

Ein forstgenetisches Monitoringsystem für Europa – LIFEGENMON

Wälder und forstgenetische Ressourcen sind einer Vielzahl zunehmender Bedrohungen ausgesetzt. Der wichtigste Maßstab für das Überleben und die Anpassungsfähigkeit von Waldpopulationen unter sich ändernden Klima- und Umweltbedingungen ist die genetische Vielfalt. Die Einführung der Waldgenetik in Generschuttsprogramme, Naturschutzprogramme und eine nachhaltige Waldbewirtschaftung ermöglichen es uns, Informationen über relevante Veränderungen der neutralen und adaptiven genetischen Variation einer Art oder einer Population im Laufe der Zeit zu bewerten. Basierend auf Indikatoren und ihren Verifikatoren sollte das forstgenetische Monitoring ein entscheidender Bestandteil jeder nachhaltigen Waldbewirtschaftung sein, da sie die Möglichkeit bietet, potenziell schädliche Änderungen der Anpassungsfähigkeit der Wä-



Genetisches Langzeit-Monitoring: Weißtannen-Fläche in Bayern Foto: Dr. D. Kavaliauskas, AWG

der frühzeitig zu erkennen. 2014 startete das AWG mit fünf Partnern aus Slowenien und Griechenland das EU-Projekt LIFEGENMON (LIFE for EUROPEAN FOREST GENETIC MONITORING SYSTEM (<http://www.lifegenmon.si/>)). Das Projekt hat ein forstgenetisches Monitoringkonzept implementiert und getestet mit den Zielen:

- Definition optimaler Indikatoren und Verifikatoren für das Monitoring der zeitlichen Veränderungen der genetischen Vielfalt für zwei ausgewählte Zielbaumarten Rotbuche (*Fagus sylvatica*) und Weißtanne (*Abies alba/Abies borisii-regis*-Komplex) über einen Transekt von Bayern nach Griechenland;
- Ausarbeitung von Leitlinien zur Überwachung der Genetik für die Umsetzung des Konzeptes auf nationaler, regionaler und EU-Ebene für diese zwei und weitere fünf Waldbaumarten (*Abies alba/Abies borisii-regis*, *Fagus sylvatica*, *Prunus avium*, *Populus nigra*, *Prunus nigra*, *Fraxinus excelsior* und *Quercus* spp.-Komplex), die sich in ihrer Verbreitung unterscheiden;
- Erstellung eines Handbuchs für die Überwachung der Genetik zur Umsetzung auf EU-Ebene;
- Organisation von Workshops/Schulungen für den Forstsektor, um forstgenetisches Monitoring nach standardisierten Verfahren durchführen zu können und die Ergebnisse dieses Frühwarnsystems als Instrument für eine nachhaltige Waldbewirtschaftung zu fördern.

Dafür wurden sechs waldgenetische Beobachtungsflächen, drei für Weißtanne und drei für Rotbuche, im Transekt von Süddeutschland nach Griechenland angelegt. Mehr als 6.000 DNA-Proben von erwachsenen Bäumen, der Naturverjüngung und Samen wurden analysiert. Phänologische Beobachtungen von Austriebs- und Blütezeiten wurden durchgeführt. Erste Ergebnisse zeigten eine hohe genetische Vielfalt innerhalb von unterschiedlichen Generationen von Altbäumen, der Naturverjüngung und Samen beider Arten. Der Klimawandel mit den Folgen der Erwärmung der Erdatmosphäre, Sturmereignissen, Ausbreitung von Schädlingen und Krankheiten kann jedoch extreme Auswirkungen auf die genetische Vielfalt haben. Daher ist eine kontinuierliche Überwachung der Waldgenetik von entscheidender Bedeutung. Projektergebnisse werden auf der LIFEGENMON-Abschlusskonferenz »Forest Science for Future Forests: Forest genetic monitoring and biodiversity in changing environments« vom 21. bis 25. September 2020 in Ljubljana, Slowenien vorgestellt. Finanziell unterstützt wurde diese Arbeit vom LIFE-Finanzierungsmechanismus der Europäischen Union (LIFEGENMON-Projekt, LIFE13 ENV / SI / 000148).

Dr. Darius Kavaliauskas, AWG

Konferenz-Webseite:
<https://conference.lifegenmon.si/>

Aus der Landesstelle

Robinie – aber bitte nur geradschaftig und mit hoher genetischer Diversität

Unübersehbar scheinen überdurchschnittliche Temperaturen und lange Trockenperioden gerade in der Vegetationszeit zur Regelmäßigkeit zu werden. Gerade dadurch gewinnen temperaturtolerante Baumarten wie die Robinie an Aufmerksamkeit. Die Wahl zum Baum des Jahres 2020 trägt zusätzlich dazu bei, dass diese recht umstrittene Baumart nun steigende Nachfrage erfährt. Forstleute schrecken allerdings wegen ihrer Invasivität und den häufig krummen Stammformen davor zurück, sie zu verwenden. Andererseits wird sie neben der Dürresistenz, dem geringen Standortanspruch und der raschen Bodenbefestigung labiler Lagen besonders auch wegen dem hohen Brennwert und der Widerstandsfähigkeit und Härte des Kernholzes geschätzt.

Wie bei allen forstlich relevanten Baumarten kommt es bei der Auswahl des Vermehrungsgutes auch bei der Robinie auf die richtige genetische Herkunft an. Die Robinie unterliegt dem Forstvermehrungsgutgesetz und ermöglicht damit die für die Praxis so bedeutende Herkunftssicherheit und Identitätssicherung. Vermehrungsgut, meist als einjährige wurzelnackte Pflanzen im Sortiment 1/0, kann also nur aus amtlich zugelassenen Ernteeinheiten wie Saatguterntebeständen oder Samenplantagen stammen. Die Bayerischen Herkunftsempfehlungen schlagen Vermehrungsgut aus der Region Nyirseg vor. Hier liegt der Schwerpunkt des ungarischen Robinienanbaus zur Schnittholzproduktion. Ferner werden Erntebestände aus dem für Bayern zugewiesenen Herkunftsgebiet 819 02 »Übriges Bundesgebiet« empfohlen. In Bayern gibt es bislang davon nur

Welche Fichtenherkunft hat im Bayerischen Wald Zukunft?



Vorbereitete Versuchsfläche Dräbberger Hänge, NPV Bayerischer Wald
Foto: R. Schirmer, AWG

Das Bayerische Amt für Waldgenetik (AWG) hat gemeinsam mit der Nationalparkverwaltung Bayerischer Wald (NPV) und dem Forstbetrieb Neureichenau der BaySF in diesem Frühjahr die Grundlage für eine genetische Langzeitbeobachtung unterschiedlicher Fichtenprovenienzen gelegt.

Ziel des Projekts ist die Bestimmung der Anpassungsfähigkeit von Fichtenherkünften aus autochthonen Beständen unterschiedlicher Höhenlagen auf sich ändernde Umweltbedingungen. In vorhergehenden Untersuchungen des AWG konnte mit Hilfe von genetischen Analysen eine höhenabhängige genetische Differenzierung der Fichte nachgewiesen werden. Dabei grenzten sich die Fichtenherkünfte von Standorten unterhalb 800 m ü. N.N. deutlich von Hochlagenherkünften ab. Durch das Verbringen unterschiedlicher Herkunft in Tief- (400m), Mittel- (850m) und Hochla-

gen (1.200m) des Bayerischen Waldes wird der Klimawandel simuliert: Es wird untersucht, wie Hochlagenfichten in warm-trockenen Gebieten und Tieflagenfichten durch klimawandelbedingte Migration in kühleren Hochlagen reagieren. Die künftigen Untersuchungen erfassen zunächst die Entwicklung der phänotypischen Merkmale und streben eine Verknüpfung mit den genetischen Strukturen an.

Auf jeder 0,3 ha großen Versuchsfläche wurden fünf unterschiedliche Herkunft ausgepflanzt: eine Tieflagenherkunft des Voralpenlandes sowie drei Herkunft aus verschiedenen Höhenlagen des Bayerischen Waldes. Die Hochlagenherkünfte aus dem Nationalpark wurden aus Saatgutreserven der Genbank nachgezogen, da die ursprünglichen Saatgutbestände wegen des Borkenkäferbefalls nicht mehr vorhanden sind. Zusätzlich kam eine Herkunft aus Mittelschweden zur Auspflanzung. Diese Herkunft zeigte bereits in der Baumschule eine stark unterschiedliche Höhenentwicklung. Zu Vergleichszwecken wurde auf allen sechs Versuchsstandorten eine Parzelle mit Saatgut aus drei Höhenstufen der Herkunftsgebiete 840 20, 840 21 und 840 22 angelegt. Alle Flächen wurden, um gleiche Ausgangsbedingungen zu schaffen, gemulcht und gezäunt. Alle Flächen wurden aufgrund der anhaltenden Frühjahrstrockenheit bewässert, um Ausfällen vorzubeugen. Die Erstaufnahme von Höhe, Wurzelhalsdurchmesser und Ausfallprozent erfolgt zum Ende der Vegetationsperiode. Die NPV wird die Versuchsflächen für Begleituntersuchungen an der Ektomykorrhiza nutzen. Das AWG bedankt sich für die konstruktive Zusammenarbeit mit dem BaySF-Forstbetrieb und der Nationalparkverwaltung bei der Flächenauswahl und -anlage.

Martin Fritzenwenger und Randolph Schirmer, AWG

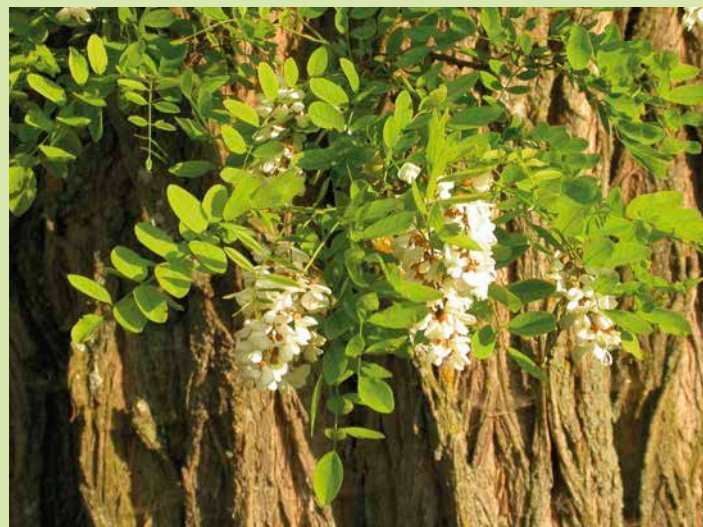
zwei, einen bei Höchstadt/Aisch und einen bei Bamberg. Ein Dritter, an der Isen nahe Altötting, befindet sich derzeit in der Zulassung. Dabei wurden zunächst die geforderten Mindestkriterien und die phänotypischen Merkmale, hier an erster Stelle die Stammform, gemäß den Vorgaben der Forstvermehrungsgut-Zulassungsverordnung überprüft. Die oft gefürchtete Fähigkeit der Robinie, Stockausschläge und starke Wurzelbrut zu bilden, kann dazu führen, dass viele Individuen ursprünglich nur von einem Mutterbaum stammen. Diese klonale Struktur lässt eine unerwünschte genetische Ausstattung des Saatgutes erwarten. Um dies abzuklären, wurden deshalb über die Fläche verteilt Holzproben genommen, die gerade im Labor am Bayerischen Amt für Waldgenetik der DNA-Analyse unterzogen werden. Dieses Ergebnis entscheidet nun maßgeblich über die Zulassungswürdigkeit des Vorkommens. Die Wuchsform wie auch eine ausreichend genetische

Diversität des Saatgutes wird die Voraussetzung sein für die Beteiligung der Robinie beim Aufbau klimatoleranter Mischwälder. So hat der Silberregen – wie die Robinie auch genannt wird – in Bayern eine Zukunft: nicht nur in der freien Landschaft, sondern auch an passenden Waldstandorten mit der richtigen waldbaulichen Behandlung.

Michael Luckas, AWG

Stamm, Blätter und Blüte der Robinie

Foto: M. Luckas, AWG



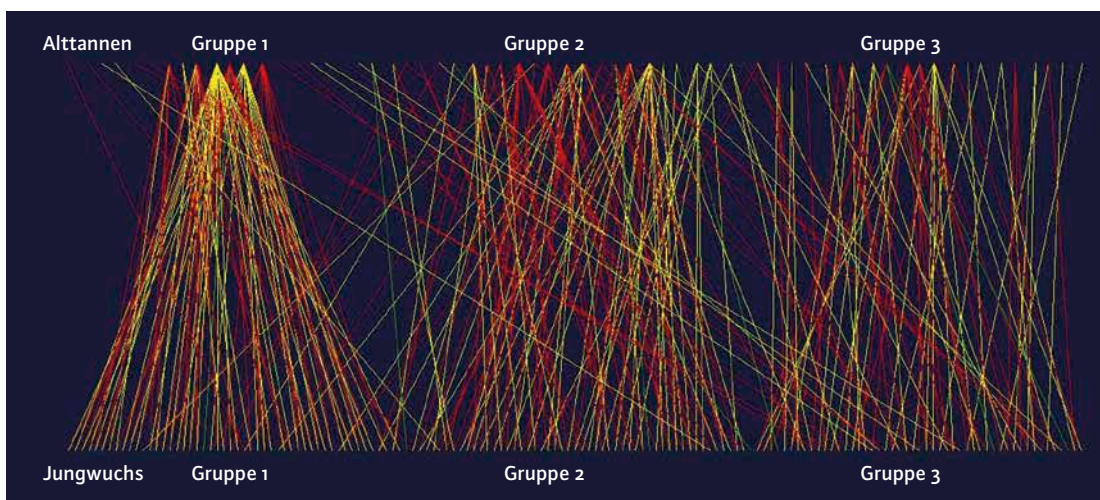
Gen-Check in Tannentrupps

Die Weißtanne ist eine wichtige Baumart strukturreicher Wälder und gilt als »klimatolerante« Baumart. In vielen Wäldern sind ältere Tannen oft nur in einzel- und trupp-, seltener in gruppenweiser Beimischung vorhanden, bieten aber gern genutzte Ansatzpunkte für die natürliche Verjüngung oder sogar der innerbetrieblichen Wildlingsgewinnung. Aus ökologisch-genetischer Sicht beeinflusst die Populationsgröße die effektive Anzahl der potenziellen Elternbäume und hat damit eine große Bedeutung für die genetische Konstitution und Anpassungsfähigkeit der Nachkommenschaften. Dieser Thematik ging eine Bachelorarbeit der Hochschule Weihenstephan-Triesdorf zusammen mit dem AWG Teisendorf nach. Genetisch untersucht wurden dabei drei isolierte, aber räumlich dicht benachbarte Tannentrupps (mit jeweils 5 bis 21 Altannen und einer Distanz zwischen Trupps von ca. 30–60 m) und davon abstammende Naturverjüngung in einem Fichten-Buchen-Tannenmischbestand im Kranzberger Forst (BaySF, Forstbetrieb Freising). Im Vordergrund der Untersuchung stand die Frage, ob zwischen den Tannentrupps als potenzielle Eltern der Naturverjüngung ein Genfluss (Austausch genetischer Information) möglich und nachweisbar ist. Ein hoher Genfluss zwischen den isolierten Trupps würde sich günstig auf die genetische Anpassungsfähigkeit auswirken, geringer Genfluss hingegen birgt die Gefahr des Verlusts an genetischer Anpassungsfähigkeit. Für die genetische Untersuchung wurden alle Altannen der Trupps und eine Stichprobe von je 50 Jungpflanzen pro Trupp mit sog. DNA-Mikrosatelliten analysiert. Die Ergebnisse der Elternschaftsanalyse zeigen, dass es einen gewissen genetischen Austausch zwischen den Tannengruppen gibt. Dieser wird weitgehend bestimmt von der Hauptwindrichtung: Genfluss von West nach Ost findet häufiger statt als von Ost nach West. Der Großteil der genetischen Information eines Altannentrupps findet sich jedoch geklumpt in der Verjüngung um die Trupps. So wurden für durchschnittlich 80 % der Jungpflanzen die

Mütter im selben Tannentrupp identifiziert. Hinsichtlich der genetischen Vielfalt weist die Verjüngung in allen drei Trupps einen leicht reduzierten Wert gegenüber den Altannen auf. Von einem signifikanten genetischen Flaschenhals muss aber noch nicht ausgegangen werden.

Die Ergebnisse verdeutlichen, dass der genetische Austausch zwischen räumlich eng benachbarten, aber dennoch isolierten Tannentrupps (in diesem Fall überwiegend durch dazwischen stehende Fichten isoliert) erheblich eingeschränkt ist. Dadurch ergeben sich deutliche räumliche Klumpungen genetischer Information mit sog. »Verwandtschaftsstrukturen«, die bekanntermaßen nachteilige Folgen für die genetische Anpassungsfähigkeit der Nachkommen haben können. Für die Praxis wäre es im Hinblick auf die steigende Bedeutung der genetischen Anpassungsfähigkeit im Klimawandel daher empfehlenswert, die Naturverjüngung aus kleinen Einheiten durch Pflanzungen genetisch anzureichern. Eine Verbesserung des Genflusses kann möglicherweise auch durch die Ausnutzung einer räumlichen Anordnung (Windrichtung, Thermik) erfolgen oder durch die Reduktion des »Pollensiebs« durch die Entnahme von Bäumen, die zwischen den isolierten Einheiten stehen. Sinnvoll ist auf jeden Fall, langfristige Verjüngungszeiträume einzuplanen, da jährlich unterschiedliche Blüh- und Fruktifikations-Konstellationen sich positiv auf die Erhaltung und Erhöhung genetischer Variation auswirken können. Für die Einbringung von Tannenvorbauten bedeuten die Ergebnisse, dass diese nicht zu kleinflächig und/oder räumlich zu isoliert eingebracht werden sollten. Nur so kann gewährleistet werden, dass in der Folgegeneration das genetische System, insbesondere der Genfluss zwischen Individuen als effektive Wirkung gegen genetische Isolation bis hin zu nachteiligen Inzuchteffekten zu einer Erhaltung der genetischen Variation und Anpassungsfähigkeit überhaupt beitragen kann.

Dr. E. Hussendörfer (HSWT), Dr. E. Cremer (AWG), J. Probst (HSWT)



Grafische Darstellung der Elternschaftsanalysen mit der Software »pedigree viewer« in drei Tannengruppen eines Bestandes; rote Linien verbinden Mutterbäume (oben) mit ihren Nachkommen (unten); gelbe Linien verbinden Väter (oben) mit ihrem Nachkommen (unten)