

ROBLES Y HAYAS EN ESPAÑA. CONSERVACIÓN DE RECURSOS GENÉTICOS

P. G. GOICOECHEA ¹, D. AGÚNDEZ ²

¹ Neiker, Granja Modelo-Arkante. Dpto. de Producción Vegetal, Apdo. 46, 01080 Vitoria-Gasteiz

² INIA-CIFOR. Dpto. de Mejora y Biotecnología. Apdo. 8111. 28080 Madrid

pgoikoetxea@ikt.es

RESUMEN

Las visibles consecuencias de la fuerte influencia antrópica que directamente sufren y han sufrido nuestros bosques obliga a la integración de científicos de distintas disciplinas, gestores de los montes, políticos y a la sociedad en general, para aunar esfuerzos dirigidos a la conservación de nuestros recursos genéticos forestales. La Estrategia Forestal Española constituye actualmente el marco administrativo para diseñar y llevar a cabo los programas de conservación.

España toma parte activa en el grupo de trabajo sobre robles y hayas EUFORGEN Social Broadleaves desde 1999. El grupo incluye a las hayas y los robles blancos europeos. En el programa español se hace necesaria la consideración de las siguientes especies: *Fagus sylvatica*, *Quercus robur*, *Q. petraea*, *Q. humilis*, *Q. pyrenaica*, *Q. faginea*, *Q. canariensis* y *Q. lusitanica*. El género *Quercus* forma un complejo de especies estrechamente relacionadas ecológica y genéticamente, presentando en la Península Ibérica, junto a *F. sylvatica*, una situación interesante y con alto potencial genético por ser especies que comparten los climas nemoral con el mediterráneo.

En el presente trabajo se hace una revisión del estado de conservación de los recursos genéticos forestales de robles y hayas y de la problemática que presentan estas especies, y se hace una evaluación de los trabajos realizados ya en este sentido, para poder definir un programa de conservación de sus recursos genéticos.

Actualmente contamos con importante información sobre la variación geográfica de las especies a través de la delimitación de las regiones de procedencia y de las regiones de identificación y uso. La relación filogenética estudiada a través del ADN de cloroplastos indica dos linajes para el haya procedentes de Europa y varios linajes para el conjunto de los robles con origen dentro y fuera de la Península Ibérica, indicando además un fuerte parentesco dentro del grupo. La estructuración de la diversidad genética se conoce parcialmente para el haya, mostrando una agrupación geográfica clara. En la actualidad existen ensayos de procedencia de haya, cuya periódica evaluación se hace imprescindible para el conocimiento del comportamiento de nuestro material genético y poder así hacer recomendaciones de uso de la especie. En el caso de los robles, la situación es más precaria, debiendo apoyar el inicio de estudios genéticos cuyo objetivo sea el conocimiento de la variabilidad genética, tanto con marcadores genéticos como con ensayos de comportamiento de las procedencias.

PALABRAS CLAVE: *Quercus*
Fagus sylvatica
Conservación de Recursos Genéticos

INTRODUCCIÓN

Las comunidades de hayas y de robles, al igual que otras comunidades forestales, han sufrido profundas transformaciones influenciadas en gran medida por la actividad humana. El factor único más importante lo constituye el abandono masivo y generalizado de las prácticas tradicionales en favor de un aprovechamiento industrial de los bosques. Entre los aprovechamientos que han conducido a una deforestación progresiva, a veces definitiva, se encuentran la roturación de áreas forestales en favor de la agricultura y/o ganadería; la utilización de la madera para carbón, edificios o navíos; la minería, la expansión urbana, la creación de embalses y el rasgado cometido por diversos tendidos y vías de comunicación, y la emisión de contaminantes. El resultado típico de estas alteraciones es la persistencia de las comunidades forestales en poblaciones locales de reducido tamaño, aisladas de otras subpoblaciones de la especie o grupo de especies (Manuel y Gil, 1997). A largo plazo, esta compartimentalización aumenta enormemente el riesgo de extinción, porque los factores estocásticos adquieren una mayor importancia sobre la dinámica de las poblaciones pequeñas que sobre poblaciones de mayor tamaño.

El efecto del cambio climático, bien sea natural o inducido por la actividad humana, sobre la calidad de los diferentes tipos de hábitats, ha sido reconocido como otro de los grandes problemas en la conservación de recursos genéticos (EWGRB, 1997). Si la tasa de cambio ambiental es mayor que la capacidad de adaptación de las poblaciones locales, los individuos de tales poblaciones se verán obligados a migrar para poder sobrevivir. En los paisajes fragmentados de la mayor parte de Europa, tal migración será prácticamente imposible, lo que contribuirá a un aumento del riesgo de extinción de las poblaciones locales que puede afectar incluso a áreas protegidas. En los robles españoles, la frugalidad de *Q. pyrenaica* y *Q. faginea* sin duda contribuirá al éxito de ambas especies en detrimento de las especies templadas de mayores requerimientos ecológicos. En las hayas puede suponer la imposibilidad de su retirada a latitudes más septentrionales.

Además de estos peligros, los datos del Segundo Inventario Forestal Nacional (DGCN, 1998) ponen de manifiesto que las masas de hayas y robles sufren importantes problemas de regeneración, con un gran porcentaje de las mismas contribuyendo a las clases de peor regeneración, aunque se ha producido un incremento general en el número de pies inventariados, en comparación con los datos del Primer Inventario Nacional.

Las iniciativas más importantes para la conservación de recursos genéticos de estas especies a nivel nacional han sido la delimitación de regiones de procedencia e identificación de procedencias de área restringida (Martín *et al.*, 1998) y la catalogación de masas selectas como material de base para la producción de material forestal de reproducción (DGCN, 1999) además de la creación de espacios protegidos.

Los ensayos de procedencia cuyo objetivo principal es el conocimiento del comportamiento y de la variabilidad genética de las especies suponen una herramienta muy valiosa como conservación *ex situ* del material incluido. En España se han instalado ensayos de haya con procedencias ibéricas (Vega *et al.*, 1992; Puertas *et al.*, 1995) e incluyendo todo el rango de distribución europeo (von Wuehlisch *et al.*, 1998). Sin embargo, la situación para el conjunto de los robles es verdaderamente preocupante, al no existir ensayos nacionales ni nuestras poblaciones estar presentes en ensayos internacionales.

La red EUFORGEN crea en octubre de 1997 el grupo de trabajo para la conservación de los recursos genéticos de los robles y las hayas (Social Broadleaves). España se adhirió al grupo en la segunda reunión del grupo en junio de 1999. En varios países europeos

se había planteado ya con anterioridad la necesidad de conservar los recursos genéticos de *Fagus sylvatica*, definiendo su estrategia de conservación (ver revisión en Paule, 1995). La aprobación de la Estrategia Forestal Española y de la Estrategia Española para la Conservación y el Uso Sostenible de la Diversidad Biológica (MMA, 1999 y 2000) suponen los dos pilares básicos para la elaboración del Programa Español para la Conservación de los Recursos Genéticos Forestales.

Este trabajo pretende hacer una síntesis del estado de los recursos genéticos de los robles y las hayas en España, además de definir las bases que permitan diseñar el programa de conservación de los recursos genéticos de las especies incluidas en el grupo.

ESPECIES CONSIDERADAS

El grupo de trabajo EUFORGEN «Social Broadleaves» incluye las dos especies de haya presentes en Europa y varias especies de robles (Kremer, este volumen). En nuestro país únicamente existe una especie de haya, *F. sylvatica*, junto a varias especies de robles (*Quercus robur*, *Q. petraea*, *Q. humilis* y *Q. pyrenaica*). *Q. faginea* y *Q. lusitanica* se encuentran únicamente en la Península Ibérica y *Q. canariensis* además en el Norte de África. Debido a su ausencia en otros países estas especies no entran dentro del grupo europeo.

Estudios recientes sobre el polimorfismo del ADN de cloroplastos (cpADN) en el grupo de los robles blancos europeos han puesto de manifiesto la cercanía filogenética de estas especies y han descrito la existencia de varios linajes maternos, bien estructurados geográficamente, que son compartidos por especies de ámbito mediterráneo y por aquellas de ámbito templado (Petit *et al.*, 2001). La explicación más sencilla de este resultado descansa en la suposición de un flujo genético extensivo entre las diferentes especies que comparten el cpADN; supuesto que se encuentra avalado por la no poco frecuente aparición de formas intermedias entre las diferentes especies.

En la Península Ibérica, el grupo de los robles que comparten cpDNA comprende seis especies arbóreas (Olalde *et al.*, 2001) y una especie de carácter arbustivo (datos no publicados). Entre las primeras se encuentran los robles caducifolios y marcescentes *Q. canariensis*, *Q. faginea*, *Q. humilis*, *Q. petraea*, *Q. pyrenaica* y *Q. robur*; mientras que la quejigeta, *Q. lusitanica*, es el representante arbustivo del grupo. Dada la importancia del flujo genético interespecífico en este grupo de especies, los programas nacionales de conservación de recursos genéticos deberán abordarse desde una perspectiva integradora que contemple todas las especies (robles *sensu stricto*; Nixon, 1993).

INVENTARIO DE LOS RECURSOS GENÉTICOS DE LAS ESPECIES

El Segundo Mapa Forestal de España (Ruiz de la Torre, 1990) constituye el proyecto más ambicioso abordado en el ámbito nacional para describir los recursos forestales de nuestra geografía. El Segundo Inventario Forestal Nacional (DGCN, 1998) permite cono-

cer las superficies ocupadas por estas especies tanto en formaciones puras como en masas mixtas, su presencia en las distintas categorías de espacios protegidos y el tipo de regeneración que tienen sus masas (Tabla 1).

TABLA 1

DISTRIBUCIÓN TOTAL (SUPERFICIE CUBIERTA 1 = 20 – 39 %, 2 = 40 – 69 %, 3 = 70 – 100 %), PORCENTAJE DE SUPERFICIE EN TIPOS DE REGENERACIÓN DE LAS MASAS, SUPERFICIE PRESENTE EN DISTINTAS CATEGORÍAS IUCN DE ESPACIOS PROTEGIDOS

Total area, percent of the area by type of natural regenerations, and area occupied in different Categories of protected areas following the IUCN classification

Especies	Área Total [ha]	Regeneración Natural			Espacios Naturales Protegidos		
		Predominante > 70 %	Moderada 30-70 %	Pobre < 30 %	Ib [WA]	II [NP]	VI [MRPA]
<i>Fagus sylvatica</i>	311.115 (3)	2,13	1,59	96,28	949	6.105	25.378
<i>Quercus petraea</i> + <i>Q. robur</i>	99.551 (1, 2, 3)	5,05	3,06	91,89	420	615	4.750
<i>Q. pyrenaica</i> + <i>Q. humilis</i>	263.473 (1, 2, 3)	5,51	1,05	93,44	1.600		9.040
<i>Q. faginea</i>	51.925 (1)	4,58	2,79	92,63			
<i>F. sylvatica</i> + <i>Q. petraea</i> + <i>Q. robur</i>	88.551 (1)				2.504	8.736	25.341
<i>Quercus faginea</i> + <i>Quercus ilex</i>	195.728 (1)						26.373
<i>Q. humilis</i> + <i>Q. pyrenaica</i> + + <i>Quercus ilex</i>	76.981 (1)				988		7.727
<i>Q. canariensis</i> + <i>Quercus suber</i>	48.075 (1)						43.386

La identificación de los recursos de robles y hayas ha sido llevada a cabo mediante la delimitación de regiones de procedencia (Díaz-Fernández *et al.*, 1995; Jiménez *et al.*, 1988; Agúndez *et al.*, 1995). En ausencia de datos genéticos, se ha utilizado la variabilidad ecológica –geografía, clima, suelo– para delimitar zonas uniformes en las que las poblaciones pudieran presentar características adaptativas similares (Tabla 2). Las procedencias de área restringida son aquellas poblaciones que por su reducida extensión o su escaso número de individuos no son aptas para ser seleccionadas como fuente comercial de semilla. Son susceptibles de identificar como zonas de conservación, al presentar peligro de extinción bien por el flujo genético procedente de repoblaciones cercanas o por presentar problemas de regeneración, lo que constituiría una posible pérdida de genes para la especie. Las regiones de identificación y utilización del material forestal de reproducción (RIUs) permiten la homologación con las regiones de procedencia definidas para cada especie, de cara a recomendar la fuente de semilla tanto fuera como dentro de su área natural (Martín *et al.*, 1998), constituyendo una medida más para la identificación y conservación de los recursos genéticos forestales. En la Figura 1 aparece el área de distribución natural de los robles y hayas y las RIUs consideradas para este grupo de especies.

TABLA 2
REGIONES DE PROCEDENCIA Y RODALES SELECTOS DE *QUERCUS SPP*
Y FAGUS SYLVATICA

Summary of regions of Provenance and Selected Stands of Quercus spp. and Fagus sylvatica in Spain

Especies	Regiones de procedencia	Procedencias de área restringida	Rodaes Selectos	
			Número	Hectáreas
<i>Fagus sylvatica</i>	18	4	21	1083
<i>Quercus petraea</i> + <i>Q. robur</i> + + <i>Q. humilis</i>	9	5	7 <i>Q. petraea</i> 13 <i>Q. robur</i>	248 <i>Q. petraea</i> 312 <i>Q. robur</i>
<i>Q. pyrenaica</i>	16	11		
<i>Q. faginea</i>	18	7		
<i>Q. canariensis</i>	1	2		



Fig. 1.—Distribución y regiones de identificación y utilización del material forestal de reproducción de diferentes especies incluidas en la red de frondosas sociales
Distribution and Regions for identification and use of forestry reproductive material of different species included in the Social Broadleaves Network in Spain

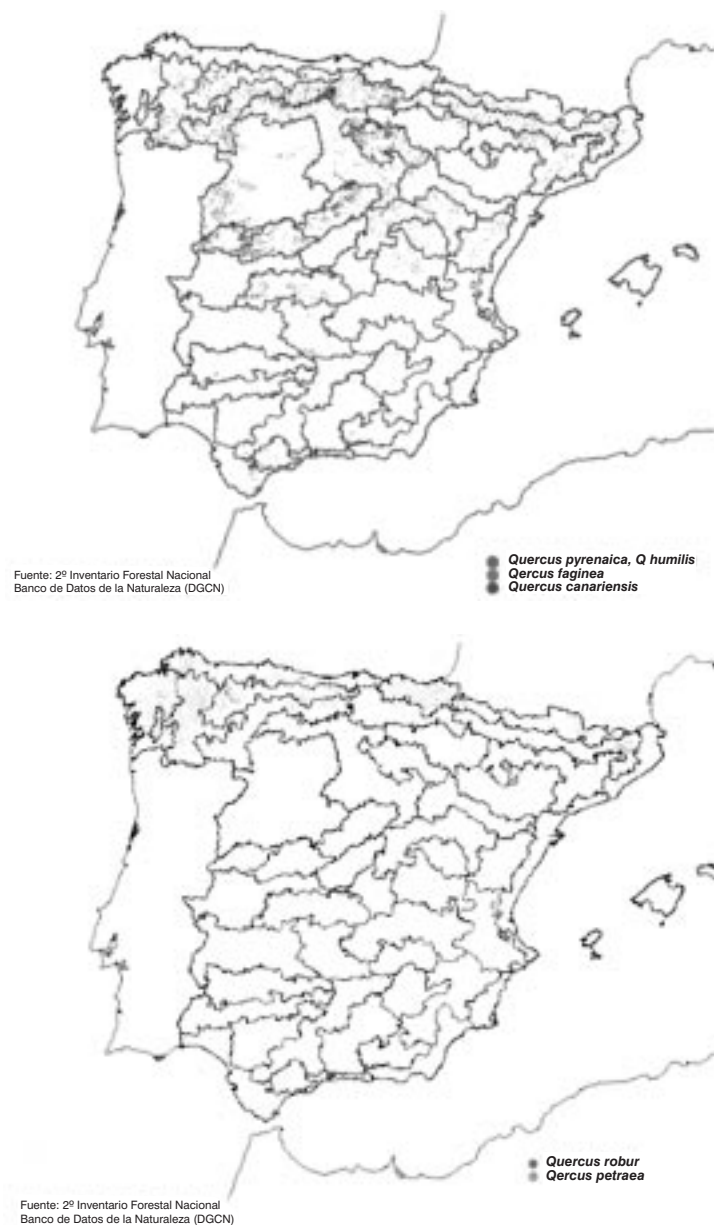


Fig. 1 (CONT).—Distribución y regiones de identificación y utilización del material forestal de reproducción de diferentes especies incluidas en la red de frondosas sociales
Distribution and Regions for identification and use of forestry reproductive material of different species included in the Social Broadleaves Network in Spain

Los resultados en ensayos de procedencia de haya muestran una variación clinal desde el este-sureste hacia el oeste en el inicio de la brotación, considerando todo el rango de distribución de la especie, siendo las procedencias orientales las que brotan antes. De la comparación de procedencias localizadas en zonas próximas se observa que, en general, las situadas a mayor altitud son las más tempranas (von Wuehlisch *et al.*, 1993, 1995). Estos autores distinguen 3-4 grupos de inicio del crecimiento y sitúan las procedencias españolas dentro del grupo más tardío.

En España, el estudio de las procedencias de *Fagus sylvatica* comenzó en 1986 con la instalación de varios ensayos (Tabla 3). La variación encontrada se debe a la procedencia y a los distintos lugares de ensayo, no existiendo una pauta geográfica clara en cuanto al comportamiento en vivero (Puertas, 1992) y al crecimiento en los diez primeros años (Vega *et al.*, 1992; Puertas *et al.*, 1995).

TABLA 3
ENSAYOS DE PROCEDENCIA DE *FAGUS SYLVATICA* L. EN ESPAÑA
*Provenance tests of *Fagus sylvatica* L. in Spain*

Año de instalación	Origen de las poblaciones	Rango de actuación	Situación de las parcelas	N.º procedencias	N.º parcelas
1986	España	Nacional	Navarra, Álava, Burgos, Lugo	37	5
1992	Navarra	Regional	Navarra	40	1
1993	Europa	proyecto EU	Navarra	100 europeas 5 españolas	1
1998	Europa	proyecto EU	Burgos/ La Rioja	35 europeas 4 españolas	2

El estudio de poblaciones de *Fagus sylvatica* realizado con marcadores isoenzimáticos (Comps *et al.*, 1993) incluye poblaciones de toda Europa, y entre ellas a poblaciones ibéricas de la vertiente meridional de la Cordillera Cantábrica, Sistema Ibérico, Pirineo, Prepirineo y Beceite. Este trabajo ha revelado la existencia de tres grandes grupos: cantábrico, pirenaico y meridional (Sistema Ibérico y Prepirineo). La distancia genética se corresponde con la distancia geográfica en el caso de los grupos más dispares entre sí: el cantábrico y el sueco, existiendo un gradiente sur-norte y este-oeste que crece o decrece según el marcador. En general, la variación genética entre y dentro de poblaciones tiende a ser más alta cuanto más nos acercamos al límite meridional de la especie. La población de Beceite se separa de todas las españolas estudiadas.

En la Península Ibérica aparece un único haplotipo de cpADN común al que se encuentra en la mayoría de las poblaciones europeas (Demesure *et al.*, 1996). Un estudio más amplio de esta especie, en el que se han analizado 44 poblaciones españolas de prácticamente toda el área de distribución, muestra dos haplotipos como los más comunes en

Europa y que son a su vez los que se encuentran en la Península Ibérica (Rémy Petit, com. pers.). De estos trabajos se desprende que la colonización de los dos linajes más frecuentes seguiría, a grandes rasgos, una dirección este-oeste y que en la Península Ibérica no existieron refugios glaciares (Fig. 2); si los hubiera habido, deberían haber sido anteriores a la diferenciación genética de los cloroplastos. Además, no encuentran una estructuración geográfica y, en el caso de las poblaciones españolas, la identificación de material extraño europeo no sería posible hacerla mediante estos marcadores, puesto que los haplotipos encontrados son los más comunes para toda Europa.

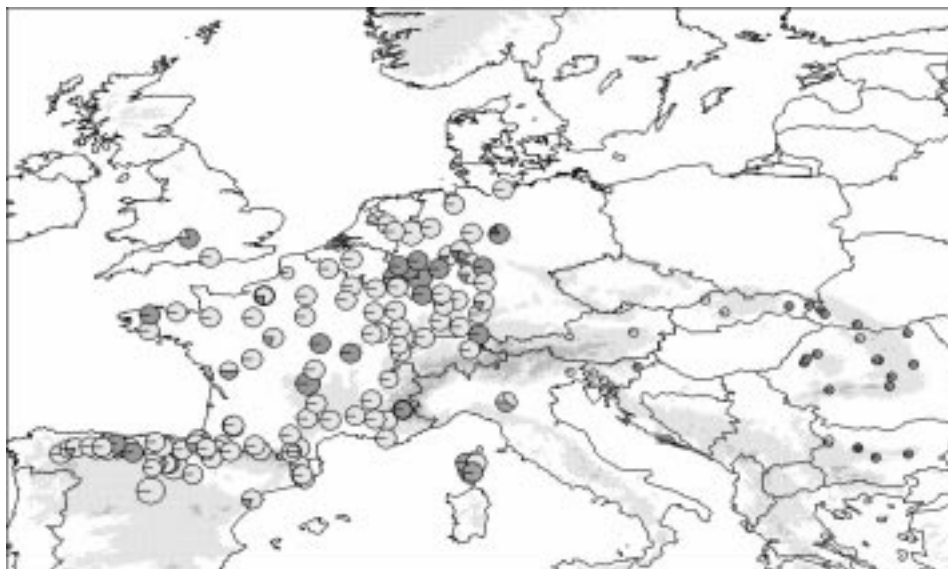


Fig. 2.—Distribución de los haplotipos identificados para *Fagus sylvatica* en Europa (R. Petit, en prep.)

Distribution of haplotypes identified in European Beech (R. Petit, in prep.)

Los estudios realizados para evaluar la diversidad genética de los robles incluyen el análisis con seis microsatélites nucleares de dos rodales semilleros de *Q. robur*, un rodal semillero de *Q. petraea* y una procedencia de área restringida para esta misma especie (datos no publicados).

El análisis de 188 poblaciones de robles repartidas a lo largo de la Península ha puesto de manifiesto la existencia de 15 haplotipos de cpADN entre las siete especies consideradas (Olalde *et al.*, 2001; Collada y Jiménez, comunicación personal). Varios de los haplotipos pueden considerarse en peligro de extinción puesto que se hallan representados en solamente una o en muy pocas poblaciones. El análisis filogenético de estas 15 variantes muestra la existencia de cuatro linajes maternos, dos de ellos representados por varios haplotipos relacionados y dos de ellos representados por un único haplotipo (Fig. 3). La distribución geográfica de los haplotipos (Fig. 4) muestra una destacada estructura espa-

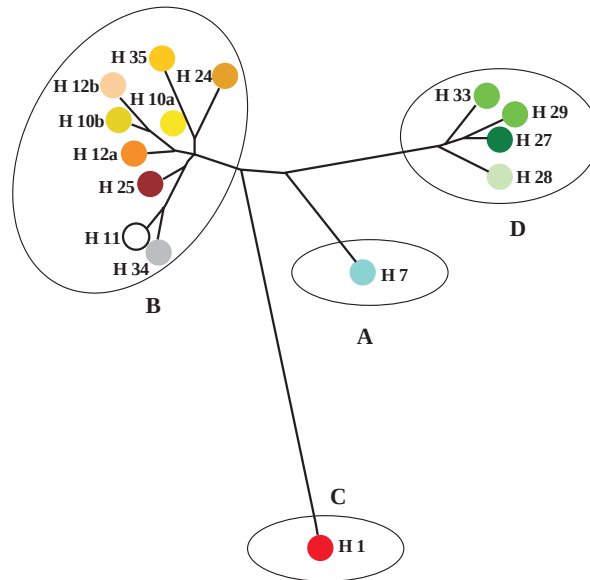


Fig. 3.—Relaciones filogenéticas de los 15 haplotipos de robles presentes en la Península Ibérica
Phylogenetic relationships between 15 haplotypes of white oaks present in the Iberian Peninsula

cial de los linajes, que constituye la base para la definición de Regiones de Procedencia Materna: áreas que maximizan la «varianza molecular» del cpADN entre grupos de poblaciones, al tiempo que minimizan la varianza entre poblaciones dentro de grupos (Herrán *et al.*, 1999). La estructura geográfica del cpADN no se limita a la organización espacial de los linajes maternos, ya que los haplotipos de un mismo linaje también muestran una organización geográfica que resulta significativa en los análisis de autocorrelación espacial (Olalde *et al.*, 2001). Los haplotipos no se distribuyen al azar, sino que forman un mosaico de territorios, con una longitud media de unos 100 km, en los que la exclusión citoplasmática es prácticamente total. Este tipo de distribución «moteada» ha sido relacionada con sucesos raros de fundación a larga distancia ocurridos durante la recolonización posglacial (Petit *et al.*, 1997; Le Corre *et al.*, 1997). En el caso de la Península ibérica, la persistencia de varios refugios de pequeño tamaño en los que sobreviviera solamente un haplotipo también pudo contribuir a la formación de tal mosaico.



Fig. 4.–Distribución de los 15 haplotipos identificados entre las 188 poblaciones de robles ibéricos analizadas.

Distribution of 15 haplotypes identified in the 188 analysed populations of white oaks in the Iberian Peninsula

PROBLEMAS DE CONSERVACIÓN ESPECÍFICOS

El grupo de robles y hayas comparten una serie de características comunes que van a determinar el estado de conservación de sus masas y de sus recursos genéticos.

– Distribución periférica, central o diseminada:

Fagus sylvatica, *Quercus robur*, *Q. petraea* y *Q. humilis*, ocupan en España una distribución periférica respecto al rango geográfico de las respectivas especies; *Q. pyrenaica* y *Q. faginea* muestran en la Península Ibérica su rango central, casi exclusivo; *Q. canariensis*, o quejigo africano, encuentra su manifestación europea en dos grupos de poblaciones españoles, en la zona suroccidental y en la Cordillera Costera Catalana. La quejigueta, *Q. lusitanica*, especie próxima al quejigo, habita puntualmente en el suroeste de la Península y Galicia. (Figura 1).

– Competencia entre especies:

En muchos lugares de contacto del hayedo y el robledal puede observarse en la actualidad cómo el frente del haya avanza en terreno previamente ocupado por el roble, y ello a pesar de una fructificación más irregular. Este carácter invasor también lo muestra el haya con otras especies de robles e incluso en masas de pino, cuando el hombre no interviene. En otras ocasiones son *Q. pyrenaica* y *Q. humilis* los que compiten por los mismos terre-

nos y parecen estar desplazando a los robles pedunculado y sésil. Por otra parte, las capacidades fisiológicas de algunos de los robles permiten la formación de masas mixtas con los *Quercus* mediterráneos, como es el caso de *Q. canariensis* y *Q. suber* en el Parque de los Alcornoques, o los numerosos bosquetes de *Q. ilex* y *Q. faginea* que salpican nuestra geografía.

– Hibridación interespecífica:

La hibridación entre las diferentes especies que forman el grupo de los robles constituye un elemento característico en los problemas de conservación de este grupo. La aparición de formas intermedias podría favorecer aún más la sustitución de los robles más exigentes por los más frugales. Las áreas afectadas por hibridación e introgresión son de difícil recuperación, puesto que la semilla local no hará sino acelerar la transformación, mientras que la foránea probablemente destruirá la estructura genética que se quería preservar. Especialmente en el caso de *Q. humilis*, la capacidad de hibridación interespecífica y el contacto con otros robles han favorecido la creación de poblaciones mixtas en las que los árboles con características intermedias predominan claramente sobre las formas puras.

– Antropización muy intensa:

Los tratamientos y usos a los que están sometidas estas especies puede resumirse de una forma común: monte alto para producción de madera (sobre todo robles perennifolios y haya), monte bajo para producción de leña y carbón, rodales abiertos y trasmochados para aprovechamiento silvopascícola. Además, las especies de carácter más mediterráneo han sufrido el adehesamiento para aprovechamiento agroforestal (ver revisiones en Díaz-Fernández *et al.*, 1995; Jiménez *et al.*, 1998; Agúndez *et al.*, 1995).

– La utilización de material forestal de reproducción:

Un estudio preliminar llevado a cabo en repoblaciones recientes de robles efectuadas en las provincias de Álava y Guipúzcoa ha puesto de manifiesto que al menos un 30 % de las mismas contenían individuos pertenecientes a linajes maternos originarios de los Balcanes e Italia; mientras que al menos un 60 % presentaban indicios de contener mezcla de semillas de varios rodales (datos no publicados). Esta situación podría estar sucediendo también en el caso del haya.

En lo que se refiere a los problemas que afectan de forma específica a los distintos robles, hemos considerado tres grupos:

1. *Q. robur* y *Q. petraea*. La elevada mortalidad, debida a problemas de declive y fitosanitarios que se observa en muchas de las masas. Durante los últimos años, el declive («oak decline») ha sido reconocido como un importante factor que está afectando a la salud y supervivencia de los rodales europeos (Oszako, 1998). De acuerdo con el modelo de Manion (1981), los factores que actúan a largo plazo (como el clima, la contaminación o el genotipo) predispondrían a los árboles a los factores que causan el daño directo (como la defoliación insectívora, los daños producidos por las heladas o los ataques de microorganismos patógenos).

En relación con el material de base de *Q. robur* y *Q. petraea*, catalogado por el DGCN-INIA, la experiencia ha demostrado las dificultades para llevar a cabo esta tarea en nuestro territorio, con escasa o nula fructificación de algunos rodales semilleros durante una serie de años. Es una labor prioritaria asegurar una fructificación regular de los rodales semilleros que garantice la disponibilidad de bellota, así como establecer ensayos que permitan, a corto-medio plazo, asegurar la calidad de las descendencias.

2. *Q. faginea*, *Q. humilis* y *Q. pyrenaica*. El gran número de montes bajos que presentan estas especies, que en general han evolucionado a comunidades muy cerradas y envejecidas, en las que los pies dominados sufren una muerte generalizada, las plántulas tienen escasas posibilidades de prosperar y los pies secos y debilitados son fácilmente atacados por plagas y enfermedades (Jiménez *et al.*, 1998). La constitución genética de estas masas de monte bajo es desconocida pero la facilidad que muestran estas especies para el rebrote de raíz, conduciría a la desaparición genética en comparación a masas de igual tamaño obtenidas mediante reproducción sexual.

El adehesamiento del encinar y alcornocal ha llevado a la práctica desaparición de muchas poblaciones de quejigo, con grave deterioro de recursos genéticos. El adehesamiento de *Q. faginea* y *Q. pyrenaica* ha originado un monte hueco con árboles de edad similar, al menos a escala local y regional, en el que el aprovechamiento ganadero y problemas de fructificación impiden una regeneración efectiva (Manuel y Gil, 1997).

3. *Q. canariensis* y *Q. lusitanica* ocupan un área tan reducida que los problemas de extinción por motivos estocásticos cobran especial relevancia. Los fuegos aun de extensiones reducidas, la tala de pequeños rodales de propiedad particular, o la contaminación accidental de algunos terrenos, podrían acelerar la desaparición de las escasas poblaciones de estas dos especies que aún subsisten. Algunos problemas acuciantes, que pueden servir como ejemplo del riesgo de extinción para estas especies, son:

Especialmente en el caso de *Q. lusitanica*, las citas sobre su presencia en las sierras gaditanas y malagueñas resultan cada vez más difíciles de encontrar. Los mayores requerimientos ecológicos de esta especie frente a su equivalente del grupo de los *Quercus* mediterráneos, la coscoja (*Q. coccifera*), podrían explicar su progresiva sustitución en los suelos de las Sierras Béticas, cada vez más empobrecidos por el fuego y la erosión.

La persistencia de *Q. canariensis* en Cataluña puede estar gravemente comprometida dada la ausencia de masas puras y la extensiva hibridación con *Q. humilis*.

ESTRATEGIAS DE CONSERVACIÓN A SEGUIR

Las actividades necesarias para el desarrollo de una estrategia de conservación constan al menos de tres elementos: la descripción de la variabilidad genética de la especie, el conjunto de medidas a aplicar en las diferentes situaciones y el establecimiento de sistemas de control que permitan evaluar los éxitos y fracasos, así como sus causas.

– Descripción de la variabilidad genética:

La creación de una red de poblaciones que representen la diversidad ecológica de las especies ofrece la posibilidad de estimar la contribución relativa de cada población a la diversidad total, pudiéndose dividir esta contribución en términos de la propia diversidad de cada población y de su diferenciación respecto al resto de poblaciones (Petit *et al.*, 1998). De esta forma, la red se convierte en una estructura abierta que puede ser modificada y mejorada sobre la base de conocimientos adicionales. Además, es posible la toma de decisiones sobre la identificación de las poblaciones a conservar en función de su valor como recurso genético.

Estudios llevados a cabo con isoenzimas en poblaciones europeas de *F. sylvatica*, *Q. robur* y *Q. petraea* han puesto de manifiesto que la mayor parte de esta variación se encuentra dentro de poblaciones, siendo escasa la variación entre poblaciones de la misma

especie y menor aún entre especies (Paule y Gömory, 1998; Kremer y Petit, 1993). Sin embargo, en un estudio mucho más amplio de *Q. petraea*, Zanetto y Kremer (1995) describen un claro patrón geográfico de la diversidad genética: las poblaciones del área central de distribución contienen menor número de alelos y mayor heterozigosidad que las poblaciones de las áreas marginales. Jiménez *et al.* (1999) ha puesto de manifiesto que las poblaciones marginales de alcornoque en España pueden contener elevados niveles de diferenciación respecto al grueso de la distribución, bien sea por efectos de aislamiento y deriva, bien por la existencia de genes que confieren ventaja selectiva en ambientes extremos para la especie. Dada la importancia de los alelos raros en poblaciones marginales, los tamaños de muestra deberán adecuarse a la búsqueda de esta variación.

El estudio de la variación adaptativa requiere la creación de parcelas de ensayo en diferentes ambientes y con amplia representación intra e interpoblacional. Los ensayos de procedencia y de progenies llevados a cabo hasta la fecha indican que existe una variación alta entre y dentro de poblaciones para caracteres tales como crecimiento, fenología, morfología, calidad de madera y sistema de enraizamiento (Kleinschmit, 1993; von Wuehlisch *et al.*, 1998).

– El conjunto de medidas a aplicar:

Puede dividirse en dos categorías atendiendo a la localización geográfica: medidas de conservación *in situ*, es decir, aquellas tendentes a conservar la capacidad de adaptación que caracteriza a las poblaciones; y medidas de conservación *ex situ*, calificativo aplicado a las medidas de conservación que se establecen fuera del lugar de origen de las poblaciones y que normalmente se aplica en el caso de poblaciones o árboles amenazados, de insuficiente fructificación o por estar en peligro de polinizaciones procedentes de material extraño no deseable.

El establecimiento de Espacios Naturales Protegidos (ENPs), englobados por la IUCN en varias categorías de acuerdo a su función principal (IUCN, 1994), ha constituido el medio más extendido para la conservación *in situ* de ecosistemas particulares amenazados por la presión antrópica. El resultado más común es un mosaico de «islotas», con poblaciones aisladas que no pueden interactuar, que conduce a la erosión genética de las diversas especies que se pretendía proteger. La cuantía y velocidad de esta pérdida de adaptabilidad a condiciones cambiantes dependerá del área total del ENP, del tamaño inicial de la población y de la entrada de nuevos individuos en la población. Con el fin de prevenir esta pérdida de diversidad, las tendencias actuales han evolucionado para incluir el Paisaje y la Coherencia Espacial como elementos clave para la Conservación de Recursos Naturales, dando lugar a las denominadas Redes Ecológicas y/o Ecología del Paisaje (Jongman, 1995; ECNC, 1996). Estas redes pueden adecuarse como áreas de recursos genéticos siempre y cuando sean accesibles y esté permitida la recogida de material genético (semillas, partes de plantas...).

La catalogación de rodales selectos puede considerarse una red básica de conservación *in situ*, sin olvidar que el objetivo fundamental de la selección es obtener material comercial de una cierta calidad y que van a estar incluidas las poblaciones interesantes desde un punto de vista productivo. En el caso de *F. sylvatica* y, sobre todo *Q. robur* y *Q. petraea*, deberían fomentarse los tratamientos selvícolas destinados a la producción de semilla en estas masas. En el contexto de bosques humanizados, los métodos de manejo «cercaños a la naturaleza» están adquiriendo importancia creciente como factor que puede contribuir sensiblemente al aumento de la diversidad. El beneficio que puede reportar la venta de semilla debería redundar en el propio bosque.

Las actividades de conservación *ex situ* incluyen las plantaciones de poblaciones amenazadas, los ensayos de procedencia, familias o clones, las colecciones o los bancos genéticos. En España es de prever un aumento de tales plantaciones si, dada su importancia, los gestores priorizan la creación de ensayos de procedencias. En este caso, será necesario tener en cuenta la distribución de los recursos en cada región para evitar que, a medio plazo, polinizaciones de larga distancia arruinen ecotipos locales y/o estructuras genéticas particulares.

– Sistemas de control:

En ellos se incluyen aspectos como la creación de inventarios, el análisis de riesgos, o la evaluación de impactos, tanto positivos como negativos. Recientemente, se ha reconocido la acuciante necesidad de contar con indicadores que permitan el desarrollo de sistemas eficaces de control de la biodiversidad. En lo que respecta a la diversidad genética, existe un buen número de índices de diversidad cuya utilidad cuenta con el respaldo teórico suficiente. Sin embargo, es necesario alcanzar un acuerdo para la creación de bases de datos, ampliamente aceptadas, que contengan información similar sobre los mismos loci. De otra forma, los programas de control establecidos a medio o largo plazo, y en diferentes países, no contarán con la uniformidad de datos necesaria para un análisis exhaustivo de los mismos. Las diferencias puestas de manifiesto en las estructuras de la diversidad genética adaptativa y neutral, o las diferencias encontradas al comparar la heterozigosidad con el número de alelos, apuntan a que será necesario contar con datos de varios tipos para maximizar la eficacia de los indicadores de diversidad.

Recientemente, el EWGRB (1997) ha señalado la necesidad de nuevos indicadores y programas para estudiar los efectos sobre la diversidad genética de aspectos tales como la evolución, la hibridación y la especiación, la erosión de recursos genéticos, las invasiones biológicas o las plantaciones, las barreras geográficas y el mosaicismo del paisaje.

PRIORIDADES DE INVESTIGACIÓN Y GESTIÓN

La gestión de los programas de conservación de recursos genéticos implica una estrecha relación entre ciencia y formulación de normativa legal que, en último término, depende de la voluntad política. Tomando como marco la experiencia adquirida en la cumplimentación de la CBD, se pueden identificar, entre otras, las necesidades descritas en la tabla 3 (Anderson *et al.*, 1997).

El carácter intersectorial de la investigación y gestión de la conservación de recursos genéticos, en este caso de los robles y las hayas, hace recomendable que éstas sean abordadas por un grupo multidisciplinar. Algunas de las principales tareas que deberán acometerse en la investigación y gestión de los recursos genéticos son:

1. La Estrategia Forestal Española, dentro de las Acciones Sectoriales, considera la creación de cinco redes para la Mejora Constante de la Política Forestal, entre las que se incluye la Red de Materiales de Base para la Mejora Genética Forestal y Conservación de Recursos Genéticos Forestales, y la Coordinación de la Gestión de Interés Supraautonómico (MMA, 2000). La aprobación de la Estrategia ha sido el primer paso para facilitar la integración de las distintas Administraciones y sectores implicados, regular y desarrollar las estrategias para la conservación de los recursos genéticos de nuestras especies forestales.

TABLA 4

**GESTIÓN DE LOS PROGRAMAS DE CONSERVACIÓN DE RECURSOS GENÉTICOS
(ANDERSON *et al.* 1997)**

Management of Genetic resources conservation programmes (Anderson et al., 1997)

1. Cooperación y coordinación. a. Identificar un departamento responsable de la coordinación de actividades. b. Establecer un grupo multidisciplinario, intersectorial, que vigile el cumplimiento de las mismas. c. En los Estados Federales, establecer mecanismos para la coordinación. d. Establecer mecanismos de cooperación transfronteriza. 2. Conocimiento, educación y divulgación. a. Iniciar programas de control de la biodiversidad. Comparar los impactos sobre la biodiversidad con la situación actual y las tendencias en la biodiversidad. Iniciar la investigación para el desarrollo de métodos apropiados de control y para el desarrollo de indicadores adecuados. b. Divulgar la información científica en forma estandarizada. 3. Compromiso: político, moral, ético y financiero. a. Adoptar programas que mejoren la concienciación pública y aumenten el compromiso político. b. Establecer los recursos financieros necesarios. c. Identificar los flujos económicos y los acuerdos financieros. 4. Legislación y ejecución. a. Identificar la legislación nacional relacionada con el cumplimiento de la Convención. Revisar la efectividad de estas leyes, con especial atención a las lagunas detectadas.
--

2. La puesta en marcha de ensayos de procedencias que recojan la variabilidad intra e interpoblacional de las diferentes especies de robles y la evaluación de los ya existentes de haya. Para los ensayos de nueva creación, la inclusión de los rodales y masas catalogados como material de base seleccionado redundaría en beneficio de los propios rodales semilleros, al permitir su catalogación como material de base controlado. Al mismo tiempo, se podrían evitar daños futuros si las descendencias obtenidas a partir de poblaciones con buenos caracteres fenotípicos mostraran caracteres no deseables, lo que puede ser debido al intercambio de genes con masas cercanas de peores características.

3. Establecer un programa de análisis de la variación neutral en, al menos, las mismas poblaciones presentes en los ensayos de procedencias. La principal relevancia del análisis de la variación neutral para la conservación de recursos genéticos radica en la obtención de índices de diversidad que permitan comparar poblaciones diferentes. La existencia de refugios glaciales de robles en la Península, el aislamiento prolongado de muchos robledales, el efecto de borde en la distribución de los robles caducifolios y del haya son algunas razones que permiten sospechar una estructura particular de la variación genética, cuyo conocimiento puede ser de gran ayuda en las tareas de conservación.

4. El análisis del flujo genético intra e interespecífico es otra tarea que deberá abordarse en la investigación. La existencia de este intercambio de genes es un hecho con profundas implicaciones para el diseño de las estrategias de conservación, puesto de manifiesto tanto por observaciones de campo como por el análisis experimental. La adopción de medidas que favorezcan el intercambio de genes entre poblaciones y entre especies, que coexistirían en la forma de una metapoblación, ha sido sugerida como una de las me-

jores estrategias para la conservación de los recursos genéticos de los robles (Kremer *et al.*, 1998). Esta estrategia tiende a favorecer el aumento de la diversidad de las poblaciones en las áreas centrales de la distribución; pero puede conducir a la desaparición de especies y/o ecotipos particulares en las áreas marginales. Los melojares de las montañas que rodean la cuenca del río Duero, o los quejigares mediterráneos, seguramente se beneficiarían de tales medidas; mientras que los robledales de *Q. robur* y *Q. petraea*, o las regiones de procedencia restringida, podrían verse condenados a la desaparición. La creación de barreras mediante la instalación de áreas amortiguadoras podría constituir un arma de doble filo, ya que hay que solucionar el problema de la selección de la semilla apropiada.

5. La existencia de híbridos entre ecotipos y especies, así como la facilidad para su obtención mediante polinización dirigida, abre las puertas al estudio de la variación fisiológica y el comportamiento en ambientes controlados. Las diferencias en muchas respuestas fisiológicas están relacionadas con fragmentos de ADN que se activan en situaciones de estrés («heat-shock»), cuya secuencia puede averiguarse mediante técnicas de análisis de ARN. La posibilidad de experimentar en ambientes controlados invita al optimismo en temas como la predicción de la evolución de las masas mixtas, o del comportamiento de diferentes poblaciones en zonas que están sometidas a cambios ecológicos y ambientales.

6. El desarrollo de métodos de silvicultura respetuosos con la biodiversidad es un tema que ha adquirido importancia creciente durante el último decenio, coincidiendo en parte con la emergencia de un mercado que exige productos respetuosos con el medio ambiente. Las oportunidades para la contribución de la silvicultura al mantenimiento de la diversidad son de gran calado, pero necesitan el desarrollo de una base científica sólida. Algunas prácticas selvícolas que deberán estudiarse son: la conversión de monte bajo a masas adhesadas, montes medios y altos; el número de individuos necesarios en las áreas de regeneración y su distribución (aislados o por grupos); la cantidad de madera muerta que debe dejarse en las áreas de regeneración y su distribución (en acúmulos o esparcida regularmente); la localización y tamaño de las áreas de amortiguación y los corredores; la intensidad y distribución de los regímenes de claras; o la composición de flora y fauna acompañante en las masas sometidas a manejo.

SUMMARY

Oaks and beeches in Spain. Genetic resources conservation

Spain is an active member in EUFORGEN Social Broadleaves Network since 1999. This network includes Beech and European white oaks. *Quercus* spp includes a complex of species intimately related genetically and ecologically. It therefore reveals the Iberic Peninsula, together with *F. sylvatica*, as an interesting emplacement with a high genetic potential sharing the species nemoral and mediterranean climate.

In this paper a revision of the conservation state of the forest genetic resources of oaks and beech is presented. The problematic of these species is also studied as well as an evaluation of the works already done towards this area in order to be able to define a conservation program of the genetic resources.

Actually we have available information about geographic variation of the species across the delimitation of regions of provenance and regions of identification and use. The filogenetic relationship studied through chloroplast DNA reveals 2 European lineages for Beech and various lineages from inside and outside the Iberian Peninsula for Oaks, indicating furthermore a strong relationship within it. The structure of the genetic diversity is partially known for Beech showing a clear geographic trend. There are several provenance tests for Beech, an evaluation of which is essential to learn about the behaviour of our genetic material and to be able to make rec-

ommendations for the use of the species. When Oaks are considered the situation is more precarious and studies aiming the knowledge of genetic variation must be reinforced.

KEY WORDS: *Quercus spp.*
Fagus sylvatica
 Genetic Resource Conservation

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGÚNDEZ D., MARTÍN ALBERTOS S., DE MIGUEL J., GALERA R.M., JIMÉNEZ P., DÍAZ-FERNÁNDEZ P., 1995. Las regiones de procedencia de *Fagus sylvatica* L. MAPA. DGCONA. Madrid. 51 pp. + mapas y fichas.
- ANDERSON L.S., DAVIES C.E., MOSS D., 1997. The un convention on biological diversity. Follow-up in EEA Member Countries. 1996. EEA, Copenhagen.
- COMPS B., DEMESURE B., BARRIÈRE G., THIEBAUT B., 1993. Research on genetic variation of European Beech stands (*Fagus sylvatica* L.). pp. 145-156. In Mush H. & Wuehlisch G. (ed.) The scientific basis for the evaluation of the genetic resources of Beech. 267 pp.
- DEMESURE B., COMPS B., PETIT R., 1996. Chloroplast DNA phylogeography of the common Beech (*Fagus sylvatica* L.) in Europe. *Evolution*, 50 (6): 2515-2520.
- DGCONA, 1998. Segundo Inventario Forestal Nacional 1986-1996. España. Ministerio de Medio Ambiente. 337 pp. + mapas.
- DGCONA, 1999. Catálogo Nacional de material de base aprobado en España para la producción de material forestal de reproducción de la categoría. Madrid. Documento interno.
- DÍAZ-FERNÁNDEZ P., JIMÉNEZ P., MARTÍN ALBERTOS S., DE TUERO M., GIL L., 1995. Las regiones de procedencia de *Quercus robur* L., *Quercus petraea* (Matt) Liebl. y *Quercus humilis* Miller. MAPA. ICONA. Madrid. 87 pp. + mapas y fichas.
- ECNC, 1996. Perspectives on ecological networks. ECNC publication series on Man and Nature, vol. 1, August 1996.
- EWGRB, 1997. Understanding Biodiversity. An agenda for research into Biodiversity prepared by the European Working Group on Research and Biodiversity. Stockholm and Brussels. October 1997.
- GRAUDAL L., KJAER E., THOMSEN A., LARSEN A.B., 1997. Planning national programmes for conservation of forest genetic resources. Technical note 48, Danida Forest Seed Centre, Denmark. 59 pp.
- HERRÁN A., ESPINEL S., GOICOECHEA P.G., 1999. Utilización del polimorfismo del ADN de cloroplastos para definir regiones de procedencia materna en los robles blancos de la península Ibérica. *Invest. Agr., Sist. Rec. For.*, 8 (1), 139-150.
- IUCN, 1994. IUCN protected area categories. As approved by the 40th meeting of the IUCN council. IUCN, Gland, Switzerland.
- JIMÉNEZ P., AGÚNDEZ D., ALÍA R., GIL L., 1999. Genetic variation in central and marginal populations of *Quercus suber* L. *Silvae Genetica* 48 (6): 278-284.
- JIMÉNEZ P., DÍAZ-FERNÁNDEZ P., MARTÍN ALBERTOS S., GIL L., 1998. Las regiones de procedencia de *Quercus pyrenaica* Willd., *Quercus faginea* Lam. y *Quercus canariensis* Willd. MMA. Organismo autónomo de Parques Nacionales. Madrid. 91 pp. + mapas y fichas.
- JONGMAN R., 1995. Nature conservation planning in Europe: developing ecological networks. *Landscape and Urban Planning* 32: 169-183.
- KLEINSCHMIT J., 1993. Intraspecific variation of growth and adaptative traits in European oak species. In: Kremer A., Savil P.S., Steiner K.C. (eds). *Genetics of oaks*. Ann. Sci. For. 50 Suppl. 1: 166-185.
- KREMER A., PETIT R.J., 1993. Gene diversity in natural populations of oak species. In: Kremer A., Savil P.S., Steiner K.C. (eds). *Genetics of oaks*. Ann. Sci. For. 50 Suppl. 1: 186-202.
- KREMER A., PETIT R.J., DUCOUSSO A., 1998. Structure of gene diversity, gene flow and gene conservation in *Quercus petraea*. In: Turok J., Kremer A., De Vries S. (compilers). First EUFORGEN meeting on Social Broadleaves. Bordeaux, France, 26-25 october 1997. IPGRI. pp. 133-144.
- LE CORRE V., ROUSSEL G., ZANETTO A., KREMER A., 1998. Geographical structure of gene diversity in *Quercus petraea* (Matt.) Liebl. III. Patterns of variation identified by geostatistical analysis. *Heredity* 80: 464-473.
- MANION P.D., 1981. *Tree Disease Concepts*. 2nd edn. Prentice Hall, Englewood Cliffs, New Jersey.

- MANUEL C.M., GIL L., 1997. La transformación histórica del paisaje forestal en España. Introducción al Segundo Inventario Forestal Nacional. 1986-1996. Ministerio de Medio Ambiente. 104 pp.
- MARTÍN ALBERTOS S., DÍAZ-FERNÁNDEZ P., DE MIGUEL J., 1998. Regiones de procedencia de las especies forestales españolas. Géneros *Abies*, *Fagus*, *Pinus* y *Quercus*. DGCONA, Madrid. 22 pp. + fichas y mapas.
- MINISTERIO DE MEDIO AMBIENTE, 1999. Estrategia Española para la conservación y el uso sostenible de la diversidad biológica. DGCONA, Madrid. 160 pp.
- MINISTERIO DE MEDIO AMBIENTE, 2000. Estrategia Forestal Española. DGCONA, Madrid. 240 pp.
- NIXON K.C., 1993. Infrageneric classification of *Quercus* (Fagaceae) and typification of sectional names. In: Kremer A., Savil P.S., Steiner K.C. (eds). Genetics of oaks. Ann. Sci. For. 50 Suppl. 1: 25-34.
- OLALDE M., HERRÁN A., ESPINEL S., GOICOECHEA P.G., 2001. White oaks phylogeography in the Iberian Peninsula. Forest Ecol. Manage (en prensa).
- OSZAKO T., 1998. Oak decline in European forests. In: Turok J., Kremer A., De Vries S. (compilers). First EUFORGEN meeting on Social Broadleaves. Bordeaux, France, 26-25 october 1997. IPGRI. pp. 145-151.
- PAULE L., 1995. Gene conservation in European Beech (*Fagus sylvatica* L.). Forest Genetics 2 (3): 161-170.
- PAULE L. y GÓMORY D., 1998. Genetic diversity of Beech populations in Europe. In Turok J., Kremer A., De Vries S. (compilers). First EUFORGEN meeting on Social Broadleaves. Bordeaux, France, 26-25 october 1997. IPGRI. pp. 164-172.
- PETIT R.J., PINEAU E., DEMESURE B., BACILIERI R., DUCOUSSO A., KREMER A., 1997. Chloroplast DNA footprints of postglacial reconolization by oaks. Proc Natl. Acad. Sci. U.S.A. 94, 9996-10001.
- PETIT R.J., EL MOUSADIK A., PONS O., 1998. Identifying populations for conservation on the basis of genetic markers. Conservation Biology 12: 844-855.
- PETIT R.J., CSAIKL U.M., BORDÁCS S., BURG K., COART E., COTTRELL J., DEANS J.D., DUMOLIN-LAPÈGUE S., FINESCHI S., FINKELDEY R., GILLIES A., GLAZ I., GOICOECHEA P.G., JENSEN J.S., KÖNIG A.O., LOWE A.J., MADSEN S.F., MÁTYÁS G., MUNRO R.C., OLALDE M., PEMONGE M.-H., POPESCU F., SLADE D., TABBENER H., TAURCHINI D., VAN DAM B., ZIEGENHAGEN B., KREMER A., 2001. Chloroplast DNA variation in European white oaks: synthesis based on data from over 2,600 populations. Forest Ecol. Manage (en prensa).
- PUERTAS F., 1992. Primeros resultados del estudio de ecotipos de *Fagus sylvatica* L. en Navarra. Investigación Agraria. Sistemas y Recursos Forestales. Fuera de Serie núm. 1. Vol 2: 297-309.
- PUERTAS F., TRAVER C., OLAVE F., 1995. Stem form and 10 years growth of *Fagus sylvatica* L. provenances in Navarra. pp. 51-68. In Madsen S. (ed.). Genetics and Silviculture of Beech. Proceedings from the 5th Beech Symposium of the IUFRO Project Group P1.10-00. 19-24 September 1994. Denmark.
- RUIZ DE LA TORRE J., 1990. Mapa Forestal de España. Memoria General. Ministerio de Agricultura Pesca y Alimentación.
- VEGA G., PUERTAS F., VEGA P., GONZÁLEZ ROSALES M., RODRÍGUEZ SOALLEIRO R., RODRÍGUEZ S., 1992. Ensayo de procedencias de *Fagus sylvatica* L. en el Norte de España. Investigación Agraria. Sistemas y Recursos Forestales. Fuera de Serie núm. 1. Vol 2: 323-335.
- VON WUEHLISCH G., JACQUES D., MUSH H., 1993. Phenological differences between Beech provenances. pp. 229-232. In Mush H., von Wuehlisch G. (ed). The scientific basis for the evaluation of the genetic resources of Beech. Proceedings of an EC workshop. Arhensburg, 1-2 july 1993. 267 pp.
- VON WUEHLISCH G., DUVAL H., JACQUES D., MUSH H., 1995. Stability of some differences in flushing between Beech provenances in different years and at different sites. pp. 83-89. In Madsen S. (ed.). Genetics and Silviculture of Beech. Proceedings from the 5th Beech Symposium of the IUFRO Project Group P1.10-00. 19-24 September 1994. Denmark.
- VON WUEHLISCH G., LIESEBACH M., MUHS H., STEPHAN R., 1998. A network of International Beech provenance trials. In Turok J., Kremer A., De Vries S. (compilers). First EUFORGEN meeting on Social Broadleaves. Bordeaux, France, 26-25 october 1997. IPGRI. pp. 164-172.
- ZANETTO A., KREMER A. 1995. Geographic structure of gene diversity in *Quercus petraea* (Matt.) Liebl. I. Monolocus patterns of variation. Heredity 75: 506-517.