Genetische Untersuchungen auf Waldklimastationen

Umweltmonitoring nutzt genetische Informationen

Bund-Länder-Arbeitsgruppe erarbeitet Konzept für genetisches Monitoring

von Monika Konnert und Hans-Peter Dietrich

Bisher waren genetische Untersuchungen auch europaweit im Umweltmonitoring nicht vorgesehen. Gleichzeitig aber wissen wir seit langem, dass Umweltwirkungen an Waldbäumen auf Grund individueller Veranlagungen variieren können. Seit 2001 führen das Bayerische Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht und die Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft erstmals auch genetische Untersuchungen auf den Bayerischen Waldklimastationen (WKS) durch. Die Befunde sind für die Wirkungsanalyse wichtig und sollen die Beobachtungen zu Kronenzustand, Zuwachs, Ernährung oder zur Phänologie der Bäume an den WKS ergänzen. Zwischenzeitlich hat eine Expertengruppe im Auftrag der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Erhaltung forstlicher Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ ein Konzept für ein genetisches Monitoring in Wäldern erarbeitet, dessen Umsetzung auch an den Waldklimastationen erprobt wird.

Das Umweltmonitoring erfasst langfristig die Veränderungen des Waldzustandes auf unterschiedlichen ökosystemaren Hierarchieebenen. An den 22 Waldklimastationen (WKS) in Bayern geschieht dies intensiv, weil dort die wichtigsten Einflussgrößen für die Waldgesundheit kontinuierlich gemessen (Immission, Deposition, Witterung u.a.m.) und gleichzeitig an denselben Orten auch die Wirkungen auf Baum und Bestand bewertet werden.

Genetische Untersuchungen waren bisher in der Umweltbeobachtung nicht vorgesehen. Somit blieb auch die Tatsache unberücksichtigt, dass äußerlich erkennbare Merkmale auch vom Genotyp, d. h. von den Erbanlagen des Einzelbaumes, geprägt sind und Umweltwirkungen auf Grund individueller Veranlagungen variieren können. Die Erkenntnisse hierüber sind zwar nicht neu, sie gerieten aber lange Zeit in Vergessenheit und erlebten erst in den achtziger Jahren im Zuge der Waldschadensforschung eine Renaissance. Stetig stiegen seither auch die Bemühungen zum Schutz der genetischen Vielfalt in den Wäldern. Mittlerweile besitzt die Forstgenetik geeignete Werkzeuge zur serienmäßigen Erfassung genetischer Strukturen von Einzelbäumen und Populationen mittels „Genmarkern“ (siehe Kasten). Vergleichsweise leicht können diese im Labor sichtbar gemacht und die genetische Vielfalt und Diversität quantifiziert werden. Der Gedanke, dass man genetische Informationen im Rahmen von Monitoringprogrammen erfassen müsste, nimmt seither Gestalt an. Ein detailliertes Konzept dafür lag bis jetzt aber nicht vor.

Erste genetische Analysen an Waldklimastationen seit 2001

Seit 2001 werden in Bayern in enger Zusammenarbeit von LWF und ASP Knospenproben aus den Forschungsbeständen der Waldklimastationen für genetische Untersuchungen gewonnen. Seither wurden Proben von etwa 400 Altbäumen an 16 WKS-Standorten mit Isoenzym-Genmarkern auf ihre genetische Zusammensetzung hin untersucht. Beprobt wurden vorwiegend Bäume, an denen auch der Ernährungszustand oder Zuwachs ermittelt wird. Die Befunde sind archi-

Abb. 1: Mit einer Teleskopstange gewinnt Herr Fürmann (ASP) Knospenproben von Altbuchen an der Waldklimastation Mitterfels. (Foto: LWF)

Abb. 2: Frau Dr. Konnert bei der Knospenprobenahme an der Buchen-Naturverjüngung; der genetische Vergleich von Altbestand und Verjüngung liefert wichtige Hinweise auf den Zustand des genetisches Systems. (Foto: LWF)

viert und lassen sich jederzeit in ein detailliertes genetisches Monitoring integrieren.

Mit Förderung des Landes und der EU (Level II-Programm) konnten genetische Untersuchungen auf den gesamten Forschungsbestand der WKS Mitterfels im Vorderen Bayerischen Wald ausgeweitet werden. Dort sollte die genetische Repräsentativität der Level-II-Kernfläche (0,25 ha große gezäunte Intensivmessfläche) inmitten eines homogenen Hochlagen-Buchenbestandes überprüft und die Weitergabe der genetischen Information an die Nachfolgebestockung charakterisiert werden. 253 Altbäume und 760 Jungbuchen der Naturverjüngung wurden auf ihre genetische Zusammensetzung hin untersucht (Abb. 3).

Auf der Kernfläche war die genetische Vielfalt etwas geringer als im Gesamtbestand. Angesichts des deutlich geringeren Populationsumfanges wundert dies nicht. Der genetische Abstand zwischen Kernfläche und Gesamtbestand lag bei 3,6 Prozent, ein für Buche mittlerer bis hoher Wert. An drei Genorten war die Verteilung der Genvarianten im Kollektiv der Kernfläche und im Gesamtkollektiv signifikant unterschiedlich. Hierfür könnte die bei natürlich verjüngten Buchenbeständen häufig beobachtete Klumpung von Genotypen im Bestand verantwortlich sein, wie sie bei schwerfrüchtigen Baumarten immer wieder beobachtet wird. Die Bäume der Kernfläche der WKS Mitterfels sind genetisch somit nicht repräsentativ für die Gesamtpopulation des ca. 16 Hektar großen Bestandes. Weil sich Reaktionsnormen je nach Genotyp unterscheiden können, ist somit eine Verallgemeinerung spezifischer Befunde der Kernfläche auf den gesamten Forschungsbestand aus genetischer Sicht nur bedingt zulässig. Ein solcher Befund lässt sich für die Wirkungsanalyse unmittelbar nutzen. Um bestandestypische Reaktionsnormen zu studieren, müssen Individuen fallweise unterschiedlich ausgewählt oder zugeordnet werden. Der mit zwei Prozent nur geringe genetische Abstand zwischen dem Buchen-Altbestand und seiner Naturverjüngung spricht für ein derzeit intaktes genetisches System ohne Selektions- und Inzuchteffekte. Um die Diversität der Verjüngung nicht weiter zu verringern, wird Schirmschlag/Femelschlag auf ganzer Fläche empfohlen.

Neukonzept für ein genetisches Monitoring erarbeitet

Von der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Erhaltung forstlicher Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ wurde eine Expertengruppe, an der auch das ASP beteiligt war, beauftragt, ein Konzept für das genetische Monitoring in Wäldern zu erarbeiten. Dabei wurden Indikatoren für räumliche und zeitliche Veränderungen des genetischen Systems festgelegt. Dazu gehören das Ausmaß an genetischer Variation ausgedrückt als Vielfalt oder Diversität, die Änderungen in den Häufigkeiten von Erbanlagen (Gene, Genotypen) sowie die Änderungen im Paarungssystem und in der Migration (z. B. Pollen- und Samenverbreitung, Isolierung durch verschiedene Barrieren). Damit erhält man ein Frühwarnsystem für Ökosystemveränderungen, die auf anderen Monitoring-Ebenen (z. B. Bestandesstruktur, Vitalität) erst in nachfolgenden Waldgenerationen zu erkennen sind.

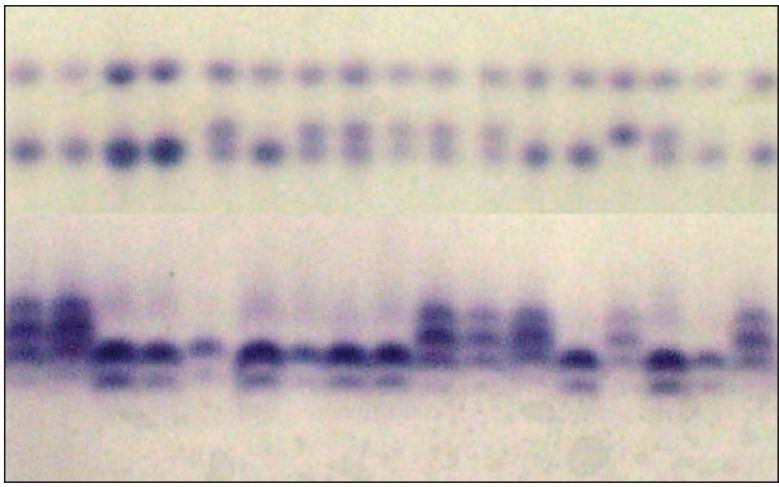

Abb. 3: Isoenzymmuster von 17 Altbäumen der WKS Mitterfels an den Genorten ACO (oben) und IDH (unten); unterschiedliche Muster entsprechen unterschiedlichen Genotypen. (Foto: ASP)

Das genetische Monitoring sollte künftig enthalten:

- eine einmalige Bestimmung der Genotypen der reproduktionsfähigen Bäume an ausgewählten Monitoringflächen;
- die Bestimmung der genetischen Zusammensetzung der Naturverjüngung anhand einer repräsentativen Stichprobe in diesen Beständen; diese Inventur wird nach zehn bis fünfzehn Jahren wiederholt;
- ergänzende Bonituren zum Blühverhalten und zur Fruk--tifikation an ausgewählten Bäumen in regelmäßigen Zeitabständen (z. B. alle ein bis zwei Jahre);
- zusätzliche genetische Untersuchungen der Samen unterschiedlicher Samenjahre (z. B. alle fünf Jahre); gleichzeitig werden auch Hohlkornanteil und Keimprozent bestimmt;

- Berechnung der genannten Indikatoren für genetische Prozesse ausgehend von den Genotypen der einzelnen Individuen (Altbaum, Naturverjüngung, Samen);
- Schlussfolgerungen zum Zustand des genetischen Systems der untersuchten Population: Wie hoch ist die genetische Vielfalt und Diversität des Bestandes? Bestehen Inzucht-, Drift-, Selektions- oder Migrationseffekte? Wie wird die genetische Information an die Folgegeneration weitergegeben?

Als Monitoringflächen eignen sich Dauerbeobachtungsflächen wie z. B. die Flächen der Bayerischen Waldklimastationen, weil dort die verfügbaren Informationen und die genaue Flächendokumentation eine integrative Auswertung ohne großen zusätzlichen Aufwand ermöglichen.

Mit Testlauf des Neukonzepts auf Level II-Flächen in Deutschland begonnen

In einem vom Bund geförderten Projekt wird seit 2006 das neue Konzept des genetischen Monitorings erstmals auf jeweils vier Flächen in Deutschland für die Baumarten Buche (windbestäubt) und Vogelkirsche (insektenbestäubt) umgesetzt. In Bayern wurde dazu ein weiterer Buchenmischbestand an der Waldklimastation Freising ausgewählt und bereits im Jahr 2006 beprobt. Die Knospenproben von Altbäumen und Naturverjüngung sowie Samen werden zur Zeit genetisch analysiert.

Dieser erste „Testlauf“ eines genetischen Monitorings soll vor allem zeigen,

- ob das Konzept mit einem vertretbaren Zeit- und Kostenaufwand umzusetzen ist und welche Weiterentwicklungen notwendig sind;
- welche Flächenrepräsentanz innerhalb des Monitorings anzustreben ist;

Genmarker

Zur Bestimmung genetischer Strukturen werden Genmarker eingesetzt. Von deren Ausprägung lässt sich direkt auf die zugrunde liegenden Gene schließen. Man unterscheidet zwischen Isoenzym-Genmarkern und DNA-Markern. Isoenzyme sind unterschiedliche Molekularformen eines Enzyms, die elektrophoretisch getrennt und anschließend sichtbar gemacht werden. Bei den DNA-Markern werden Längenunterschiede von bestimmten Abschnitten der Erbsubstanz (DNA) oder unterschiedliche Abfolgen ihrer vier Bausteine (Nukleotide) betrachtet.

- welche Empfehlungen für andere Baumarten gegeben werden können;
- ob bereits aus dieser Etablierungsphase für die Forstpraxis, den Naturschutz, die Politikberatung und die Wissenschaft Schlussfolgerungen und Entscheidungshilfen hinsichtlich der Erhaltung biologischer Vielfalt gezogen werden können.

Genetische Informationen sind für die Beurteilung der Anpassungsfähigkeit unserer Wälder gerade im Hinblick auf den Klimawandel von grundlegender Bedeutung. Mit ihrer Zusammenarbeit an den Waldklimastationen leisten LWF und ASP dazu einen wichtigen Beitrag.

Dr. Monika Konnert leitet das Sachgebiet „Genetische Analyse, Herkunftssicherung“ am Bayerischen Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP) in Teisendorf.
E-Mail: monika.konnert@asp.bayern.de

Hans-Peter Dietrich leitet das Sachgebiet „Umweltmonitoring“ der LWF.
E-Mail: die@lwf.uni-muenchen.de

DON CATO – Die Rückkehr des Luchses

Die CD erzählt die Geschichte des Luchses Don Cato, der sich auf den Weg macht, eine neue Heimat zu finden. Spielerisch vermittelt die CD v. a. Kindern viele interessante Einblicke nicht nur in das Leben der Luchse. In vier Stunden lernt man ca. 100 Tiere und Pflanzen kennen. Neben Suchbildern und vielen Details befinden sich 11 Spiele auf der CD, abgerundet von einem großen Lexikon der Artenvielfalt. Die Geschichte, die Grafik und die ausgesuchten Sprecher lassen die CD zu einem schönen Erlebnis werden.

Die CD „Don Cato“ kann bestellt werden beim:

Bundesministerium für Umwelt,
Naturschutz und Reaktorsicherheit
Referat Öffentlichkeitsarbeit
11055 Berlin
www.bmu.de

red