auf der Versuchsfläche TA 225 wurden in den Straten Voll (25) und Voll (50) für das Allel IDH-B3 dieselben Frequenzen beobachtet (38%), in den Straten Voll (100) bzw. Voll (200) mit 45% bzw. 46% höhere Frequenzen.

Dieser Befund könnte auf Besonderheiten in der räumlichen Anordnung der genetischen Varianten innerhalb der Grundgesamtheit zurückzuführen sein. Während die Grundgesamtheit auf der Versuchsfläche TA 225 aus einem relativ kurzen (etwa 10 Jahre) Verjüngungszeitraum hervorgegangen ist (WEISE, 1995), entstammte die Grundgesamtheit auf der Versuchsfläche im Bannwald Schwarzahalden einer femelschlagartigen, zeitlich langen (über 50 Jahre) Waldverjüngungsphase (STRICH, 1995). Auch der Anteil und die räumliche Anordnung der Weisstanne auf den Versuchsflächen unterscheiden sich deutlich. Auf der Versuchsfläche TA 225 beträgt der Weisstannenanteil über 50% und ist räumlich gleichmässig verteilt, während auf der Versuchsfläche im Bannwald Schwarzahalden der Weisstannenanteil nur 30% beträgt und zusätzlich die Weisstanne räumlich in Gruppen angeordnet ist.

Da für die genetische Inventur im Bannwald Schwarzahalden Probekreise nur dort angelegt wurden, wo aufgrund der vorliegenden Daten durch die Bannwaldgrundaufnahme ein höherer Weisstannenanteil als 50% anzunehmen war, wurden in jedem Probekreis ehemalige Verjüngungsgruppen des Femelschlags erfasst. Es ist anzunehmen, dass die Weisstannen einer ehemaligen Verjüngungsgruppe gleichzeitig eine genetische Verwandtschaftsgruppe darstellen, da sie mit grosser Wahrscheinlichkeit von einigen wenigen Elternindividuen (am Rand des Femellochs) abstammen. Besonderheiten im Reproduktionssystem, Besonderheiten in der räumlichen Anordnung genetischer Information der Elterngeneration oder auch kleinstandörtlich unterschiedliche Selektionsprozesse könnten sich daher aufgrund des Stichprobendesigns widerspiegeln und die deutlichen Schwankungen in den Allelfrequenzen erklären.

Schliesslich muss noch berücksichtigt werden, dass für die Weisstanne festgestellt wurde, dass sich Kollektive mit unterschiedlicher soziologischer Stellung (z. B. nach Kraftschen Baumklassen) auch in ihren genetischen Strukturen signifikant unterscheiden können (HUSSENDÖRFER & MÜLLER-STARCK, 1997). Je nach Anteil an Bäumen aus genetisch verschiedenen Baumklassen in einer Stichprobe sind demnach unterschiedliche Schätzergebnisse für die Allelfrequenzen zu erwarten.

Insgesamt verdeutlicht die beobachtete Streuung sowohl in den Allelfrequenzen als auch in den Diversitätswerten die Notwendigkeit der Angabe eines Schätzfehlers bei genetischen Inventuren, insbesondere dann, wenn nur geringe Stichprobenumfänge untersucht werden können. Genetische Variationsmasse, wie zum Beispiel die genetische Diversität, dienen der

Beschreibung genetischer Variation innerhalb und vergleichend zwischen Waldbaumpopulationen und sind wichtige Entscheidungshilfen beispielsweise zur Charakterisierung von Genressourcen, so dass wertende Aussagen (z. B. «grössere» oder «kleinere» genetische Diversität) auf einer zuverlässigen Datenbasis erfolgen müssen (vgl. KÖHL 1990). Weiterhin ist zu berücksichtigen, dass sich der Schätzfehler auf die verschiedenen genetischen Variationsparameter unterschiedlich stark auswirken kann (HUSSENDÖRFER, 1997, S. 53 ff). Starke Verzerrungen sind insbesondere für Parameter zu erwarten, die auf der Multiplikation von Einzellocus-Werten beruhen, wie z. B. die hypothetische gametische Multilocus-Diversität nach GREGORIUS *et al.* (1985).

5. Empfehlungen

Im folgenden werden drei Fallbeispiele vorgestellt, die den Effekt des Stichprobenumfangs auf die Grösse des Konfidenzintervalls zur Anteilsschätzung und damit der Zuverlässigkeit von Erhebungen zur Beschreibung der genetischen Variabilität von Populationen verdeutlichen sollen. Hierzu werden drei «Modellpopulationen» betrachtet, die sich sowohl in der Anzahl genetischer Varianten (Allele oder Genotypen) als auch in den Häufigkeitsverteilungen dieser Varianten unterscheiden (Tabelle 3).

Tabelle 3: Modellpopulation, Anzahl und Häufigkeiten genetischer Varianten.

Modellpopulation	Anzahl genetischer Varianten	Häufigkeitsverteilungen
A	3	0,25 : 0,5 : 0,25
B	3	0,7 : 0,25 : 0,05
C	5	0,2 : 0,2 : 0,2 : 0,2 : 0,2

Für jede der Populationen werden die 95%-Konfidenzintervalle für Stichproben mit Umfang $n=25$, $n=50$, $n=100$, $n=200$ und $n=500$ berechnet, wobei die binomiale Verteilung der jeweiligen Anteile angenommen wurde. Die Ergebnisse dieser Berechnungen sind in Tabelle 4 zusammengefasst. Auf eine Adjustierung des Signifikanzniveaus bei der simultanen Herleitung der Konfidenzgrenzen mehrerer Klassen wurde verzichtet. Ein Verfahren hierzu wird von KÖHL *et al.* (1999, im Druck) vorgestellt.

Tabelle 4: Konfidenzgrenzen (in p%) bei unterschiedlichen Frequenzen genetischer Varianten und unterschiedlichem Stichprobenumfang (π = tatsächliche Frequenz in der Population).

Population A	n=25	n=50	n=100	n=200	n=500
π (%)					
25	$\pi \pm 19,3$	$\pi \pm 13,1$	$\pi \pm 9,0$	$\pi \pm 6,3$	$\pi \pm 3,9$
50	$\pi \pm 22,0$	$\pi \pm 15,0$	$\pi \pm 10,3$	$\pi \pm 7,2$	$\pi \pm 4,5$
25	$\pi \pm 19,3$	$\pi \pm 13,1$	$\pi \pm 9,0$	$\pi \pm 6,3$	$\pi \pm 3,9$
Population B					
70	$\pi \pm 20,3$	$\pi \pm 13,8$	$\pi \pm 9,5$	$\pi \pm 6,6$	$\pi \pm 4,1$
25	$\pi \pm 19,3$	$\pi \pm 13,1$	$\pi \pm 9,0$	$\pi \pm 6,3$	$\pi \pm 3,9$
5	$\pi \pm 10,7$	$\pi \pm 7,1$	$\pi \pm 4,8$	$\pi \pm 3,3$	$\pi \pm 2,0$
Population C					
20	$\pi \pm 18,0$	$\pi \pm 12,2$	$\pi \pm 8,4$	$\pi \pm 5,8$	$\pi \pm 3,6$
20	$\pi \pm 18,0$	$\pi \pm 12,2$	$\pi \pm 8,4$	$\pi \pm 5,8$	$\pi \pm 3,6$
20	$\pi \pm 18,0$	$\pi \pm 12,2$	$\pi \pm 8,4$	$\pi \pm 5,8$	$\pi \pm 3,6$
20	$\pi \pm 18,0$	$\pi \pm 12,2$	$\pi \pm 8,4$	$\pi \pm 5,8$	$\pi \pm 3,6$
20	$\pi \pm 18,0$	$\pi \pm 12,2$	$\pi \pm 8,4$	$\pi \pm 5,8$	$\pi \pm 3,6$

Die Konfidenzintervalle zeigen den Bereich, in dem mit 95%iger Vertrauenswahrscheinlichkeit der wahre Anteil der Population π lokalisiert ist. Mit zunehmendem Stichproben-

umfang werden die Intervalle enger. Bei geringem Stichprobenumfang werden die Konfidenzintervalle so weit, dass sie sich auch bei markanten Unterschieden der geschätzten Frequenz genetischer Varianten überschneiden. Statistisch abgesicherte Aussagen über Unterschiede bei den beobachteten Frequenzen sind in diesen Fällen nicht möglich. So ist beispielsweise in der Modellpopulation A bei einem Stichprobenumfang von $n=25$ kein signifikanter (d. h. statistisch abgesicherter) Unterschied zwischen den geschätzten Frequenzen von 25% und 50% nachweisbar. In Population C kann erst ab einem Stichprobenumfang von $n=500$ näherungsweise eine Gleichverteilung der genetischen Varianten angenommen werden.

Die drei Modellpopulationen zeigen noch eine weitere Eigenschaft bei der Schätzung der Grenzen der Konfidenzintervalle. Je näher die Häufigkeiten gegen Null oder Eins streben, desto genauer wird bei gleichbleibendem Stichprobenumfang die Schätzung, d. h. desto enger werden die Konfidenzintervalle; bei Häufigkeiten von 50% sind die Konfidenzintervalle am weitesten. KÖHL *et al.* (1999, im Druck) schlagen daher vor, bei der *a priori* Berechnung des Stichprobenumfangs von Häufigkeiten um 50% auszugehen und damit den ungünstigsten Fall (worst case) anzunehmen.

6. Ausblick

Politische Forderungen – insbesondere im Anschluss an die Ministerkonferenzen in Strassburg (1990) und Helsinki (1993) – sowie nationale Bestimmungen (z. B. Landeswaldgesetz Baden-Württemberg 1996: §13, §22) zeigen den hohen Stellenwert der Erhaltung genetischer Anpassungsfähigkeit und Biodiversität (einschliesslich der genetischen Vielfalt) im Rahmen einer nachhaltigen Waldbewirtschaftung. Um diesen Anspruch erfüllen zu können, müssen Kriterien und Indikatoren für eine auch genetisch nachhaltige Forstwirtschaft entwickelt werden (MÜLLER-STARCK, 1993, 1996). Dies erfordert die Erfassung und langfristige Beobachtung der zeitlichen und räumlichen Dynamik genetischer Strukturen.

Aufgrund der dargestellten Ausführungen stellt sich für die dazu erforderlichen genetischen Inventuren die Frage nach geeigneten Stichprobenverfahren. Schliesslich muss berücksichtigt werden, dass genetische Inventuren – je nach Fragestellung – mit Hilfe unterschiedlicher Genmarker durchgeführt werden können. Die verschiedenen Marker weisen zum Teil eine Vielzahl an unterschiedlichen Eigenschaften auf, z. B. hinsichtlich der Neutralität bzw. Adaptivität gegenüber Umweltvariablen, hinsichtlich ihrer Mutationsrate oder hinsichtlich ihres Polymorphiegrades. Entsprechend den bereits vorhandenen Möglichkeiten, aber auch der raschen Entwicklung neuer Genmarker, ist zu überprüfen, ob die Verwendung unterschiedlicher Marker auch unterschiedlicher Stichprobenverfahren bedarf.

Im Rahmen eines durch die Deutsche Forschungsgemeinschaft geförderten Verbundprojektes zwischen der TU Dresden in Tharandt (Lehrstuhl für Biometrie und forstliche Informatik) und der Forstlichen Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg (Abteilung Botanik und Standortkunde) werden derzeit Stichprobenverfahren für genetische Inventuren geprüft, um kosteneffiziente Verfahren zu entwickeln, die eine repräsentative, zuverlässige Schätzung der Häufigkeitsverteilung von Allelen und Genotypen aus einer Grundgesamtheit ermöglichen. Diese und weitere Initiativen sind notwendig, um das Informationspotential genetischer Inventuren unter Erhöhung der Schätzgenauigkeit effizienter als in der Vergangenheit nutzen zu können.

Zusammenfassung

Ziel der Arbeit ist die Untersuchung der Schätzgenauigkeit genetischer Inventuren in Abhängigkeit vom Stichprobenumfang und der Art der Stichprobennahme. Die Notwendigkeit solcher Studien wird einleitend am Beispiel von Inventurergebnissen aus dem Verbreitungsgebiet der Weisstanne (*Abies alba* Mill.) demonstriert.

Am Beispiel zweier Weisstannen-Bestände wird der Einfluss unterschiedlicher Stichprobengrössen bzw. Stichprobendesigns auf die Genauigkeit zur Erfassung häufiger genetischer Varianten untersucht. Dazu werden am Beispiel des Isoenzym-Genlocus IDH-B Allelhäufigkeiten und Diversitätswerte für verschiedene Straten hergeleitet und Konfidenzintervalle berechnet.

Es zeigt sich, dass der Stichprobenumfang einen erheblichen Einfluss auf die Genauigkeit der Erfassung häufiger genetischer Varianten hat. So beträgt im Falle einer Stichprobe von 25 Individuen innerhalb eines Probekreises die beobachtete Häufigkeit des Allels IDH-B3 22% mit einem dazugehörigen Konfidenzintervall von $\pm 18,6\%$. Dies bedeutet, dass mit 95%iger Wahrscheinlichkeit die Frequenz dieses Allels zwischen 3,4% und 40,6% lokalisiert sein kann. Im Falle von 200 Individuen (neun Probekreise) beträgt die beobachtete Häufigkeit 39%, wobei der Lokalisierungsbereich nur noch zwischen 32,0% und 46,0% liegt. Diese Unterschiede wirken sich auch gravierend auf die genetische Diversität aus.

Die Ergebnisse lassen weiterhin vermuten, dass auch die räumliche Anordnung der genetischen Varianten innerhalb der Grundgesamtheit sich auf diese Befunde auswirkt. Gesamthaft belegen die Ergebnisse damit eindeutig die Notwendigkeit der Angabe von Schätzfehlern, vor allen Dingen im Bereich der bei genetischen Inventuren bislang üblichen geringen Stichprobenumfänge.

Abschliessend werden anhand von drei Modellpopulationen, die sich in der Anzahl und Häufigkeit genetischer Varianten unterscheiden, Daten vorgestellt, die den Effekt des Stichprobenumfangs auf die Zuverlässigkeit genetischer Inventuren quantifizieren. Ferner werden Konfidenzgrenzen für unterschiedliche Häufigkeiten genetischer Typen und Stichprobenumfänge zusammengestellt. Die Daten sind eine wichtige Grundlage für Empfehlungen zur Realisierung statistisch abgesicherter Ergebnisse genetischer Inventuren.

Résumé

Une contribution sur la précision de l'échantillonnage dans les inventaires génétiques de populations d'arbres forestiers

L'objectif de ce travail est d'étudier la précision de l'estimation faite lors d'inventaires génétiques et ceci en fonction de la taille des échantillons et du mode d'échantillonnage. La nécessité de telles études est démontrée à l'aide de résultats d'inventaires réalisés dans l'aire d'extension du sapin blanc (*Abies alba* Mill.).

Deux peuplements témoins de sapins blancs ont été sélectionnés afin d'étudier l'influence des différentes tailles d'échantillons et des différents modes d'échantillonnage sur la précision du relevé de variantes génétiques fréquentes. A l'aide du locus isoenzymique IDH-B, les fréquences d'allèles et les diversités génétiques ont été calculées pour différentes strates (subpopulations) et différents intervalles de confiance.

Il en résulte que la taille de l'échantillon exerce une influence considérable sur la précision du relevé de variantes génétiques fréquentes. Sur une placette circulaire de 25 individus, la fréquence de l'allèle IDH-B3 est de 22%; elle présente un intervalle de confiance de $\pm 18,6\%$. Cela signifie que cet allèle peut être localisé à une fréquence aillant de 3,4% à 40,6%; cette localisation se fait avec un taux de probabilité de 95%. Dans le cas de 200 individus (neuf placettes circulaires), la fréquence observée est de 39%; mais ici l'intervalle de localisation n'est plus que de 32,0% à 46,0%. Ces différences se répercutent lourdement aussi sur l'estimation de la diversité génétique.

Par ailleurs, tout laisse à supposer que la disposition spatiale des variantes génétiques observées dans une entité de base modifient également la teneur des constats. De manière généra-

le, les résultats de cette étude montrent clairement la nécessité d'indiquer les erreurs d'estimation, spécialement dans le cas d'inventaires génétiques qui sont généralement fondés sur des échantillons de petite taille.

Finalement, l'influence de la taille de l'échantillon et la précision des inventaires génétiques sont quantifiés à l'aide des données obtenues dans trois populations modèles, différentes en nombre et en fréquence de variantes génétiques. En outre, les limites de confiance sont compliées pour différentes fréquences de types génétiques et différentes tailles d'échantillons. Ces données représentent une base essentielle de recommandations utiles à l'obtention de résultats d'inventaires génétiques significatifs.

Traduction: MONIQUE DOUSSE

Summary

A Contribution to the Precision of Sampling in Genetic Inventories of Forest Tree Populations

It is the objective of this study to verify the precision of estimates of genetic inventories dependent on sample size and mode of sampling. The necessity of such studies is demonstrated by means of results of inventories which refer to the habitat of silver fir (*Abies alba* Mill.).

Two stands of silver fir were selected in order to study the impact of different sample sizes and modes of sampling on the precision in the monitoring of frequent genetic variants. Based on the enzyme coding gene locus IDH-B, allele frequencies and genetic diversities are calculated for different strata (sub-populations) and confidence intervals.

It becomes evident that the sample size essentially determines the precision in the monitoring of frequent genetic variants. In case of a circular sampling unit with 25 individuals, the observed frequency of the allele IDH-B3 is 22% with a corresponding confidence interval of $\pm 18.6\%$. Based on a probability of 95%, the frequency of this allele can be localized between 3.4% and 40.6%. In case of 200 individuals (nine circular sampling units), the observed frequency is 39% with a correspondingly reduced range of localization between 32% and 46%. These differences infer substantially on estimates of genetic diversities.

Furthermore, it can be assumed that these results are also independent on the spatial arrangement of the genetic variants within the respective total population. Generally, the results of this study clearly point out the necessity to communicate statistical errors especially with regard to genetic inventories, which usually are based on small sample sizes.

Finally, three different model populations are introduced which deviate with respect to the number and the frequency of genetic variants in order to quantify the effect of sample size and the precision of genetic inventories. In addition, confidence limits are compiled for different frequencies of genetic types and different sample sizes. These data can be used efficiently as a basis for recommendations of how to realise statistically verified results of genetic inventories.

Literatur

- BERGMANN, F., GREGORIUS, H.-R. (1993): Ecogeographical distribution and thermostability of Isocitrate dehydrogenase (IDH) alloenzymes in European silver fir (*Abies alba*). *Biochem. System. Ecology* 21 (5): 597–605.
- BERGMANN, F., KOWNATZKI, D. (1988): The genetic variation pattern of silver fir (*Abies alba*) in Europe monitored from enzyme gene loci. In: Paule, L., Korpel, S. (Ed.): 5. IUFRO-Tannensymposium, Zvolen: 21–26.
- BERGMANN, F., GREGORIUS, H.-R., LARSEN, J.B. (1990): Levels of genetic variation in European silver fir (*Abies alba*). Are they related to the species' decline? *Genetica* 82: 1–10.
- FINKELDEY, R. (1993): Die Bedeutung allelischer Profile für die Konservierung genetischer Ressourcen bei Waldbäumen. *Göttinger Forstgenetische Berichte* 14. 176 S.
- GREGORIUS, H.-R. (1978): The concept of genetic diversity and its formal relationship to heterozygosity and genetic distance. *Math. Bioscience* 41: 253–271.
- GREGORIUS, H.-R. (1980): The probability of losing an allele when diploid genotypes are sampled. *Biometrics* 36: 643–652.
- GREGORIUS, H.-R. (1983): Klonanzahl in Samenplantagen und genetische Vielfalt. In: 2. Arbeitstagung Forum-Genetik-Wald-Forstwirtschaft, Göttingen: 58–62.
- GREGORIUS, H.-R. (1987): The relationship between the concepts of genetic diversity and differentiation. *Theor. Appl. Genet.* 74: 397–401.
- GREGORIUS, H.-R., HATTEMER, H. H., BERGMANN, F., MÜLLER-STARCK, G. (1985): Umweltbelastung und Anpassungsfähigkeit von Baumpopulationen. *Silvae Genet.* 34: 230–241.
- HATTEMER, H. H., BERGMANN, F., ZIEHE, M. (1993): Einführung in die Genetik für Studierende der Forstwissenschaft. J. D. Sauerländer's Verlag, Frankfurt am Main. 492 S.
- 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. *Beih. Z. Schweiz. Forstver.* 83: 151 S.
- HUSSENDÖRFER, E. (1998): Kontrolle und Erhaltung genetischer Strukturen von Waldbaumpopulationen in Bann- und Wirtschaftswäldern Baden-Württembergs. Abschlussbericht UFO 55-95-6 (im Druck).
- HUSSENDÖRFER, E., MÜLLER-STARCK, G. (1997): Genetische Aspekte der dauerwaldartigen Waldwirtschaft. *Dauerwald* 16: 54–68.
- HUSSENDÖRFER, E., KONNERT, M., BERGMANN, F. (1995): Inheritance and linkage of isozyme variants of Silver Fir (*Abies alba* Mill.). *For. Genet.* 2 (1): 29–40.
- KÖHL, M. (1990): Sind «statistisch signifikante» Ergebnisse wirklich signifikant? oder: Gedanken zur Anwendung statistischer Methoden in der forstlichen Forschung. *Allg. Forst- Jagdztg.* 161 (12): 226–231.
- KÖHL, M., HUSSENDÖRFER, E., MÜLLER-STARCK, G. (1999, im Druck): Determination and effect of sample sizes in genetic surveys in forest tree populations.
- MÖLLER, K. (1986): Genetische Untersuchungen bei der Tanne mit Hilfe von Enzym-Genmarkern. *Allg. Forstztg. (Wien)* 3: 60–61.
- MÜLLER-STARCK, G. (1993): Auswirkungen von Umweltbelastungen auf genetische Strukturen von Waldbeständen am Beispiel der Buche (*Fagus sylvatica* L.). *Schr. Forstl. Fak. Univ. Gött. Niedersächs. forstl. Vers.anst.* 112: 163 S.
- MÜLLER-STARCK, G. (1996): Beiträge der Forstgenetik zur nachhaltigen Waldbewirtschaftung. In: Müller-Starck, G. (Ed.): Biodiversität und nachhaltige Forstwirtschaft. Ecomed Verlagsgesellschaft, Landsberg: 259–283.
- SCHROEDER, S. (1989): Die Isoenzym-Variation der Weisstanne (*Abies alba* Mill.) 16 europäischer Provenienzen. *Mitt. Ver. forstl. Standortskd. Forstpflanzenzücht.* 32: 77–81.
- STRICH, S. (1995): Erläuterungsbericht zum Bannwald Schwarzahalden. FVA Baden-Württemberg (unveröffentlicht). 132 S.
- VICARIO, F., VENDRAMIN, G.G., ROSSI, P., LIÒ, P., GIANNINI, R. (1995): Allozyme, chloroplast Dna and RAPD markers for determining genetic relationships between *Abies alba* and the relic population of *Abies nebrodensis*. *Theor. Appl. Genet.* 90: 1012–1018.
- WEISE, U. (1995): Zuwachs- und Jungwuchsentwicklung in Versuchen zur natürlichen Verjüngung von Fichten-Tannen(Buchen)-Beständen in Baden-Württemberg. *Mitt. Forstl. Vers.-Forsch.anst. Baden-Württ.* 192: 75 S.

Dank

Die vorliegende Arbeit entstand im Rahmen eines Verbundprojektes zwischen der TU Dresden in Tharandt (Lehrstuhl für Biometrie und forstliche Informatik) und der Forstlichen Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg (Abteilung Botanik und Standortkunde). Dieses Vorhaben wird durch die Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG) gefördert.

Verfasser:

Dr. ERWIN HUSSENDÖRFER, Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg, Abteilung Botanik und Standortkunde, Wonnhaldestrasse 4, D-79100 Freiburg, e-mail: hussendo@fva.lfv.bwl.de;
 Prof. Dr. MICHAEL KÖHL, Technische Universität Dresden, Lehrstuhl für Forstliche Biometrie und Computerwissenschaften, Wilsdrufferstrasse 18, D-01737 Tharandt, e-mail: koehl@forst.tu-dresden.de;
 Prof. Dr. GERHARD MÜLLER-STARCK, Universität München, Forstwissenschaftliche Fakultät, Lehrbereich Forstgenetik, Am Hochanger 13, D-85354 Freising, e-mail: mueller-starck@genetik.forst.uni-muenchen.de