

FORSTGENETIK

Durchforstung und Genetik

Drastische Stammzahlreduktionen verändern die Genstruktur von Pflegebeständen

Monika Konnert

Der Mensch greift mit seinem waldbaulichen Handeln nicht nur in die augenfällige Struktur und Baumartenzusammensetzung der Wälder ein, er kann damit auch ganz entscheidend ihre genetische Zusammensetzung prägen. Die genetische Struktur beinhaltet das Anpassungspotential der Wälder. Damit dieses Anpassungspotential nicht verloren geht, sollten waldbauliche Maßnahmen so ausgerichtet sein, dass die natürliche genetische Vielfalt nicht eingengt wird.



Foto: R. Günter

Abbildung 1: Drastische Stammzahlreduktionen und starke Niederdurchforstungen verringern die genetische Vielfalt.

In Jungbeständen wird die erwünschte Stammzahlreduktion häufig mittels schematischer Verfahren, zum Beispiel der Reihendurchforstung, vorgenommen. Später folgt die Bestandespflege vor allem nach qualitativen Merkmalen. Schwache Bäume oder solche mit wirtschaftlich ungünstigen Eigenschaften (z. B. Zwiesel) werden entnommen, die vitalen und in ihrer Qualität (Schaffform, Astreinheit) überzeugenden

Bäume werden gefördert. Sind Auslesekriterien an genetische Eigenschaften geknüpft, so kann ein solcher Selektionsprozess zu einer Veränderung der genetischen Bestandsstruktur und zu einer genetischen Einengung führen.

Untersuchungen zum Einfluss von Pflegeeingriffen auf die genetische Struktur der Bestände wurden in Deutschland bislang für die Baumarten *Kiefer*, *Fichte*, *Buche* und *Stieleiche* durchgeführt. Dabei wurden für unterschiedliche Eingriffsvarianten und Eingriffsstärken ab dem Alter von acht Jahren die genetischen Strukturen der Bestände vor und nach der Durchforstung verglichen. Auch unbehandelte Varianten wurden einbezogen. Einige Untersuchungen waren an konkrete Durchforstungsmaßnahmen gekoppelt, bei anderen wurden die Behandlungsvarianten nur simuliert und die Zusammensetzung des Bestandes zu einem bestimmten Zeitpunkt (Bestandsalter) bei Anwendung einer bestimmten Pflegestrategie prognosti-

ziert. Eine detaillierte Beschreibung aller Versuche und Ergebnisse findet sich bei Konnert et al. (2007).

Bei allen vier Baumarten hatten maßvoll durchgeführte selektive wie schematische Pflege- und Durchforstungseingriffe keinen großen Einfluss auf die genetische Struktur des verbleibenden Bestandes. Nur bei Eingriffen, die mit einer drastischen Reduzierung der Stammzahl verbunden sind, kommt es zu einem Verlust an seltenen Allelen und damit zu einer Verringerung der genetischen Vielfalt. Vor allem eine starke und früh einsetzende Niederdurchforstung ist aus genetischer Sicht ungünstig zu beurteilen. Demgegenüber wirkt sich Auslese-durchforstung aus genetischer Sicht positiv aus. Sie beschleunigt die natürliche Ausdifferenzierung und beeinflusst sie derart, dass sie in ihrer Wirkung der natürlichen Selektion lediglich vorgreift.

Auch wird das Verlustrisiko für seltene Allele erhöht, wenn nur Z-Bäume auf der Fläche belassen werden. Dieses Risiko minimieren Pflegemaßnahmen, die auf eine Förderung von Einzelbäumen durch eine maßvolle Entnahme der Bedränger abzielen. Vor allem bei Buche, wo in vielen Untersuchungen eine Klumpung seltener Allele im Bestand festgestellt wurde, wird eine gleichmäßige Entnahme von Bäumen über die Fläche als eine Möglichkeit gesehen, den Verlust an seltenen Allelen gering zu halten.

Literatur

Konnert, M.; Hosius, B.; Hussendörfer, E. (2007): Genetische Auswirkungen waldbaulicher Maßnahmen – Ergebnisse, Stand und Forschungsbedarf. Forst und Holz 1, S. 8–14