

Waldwirtschaft und genetische Variabilität

Unser waldbauliches Handeln beeinflusst die genetische Vielfalt der Wälder. Mit geeigneten Maßnahmen kann diese Vielfalt jedoch bewahrt werden.

Monika Konnert und Eva Cremer

Im Zuge des Klimawandels ist eine hohe Anpassungsfähigkeit unserer Wälder notwendig. Grundlage dafür ist die genetische Variabilität innerhalb der Bestände. Sie ist neben einer geeigneten Bestandeszusammensetzung und -struktur eine wesentliche Komponente für die langfristige Stabilität der Waldökosysteme. Die genetische Zusammensetzung der heutigen Wälder in Mitteleuropa ist das Ergebnis des Zusammenwirkens verschiedener Faktoren wie nacheiszeitliche Rückwanderung, natürliche Auslese und verstärkt in neuerer Zeit der Einfluss des Menschen (Fragmentierung der Landschaft, waldbauliche Behandlung).



Foto: ASP

Abbildung 1: Buchen-Altbestand mit Naturverjüngung. Kleinst- und langfristige Verjüngungsverfahren sind wichtige Maßnahmen zur Erhaltung der genetischen Variabilität in unseren Beständen.

Die Auswirkungen waldbaulicher Maßnahmen auf die genetischen Strukturen unserer Wälder wurden vorrangig bei den Baumarten Fichte, Tanne, Douglasie, Buche und Eiche (z. B. Konnert et al. 2007) untersucht. Für die Erfassung genetischer Strukturen schuf die Forstgenetik mit der Entwicklung serienmäßig einsetzbarer Genmarker die Möglichkeiten. Mit solchen, meist selektiv neutralen Markern (Isoenzym- und DNS-Marker) kann die genetische Diversität der Wälder eingehend erfasst und ihre Veränderungen quantifiziert werden. Wesentliche Ergebnisse und Schlussfolgerungen zu diesem Themenkomplex sind im Folgenden zusammengefasst.

Maßnahmen zur Pflege der Bestände

Die Bäume werden nach einem bestimmten Schema (z. B. bei der Läuterung) oder nach bestimmten Auslesekriterien (z. B. Negativauslese) entnommen. Sind die Auslesekriterien an genetische Eigenschaften geknüpft, kann dieser Selektionsprozess die genetische Zusammensetzung eines Bestandes beeinflussen und möglicherweise zu einer Verringerung der genetischen Variabilität führen. Alle Untersuchungen zeigten jedoch, dass maßvoll durchgeführte selektive wie schematische Pflege- und Durchforstungseingriffe die genetische Struktur des verbleibenden Bestandes nicht wesentlich verändern. Gleiches gilt für Pflegemaßnahmen, die auf eine Förderung von Einzelbäumen durch eine maßvolle Entnahme der Bedränger abzielen. Bei schwerfrüchtigen Baumarten, die sich häufig durch räumliche Klumpungen von seltenen genetischen Varianten auszeichnen, ist eine gleichmäßige Entnahme von Bäumen auf der gesamten Fläche wichtig, um die genetische Vielfalt zu erhalten. Dies haben Untersuchungen an Buche klar gezeigt. Eingriffe, bei denen die Stammzahl stark reduziert wird, führen meist zu einem Verlust seltener genetischer Varianten. Vor allem eine starke und früh einsetzende Niederdurchforstung erwies sich aus genetischer Sicht als ungünstig – ähnlich wie das ausschließliche Belassen der Z-Bäume. Einige Arbeiten zeigten, dass sich Auslesedurchforstungen aus genetischer Sicht auch positiv auswirken können, wenn die natürliche Selektion nachgeahmt und ihr somit lediglich vorgegriffen wird.

Endnutzungen und natürliche Verjüngung

Auch die nutzungsbedingte Entnahme von Bäumen kann selektiv sein, wenn phänotypische Kriterien zugrunde liegen. Insbesondere bei der Zielstärkennutzung, die mit der Entnahme der qualitativ guten und wüchsigen Bäume eine Auslese darstellt, zeigte sich am Beispiel eines Buchenbestandes, dass der Eingriff zu einer signifikanten Verschiebung der Verteilung genetischer Typen im verbleibenden Bestand führen kann. Eine zu früh einsetzende, starke Zielstärkennutzung kann damit einen wesentlichen Einfluss auf die genetischen Strukturen in der folgenden Verjüngung nach sich ziehen, weil entnommene Bäume ihre Erbanlagen nicht mehr an die Verjüngung weitergeben können.

Alle Untersuchungen belegen deutlich, dass kleinräumiges Vorgehen und lange Endnutzungs- bzw. Verjüngungszeiträume für den Erhalt einer möglichst breiten genetischen Variation in der Naturverjüngung wichtig sind. Kleinflächige Femelhiebe schaffen viele Verjüngungsinselfen. Auch wenn dort die Samen und damit die Erbanlagen der nächststehenden Altbäume überrepräsentiert sind, entsteht über die ganze Fläche hinweg eine Verjüngung, deren genetische Zusammensetzung der des Altbestandes sehr ähnlich ist. Großschirmschläge werden dagegen aus genetischer Sicht deutlich weniger günstig eingeschätzt. Hier wurde ein höherer Selbstbefruchtungsanteil beobachtet, der auf die Verringerung der potentiellen Paarungspartner zurückgeführt wird.

Künstliche Verjüngung

Aus genetischer Sicht sind die Einflussmöglichkeiten auf die genetischen Strukturen bei der künstlichen Verjüngung der Bestände am höchsten. Dies erklärt auch die umfangreichen Untersuchungen zu Erntebeständen, Saatguternte und -lagerung, Pflanzenanzucht, Größensortierung in der Baumschule sowie Kontrolle und Zertifizierung forstlichen Vermehrungsgutes. Die Ergebnisse belegen, dass die genetische Qualität von Erntebeständen sehr unterschiedlich sein kann und bei manchen Baumarten wie Douglasie oder Weißtanne in extremen Lagen und in Randgebieten der natürlichen Verbreitung auch die genetische Zusammensetzung als Kriterium für die Zulassung als Erntebestand herangezogen werden sollte, um genetisch einförmige Altbestände oder solche der falschen Varietät (Douglasie) von der Beerntung auszuschließen.

Zur Sicherung der genetischen Variation müssen Saatgut und Wildlinge auf einer möglichst großen Bestandesfläche gewonnen werden. Die gesetzlich vorgeschriebene Mindestanzahl von 20 Bäumen stellt dabei die untere Grenze dar. Von der praxisüblichen vorrangigen Beerntung von Randbäumen sollte Abstand genommen werden. Bei Wildlingen aus kleinen und räumlich isolierten Vorkommen ist die Anzahl der potentiellen Elternbäume gering und das Inzuchtrisiko erhöht. Daher sollte man dort von einer Wildlingswerbung absehen.



Foto: ASP

Abbildung 2: Bei der Größensortierung ist Vorsicht geboten. Eine allzu strenge Sortierung führt zu einer genetischen Entmischung.

Die Bedingungen bei der Anzucht (z. B. im Freiland, im Gewächshaus oder bei der Containeranzucht) beeinflussen die genetische Zusammensetzung der Sämlingskollektive nicht wesentlich. Auch beim Verschulvorgang wurden keine genetischen Ausleseeffekte beobachtet. Die Sortierung der Pflanzen nach Größe vor dem Verkauf ist allerdings kritisch zu betrachten. Eine strenge Größensortierung führt zu einer genetischen Entmischung des ursprünglichen Kollektivs, wobei vor allem die großen Pflanzen eine geringere genetische Variation haben als die Ausgangspopulation.

Zusammenfassend lässt sich festhalten, dass bei der künstlichen Verjüngung die Auswahl des Erntebestandes sowie die Durchführung der Ernte die entscheidenden Schritte für die genetische Variation in der Folgegeneration darstellen. Die genetische Veränderung bei den weiteren Produktionsschritten ist im Vergleich zur Ernte als nachrangig zu bewerten.

Waldbewirtschaftung und Erhaltung der genetischen Vielfalt in den Wäldern schließen sich nicht a priori aus. Waldbauliche Maßnahmen können auch so gestaltet werden, dass die Biodiversität der Wälder auf allen drei Ebenen – Erbanlage, Art, Ökosystem – erhalten bleibt und damit die Anpassungsfähigkeit gewährleistet wird.

Literatur

Konnert, M.; Hosius, B.; Hussendörfer, E. (2007): Genetische Auswirkungen waldbaulicher Maßnahmen – Ergebnisse, Stand und Forschungsbedarf. Forst und Holz 62, Heft 1, S. 8–14

Dr. Monika Konnert leitet das Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht (ASP) in Teisendorf. monika.konnert@asp.bayern.de
Eva Cremer ist wissenschaftliche Angestellte am ASP.