

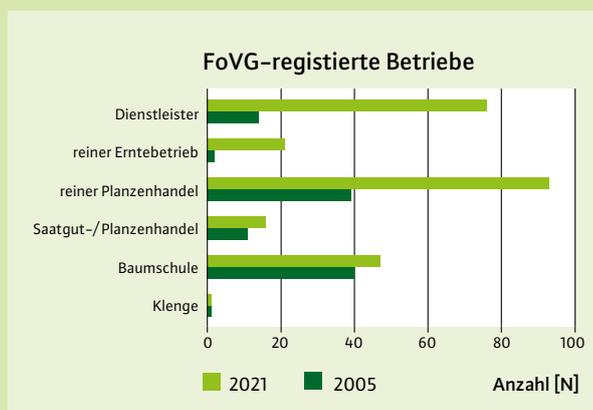
Aus der Landesstelle

Bayerische Forstsaatgut- und Forstpflanzenbetriebe im Wandel

Jeder, der sich gewerblich mit Saatgut oder Pflanzen von Baumarten, die dem Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) unterliegen, beschäftigt, ist verpflichtet, sich als Betrieb anzumelden und registrieren zu lassen. Dies erfolgt förmlich über die jeweilige Landesstelle FoVG bei der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung. In Bayern haben sich hinsichtlich der Anzahl wie auch der Art der Betriebe seit der Verlagerung der Landesstelle an das Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht, jetzt Amt für Waldgenetik, im Jahr 2005 erstaunliche Veränderungen ergeben. 133 Betriebe waren es damals, die die Kontrollbeamten der Landesstelle zu kontrollieren und zu beraten hatten. Heute ist die Anzahl auf 342 angewachsen.

Woran das liegt, ergibt sich aus der Datenanalyse des Erntezulassungsregisters (EZR), in dem alle Betriebe nach Art des Umgangs mit Samen oder Pflanzen aufgelistet sind. Dabei wird ersichtlich, dass sich die Zahl in allen Sparten erhöht hat (Grafik). Eine Ausnahme bilden nur die Klengen, zuständig für die Saatgutaufbereitung, die in ihrer Anzahl unverändert blieben. Die Zunahme der klassischen Baumschulen, also Unternehmen mit Anzuchtquartieren und Pflanzenverkauf, fällt noch vergleichsweise moderat aus. Anders verhält es sich bei reinen Pflanzenhändlern und Saatguterntefirmen, die sich zahlenmäßig vervielfacht haben. Immer mehr Waldbesitzer vertrauen ihren Wald Fachleuten an, die sich um Waldpflege, Holzeinschlag und Wiederaufforstung kümmern. Daraus ergibt sich die größte Steigerung bei den Forstdienstunternehmen, die im Rah-

men ihrer Dienstleistungen auch Forstpflanzen verkaufen. Insgesamt haben die skizzierten Ergebnisse keine Aussagekraft über die Menge der Pflanzen, die jährlich angezogen und gehandelt werden. Sicher ist aber, dass sich in zunehmender Anzahl Fachleute am Weg des Vermehrungsguts von Samenernte, Aussaat, Anzucht bis hin zur Auspflanzung in unseren Wäldern beteiligen. Der Überwachung der Verbraucherschutzvorgaben des FoVG durch die Landesstelle kommt dabei eine besondere Rolle zu. Darüber hinaus ist auch die partnerschaftliche Zusammenarbeit der Forstsaatgut- und Forstpflanzenbetriebe mit den Forstbehörden und den Waldbesitzern ein wichtiger Baustein im Streben nach Herkunftssicherheit. Michael Luckas, AWG



In fast allen Betriebsarten hat sich zwischen 2005 und 2021 die Anzahl der FoVG-registrierten Betriebe zum Teil deutlich erhöht.

Genetische Marker belegen historischen Saatguttransfer

Der großflächige Transfer forstlichen Vermehrungsgutes ist ein weit verbreitetes Phänomen in der Forstwirtschaft und beschränkt sich nicht nur auf die jüngste Geschichte. Die historischen Auswirkungen des Menschen auf den Transfer von Samen und Pflanzen von Bäumen ist ein für viele Länder relevantes Thema. Es gibt eine Reihe von Studien zum historischen Transfer forstlichen Vermehrungsgutes in Europa, den Richtungen, ihren Treibern und den Konsequenzen für die Anpassung der wichtigsten Waldbaumarten. Studien belegen, dass ab dem 19. Jahrhundert ein großer Transfer (Import und Export) von nicht heimischem forstlichem Vermehrungsgut erfolgte. Teilweise hatte das mit großflächigen Entwaldungen zu tun, die in direktem Zusammenhang mit großen Änderungen im Landbesitz, der Holzkohleproduktion für den Bergbau oder dem Salzabbau usw. standen. Darauf folgten massive Saatgutimporte und großflächige Wiederaufforstungsprogramme.

Später, ab dem frühen 20. Jahrhundert, tauchte allmählich das Wissen über Herkunftsvariationen bei adaptiven Merkmalen auf und führte zu gezielteren Importen von forstlichem Vermehrungsgut mit verbesserter Klimaanpassung, Wachstums- und Qualitätsmerkmalen. Importiertes forstliches Vermehrungsgut hat jedoch lokale Genpools beeinflusst, insbesondere bei den wirtschaftlich bedeutenden Baumarten wie Fichte, Waldkiefer und Rotbuche.

Kürzlich haben Wissenschaftler aus Litauen (Universität Vytautas Magnus) zusammen mit dem Bayerischen Amt für Waldgenetik die Entstehung der Buchenwälder in Westlitauen untersucht. Ein möglicher Transfer von Vermehrungsgut aus europäischen Buchenwäldern sollte mithilfe genetischer Marker geklärt werden. Insgesamt 18 Buchenpopulationen aus Deutschland, Schweden und Polen wurden anhand von zehn Kern-Mikrosatellitenorten genotypisiert und mit zehn in Litauen eingeführten Populationen verglichen. Basierend auf DNA-Daten wurden mehrere Clustering-Ansätze verwendet, um die genetischen Assoziationen zu untersuchen. Zum Beispiel ergab eine Bayessche Methode eine hohe Wahrscheinlichkeit, dass die litauischen Buchenbestände aus drei verschiedenen Quellen stammen: (a) den Bayerischen Alpen, (b) Nordostpolen und (c) Südostpolen und den Karpaten. So bestätigte ein Teil der genetischen Ergebnisse historische Nachweise dafür, dass die Rotbuche im 18. Jahrhundert von deutschen Förstern nach Litauen eingeführt wurde. Trotz der hohen allelischen Vielfalt besaßen die litauischen Buchenpopulationen eine deutlich geringere beobachtete Heterozygotie als die Populationen in Mitteleuropa. Eine weitere natürliche Expansion der Rotbuche kann daher problematisch sein, wenn die genetische



Buchenwald in Norkaiciai (Litauen) nahe der Grenze zum ehemaligen Königsberg. Foto: Rūta Kembrytė (VDU)

Vielfalt niedrig und die Herkunft der sich ausbreitenden Population unpassend sind. Eine geringe genetische Vielfalt führt zu (a) reduzierten Allelvariationen, auf die die natürliche Selektion einwirken kann, was die Anpassungsfähigkeit der expandierenden Art beeinträchtigt, und (b) zu einer höheren Wahrscheinlichkeit für die Expression der rezessiven schädlichen Allele, was zu einer verringerten Vitalität in den Nachkommen führt. Ein DNA-basiertes Tracking-System könnte daher historische Verbringung von forstlichem Vermehrungsgut in Europa effizient aufdecken und dazu beitragen, die Anpassungsfähigkeit künftiger Wälder zu verbessern.

Dr. Darius Kavaliauskas und Dr. Barbara Fussi, AWG

Weitere Ergebnisse finden Sie in der Studie:

Kembrytė, R., Danusevičius, D., Buchovska, J., Baliuckas, V., Kavaliauskas, D., Fussi, B., & Kempf, M. (2021): DNA-based tracking of historical introductions of forest trees: the case of European beech (*Fagus sylvatica* L.) in Lithuania. *Europ. J. of Forest Research*, 1–15.
<https://doi.org/10.1007/s10342-020-01341-0>

Foto:
privat



Personalia

Dr. Darius Kavaliauskas

Seit 1. Januar 2021 arbeite ich als wissenschaftlicher Mitarbeiter im Sachgebiet 3 »Erhalten und Nutzen forstlicher Genressourcen«. Ich habe Ökologie und Umweltwissenschaften studiert mit einer Spezialisierung im Bereich Forstwirtschaft und Waldökologie. Im Jahr 2015 habe ich meine Doktorarbeit auf dem Gebiet der Waldpopulationsgenetik zum Thema: »Genetische Struktur und genetische Vielfalt der Populationen von Waldkiefer (*Pinus sylvestris* L.) in Litauen« verteidigt. In dieser Arbeit habe ich mich mit der genetischen Struktur und der geografischen Variation der genetischen Vielfalt unter natürlichen Waldkieferpopulationen befasst. Zwischen 2015 und 2020 habe ich als Wissenschaftler im internationalen Projekt LIFE GENMON am Bayerischen Amt für Waldgenetik gearbeitet. Das Projekt zielte darauf ab, ein Waldgenetik-Überwachungskonzept zu entwickeln und optimale Indikatoren und Verifikatoren für die Überwachung der zeitlichen Veränderung der genetischen Vielfalt für zwei ausgewählte Zielwaldbaumarten, Weißtanne und Rotbuche, zu definieren.

Foto:
privat



Hannes Seidel

Seit Anfang des Jahres bin ich im Sachgebiet 1 »Angewandte forstgenetische Forschung« als wissenschaftlicher Mitarbeiter tätig. Hier arbeite ich innerhalb des FraxGen-Projekts, ein Unterverbund des bundesweiten Demonstrationsvorhabens FraxForFuture. Gesamtziel dieses Vorhabens ist ein koordiniertes Vorgehen gegenüber dem Eschentriebsterben mit allen relevanten Fachdisziplinen. Während des Studiums beschäftigte ich mich intensiv mit Pflanzen-Insekten-Interaktionen, Pflanzenphysiologie und Genetik. An der Professur für Ökoklimatologie der TU München untersuchte ich den Einfluss von Trockenheit und erhöhter Temperatur auf Wachstum, Wasserhaushalt und Mortalität von Jungpflanzen an Waldkiefer sowie der Stieleiche und Edelkastanie. Im Anschluss entwickelte ich an der Bayerischen Landesanstalt für Weinbau und Gartenbau LED-Belichtungsstrategien zur Wachstums-, Entwicklungs- und Qualitätskontrolle bei gartenbaulichen Kulturen. Meine Aufgabe am AWG ist die Auswahl, Charakterisierung und der Erhalt vitaler Eschen-Plusbäume und deren Nachkommenschaften sowie die Anwendung genetischer Resistenzmarker.

Foto:
privat



Yves-Daniel Hoffmann

Seit Oktober 2020 arbeite ich am AWG als Projekt-Mitarbeiter im Projekt »sensFORclim«. Als Dipl. Ing (FH) / M.Sc. bin ich an vielfältigen Arbeiten beteiligt. Zuvor habe ich verschiedene Inventuren in Baden-Württemberg durchgeführt. Mein letzter Arbeitgeber war ThüringenForst AöR. Am Forstliche Forschungs- und Kompetenzzentrum (FFK) in Gotha durfte ich mehrere Jahre ein neues Waldinventurverfahren mitentwickeln und umsetzen. Somit bin ich auf der konzeptionellen Ebene, Datenbanken, R-Programmierung, GIS-Arbeiten, Projekt-Koordination, aber auch auf forstlichen Geländearbeiten spezialisiert. Das Ziel von »sensFORclim« ist es, Bestände für die Produktion von klimatolerantem, heimischem Vermehrungsgut der Baumarten Fichte, Buche und Tanne zu identifizieren. Dabei wird an Baumpopulationen und daraus gewonnenen Forstpflanzen geforscht, die ein hohes Anpassungspotenzial im Klimawandel aufweisen. Im Rahmen eines interdisziplinären Ansatzes werden Standortinformationen in ökologische Nischenmodelle integriert und der in die Zukunft projizierte Einfluss des Klimawandels auf die Saatguterntebestände ermittelt.

Genetische Kontrollen und FoVG

Genetische Analysen im Rahmen der behördlichen Herkunftskontrolle für Stiel- und Traubeneiche haben in Bayern und Baden-Württemberg zugenommen. Zahlreiche Pflanzenpartien wurden mit dem Ziel des Identitätsnachweises und Einhaltung des Forstvermehrungsgutgesetzes (FoVG) untersucht. Hierbei lag der Fokus auf der Artunterscheidung von Stiel- und Traubeneiche. Dabei konnte vermehrt fälschlich ausgewiesene Artzugehörigkeit festgestellt werden. Des Weiteren wurde über Chloroplasten-Haplotypen die Zuordnung von Pflanzenpartien und Erntebeständen zu nacheiszeitlichen Rückwanderungslinien durchgeführt. Natürlich rückgewanderte Bestände und deren Vermehrungsgut enthalten üblicherweise nur einzelne bis wenige Haplotypen. Das Vorhandensein mehrerer Haplotypen lässt auf eine Vermischung von Vermehrungsgut aus mehreren Beständen schließen. Es wurden vermehrt Pflanzenpartien mit zahlreichen Haplotypen gefunden, die nicht mit dem Ausgangsbestand übereinstimmen. Die Weiterentwicklung der labor-technischen und statistischen Auswerteverfahren ermöglicht zunehmend die Präzisierung der Aussagen. So kann durch die vollständige Genotypisierung des Bestandes oder der Samenplantage über eine Elternschaftsanalyse die Übereinstimmung oder Nicht-Übereinstimmung der Pflanzen- oder Saatgutparti-

en mit dem Erntebestand festgestellt werden. Gerade bei der Einbringung von neuen Herkünften aus dem In- und Ausland kann dieses Verfahren eine sichere Zuordnung gewährleisten. Bei Samenplantagen ist eine vollständige genetischen Charakterisierung der vorhandenen Genotypen eine sichere Vorgehensweise. Ziel ist es, die bayerischen Samenplantagen vollständig genetisch zu charakterisieren, um bei diesem hochwertigen Vermehrungsgut eine hohe Herkunftssicherheit zu haben. Neben der behördlichen Kontrolle gibt es auch privatrechtliche Angebote, die Verfahren zur Herkunftssicherung auf freiwilliger, privatrechtlicher Basis entwickelt haben und durchführen (z. B. ZüF, FFV).

Eine große Herausforderung bei Herkunftskontrollen wird zukünftig der Anbau mediterraner Eichenarten wie Flaumeiche, Zerreiche und Ungarische Eiche darstellen. Diese können mit den heimischen Eichenarten hybridisieren. Flaumeiche und Zerreiche unterliegen dem FoVG und dürfen nur entsprechend der gesetzlichen Vorgaben des FoVG geerntet und in den Verkehr gebracht werden. Für beide Eichenarten wurden wegen der geringen Bedeutung für die Forstwirtschaft im Inland bisher keine Herkunftsgebiete ausgewiesen. Langfristig sollten die Anbaun genetisch und morphologisch charakterisiert werden, um eine sichere Zuordnung vornehmen zu können.

Dr. Barbara Fussi und Dr. Muhidin Šeho, AWG