



Bundesanstalt für  
Landwirtschaft und Ernährung

# Monitoring und Indikatoren der Agrobiodiversität

Tagungsband eines Symposiums  
am 7. und 8. November 2006 in Königswinter

## Agrobiodiversität

Schriftenreihe des Informations-  
und Koordinationszentrums für  
Biologische Vielfalt

Band

27

Frank Begemann  
Stefan Schröder  
Karl-Otto Wenkel  
Hans-Joachim Weigel

**Herausgeber**

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung  
Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt (IBV)  
Deichmanns Aue 29  
53179 Bonn

**Bezugsquellen**

Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt  
Tel. +49 (0)228 6845-3237  
Fax +49 (0)228 6845-3787  
E-Mail: [ibv@ble.de](mailto:ibv@ble.de)  
Internet: [www.genres.de/CF/genres/ibv/ibv\\_agrobio\\_reihe.cfm](http://www.genres.de/CF/genres/ibv/ibv_agrobio_reihe.cfm)

**Druck**

Druckerei Martin Roesberg  
Zur Degensmühle 3  
53347 Alfter

**Gestaltung**

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung  
Referat 111, Dirk Eufinger

**Copyright, Schutzgebühr, ISSN**

© 2007 BLE Bonn  
Schutzgebühr: 18,00 €

ISSN 1863-1347

Vögel, R., Meyer, A. & Götting-Frosinski, J. (2006) Rote Liste für gefährdete Kulturpflanzen - Handlungsmöglichkeiten und ausgewählte Fallbeispiele aus der Region Brandenburg. Fachbeiträge des Landesumweltamtes, Titelreihe, Heft -Nr. 100.

WBGU (2000) Welt im Wandel: Erhaltung und nachhaltige Nutzung der Biosphäre. Wissenschaftlicher Beirat der Bundesregierung Globale Umweltveränderungen. Berlin. Springer.

Wetterich, F. (2001) *Biological Diversity of livestock and crops: useful classification and appropriate agri-environmental indicators. Paper presented to the: OECD meeting on agri-biodiversity indicators*. 5-8 November 2001, Zürich, Switzerland.

Wuntke, B., Lutze, G., Voß, M., Kiesel, J., Wieland, R. & Wenkel, K.-O. (2007) Biodiversitätsindikatoren und Biodiversitätsmonitoring für Agrarlandschaften. Dieser Band.

## Genetisches Monitoring forstlicher Genressourcen

### *Genetic monitoring of forest gene resources*

**Werner D. Maurer<sup>1</sup> und Ralf Kätzel<sup>2</sup>**

Die Autoren widmen diesen Beitrag ihrem im November 2006 verstorbenen Kollegen Professor Dr. Florian Scholz †.

<sup>1</sup> Koordinator der Expertengruppe „Genetisches Monitoring“ in der Bund-Länder-Arbeitsgruppe (BLAG) „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“; SGD Süd, Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft (FAWF) Rheinland-Pfalz, Abt. Genressourcen und Forstpflanzenerzeugung, Schloss, D-67705 Trippstadt/Pfalz; werner.maurer@wald-rlp.de

<sup>2</sup> Vorsitzender der BLAG „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“; Landesforstanstalt Eberswalde, Alfred-Möller-Straße 1, D-16225 Eberswalde, ralf.kaetzel@lfe-brandenburg.de

## Zusammenfassung

Mit der Entwicklung eines Konzepts für ein genetisches Monitoring und der zur praktischen Umsetzung erforderlichen geeigneten wissenschaftlichen Methoden und anzuwendenden Werkzeuge wird eine Intensivierung der Umweltüberwachung im Walde dahingehend angestrebt, dass auch die genetische Ebene als essentielle Säule der Biodiversität zukünftig hierbei mit berücksichtigt werden kann.

Im vorliegenden Beitrag beschreiben die Autoren die Entstehung des genetischen Monitorings und den aktuellen Stand seiner Umsetzung in der Praxis anhand von Fallbeispielen mit forstlichen Gehölzarten.

Angesichts der weiterhin zu erwartenden Umweltveränderungen ist die Integration des genetischen Monitorings in die europäische forstliche Dauerbeobachtung vordringlich zu fordern.

## Abstract

*The development of a concept of genetic monitoring, suitable scientific methods and practicable tools aims at the intensification of environmental monitoring in forest ecosystems. This is to enable the inclusion of the genetic level as an important component of biodiversity.*

*In this paper the authors describe the concept of the genetic monitoring and the current state of its implementation by case studies comprising several forest tree species. Facing the environmental changes which are expected to continue, the integration of the genetic monitoring into the permanent forest monitoring on a pan-European level is postulated urgently.*

## Notwendigkeit der Erarbeitung eines genetischen Monitorings

Das seit Mitte der 1980er Jahre entwickelte forstliche Monitoring war vordringlich auf die Abschätzung der Kronenverlichtung (Level I) und auf die Quantifizierung des Stoffhaushalts in Waldökosystemen unter dem Einfluss von Luftschadstoffen und Witterungsfaktoren (Level II) ausgerichtet. Indikatoren, die Aussagen über die Anpassbarkeit und Anpassungsfähigkeit von Baumpopulationen unter dynamischen Umweltbedingungen ermöglichen, fanden bisher keine Berücksichtigung in der forstlichen Umweltkontrolle. Angesichts des umfangreichen Kenntniserwerbs der letzten 20 Jahre auf den Gebieten der molekularen Genetik, der Populationsgenetik sowie im Speziellen der Forstgenetik besteht nunmehr die realistische Aussicht, die Lücken des bisherigen forstlichen Monitorings durch genetische Parameter – dem so genannten „Genetischen Monitoring“ – zu schließen.

Im Jahr 2000 bestätigte die Forstchefkonferenz der Bundesländer das neugefasste „Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung der forstlichen Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland“, das bereits die Entwicklung der Grundlagen für ein genetisches Monitoring im Walde zwingend fordert (Paul *et al.* 2000). Auf dieser Grundlage legte nach mehrjähriger intensiver Vorarbeit die Expertengruppe „Genetisches Monitoring“ im Jahre 2004 im Auftrag der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“

das „Konzept zum genetischen Monitoring für Waldbaumarten in der Bundesrepublik Deutschland“ vor (Anonymus 2004; Kätzel *et al.* 2005).

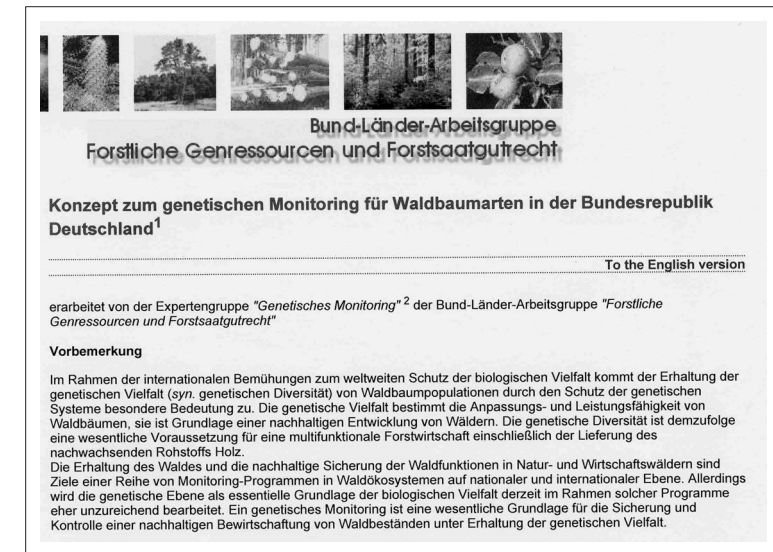


Abb. 1 Auszug aus dem „Konzept zum genetischen Monitoring für Waldbaumarten in der Bundesrepublik Deutschland“

Fig. 1 Excerpt from the "Concept on the Genetic Monitoring for Forest Tree Species in the Federal Republic of Germany" (c.f. <http://www.genres.de/fgrede/genetisches-monitoring/>)

Mehr noch wird die Umsetzung des genetischen Monitoring-Konzepts als ein wichtiger Schritt zur Realisierung des Übereinkommens über die biologische Vielfalt (ÜBV) betrachtet, welches in Artikel 7b die Überwachung der relevanten Bestandteile der biologischen Vielfalt zwingend fordert (Anonymus 2003).

## Bedeutung der genetischen Vielfalt

Die Bedeutung der genetischen Vielfalt als essenzielle Säule der Biodiversität für die langfristige Anpassungsfähigkeit sowie das Überleben von Arten, Populationen und Individuen unter sich ändernden Umweltbedingungen ist zweifelsfrei belegt (Abb. 2; Anonymus 1996). Untersuchungen zur Bewertung der genetischen Vielfalt und der

Funktionsfähigkeit des genetischen Systems in Waldbaumpopulationen dienten bisher allerdings nahezu ausschließlich der statischen Beschreibung des Zustandes zum Untersuchungszeitpunkt.



Abb. 2 Zusammenhang zwischen Biodiversität, genetischer Vielfalt und Anpassungsfähigkeit  
Fig. 2 Interrelation of biodiversity, genetic diversity and adaptability

Dagegen fehlt es weltweit an langfristigen Beobachtungen der dynamischen Entwicklung der genetischen Systeme über mehrere Waldgenerationen hinweg. Somit füllt das neu geschaffene genetische Monitoring diese Lücke, wie ihm auch eine entscheidende Rolle als Frühwarnsystem für Ökosystemveränderungen zukommt, die erst später auf übergeordneten Monitoringebenen sichtbar werden.

Das Management von Waldökosystemen muss vordringlich auf die Erhaltung der verschiedenen Ökosysteme in unseren Waldlandschaften mit ihrem spezifischen Arteninventar als der höchsten Aggregationsstufe der Biodiversität sowie die nachhaltige Sicherung der Aufgaben und Funktionen der Waldökosysteme ausgerichtet sein.

Um diese verpflichtenden und zukunftsweisenden Vorgaben erreichen zu können, muss an vorderster Stelle die Erhaltung der genetischen Vielfalt der Arten und somit der Schutz der genetischen Systeme der Arten mit der gebotenen Nachhaltigkeit erfolgen.

## Wesentliche Ziele des genetischen Monitorings

Diesbezüglich ergeben sich die nachstehend aufgeführten Ziele für ein genetisches Monitoring:

- Bestimmung des Zustands der genetischen Systeme der Waldgehölzarten (siehe Abb. 3);
- Erfassung der Dynamik der Prozesse des genetischen Systems durch Wiederholungsaufnahmen in festgelegten Zeitintervallen;
- Abschätzung von Einflussfaktoren in ihrer Auswirkung auf diese Prozesse;
- Planung und Erfolgskontrolle von Maßnahmen;
- Erstellung von Empfehlungen zum Schutz der genetischen Systeme der Waldgehölzarten.

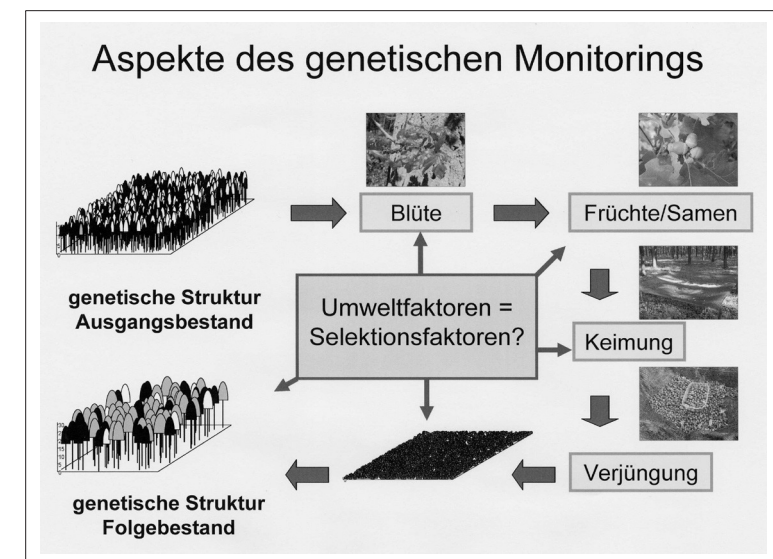


Abb. 3 Aspekte des genetischen Monitorings:  
Phasen des genetischen Systems vom Ausgangsbestand zum Folgebestand  
Fig. 3 Aspects of the genetic monitoring:  
phases of the genetic system from original stand to succeeding stand

Die Betrachtung der jeweiligen genetischen Systeme leistet einen Beitrag zur Abschätzung der Stabilität wie auch der Risikopotenziale der Wälder.

Somit sollen die Ergebnisse des genetischen Monitorings neben der Forstpraxis auch dem Naturschutz und bei der Politikberatung als zielführende Entscheidungshilfen dienen. Gleichfalls müssen diese Ergebnisse in einem engen Informationsaustausch mit anderen Umweltmonitoring-Systemen stehen.

### Vorgaben zur Umsetzung des genetischen Monitorings

Das Konzept für ein letztlich langfristig durchzuführendes genetisches Monitoring beinhaltet Vorgaben zur Durchführung des genetischen Monitorings dahingehend, die räumlichen und zeitlichen Veränderungen der genetischen Systeme von Baum- und Strauchgehölzarten anhand bestimmter Kriterien mit relevanten Indikatoren und Verifikatoren zu erfassen (vgl. hierzu auch Namkoong *et al.* 1996).

Als geeignete „Monitoringpopulationen“ sollen insbesondere forstliche Dauerbeobachtungsflächen wie ICP Forest Level-II-Flächen, Naturwälder, FFH-Gebiete und zur Gewinnung von forstlichem Vermehrungsgut qualifizierte Bestände Berücksichtigung finden. Denn für solche bereits eingerichteten Flächen liegen Standort- und Bestandesdaten vor. Gleichfalls können die Ergebnisse der periodischen Erhebungen z.B. zu waldwachstumskundlichen Parametern, zur Vitalität, zur Altersstruktur oder zum Konkurrenzverhalten der Florenelemente in die Gesamtbetrachtung einfließen.

Neben der zunächst einmaligen generationsübergreifenden Erfassung der genetischen Populationsstrukturen mit geeigneten Genmarkern aus der Gruppe der Isoenzym-Genmarker sowie der molekulargenetischen (DNA-)Marker kommt der jährlichen Beobachtung von Indikatoren des genetischen Systems wie der Blüte, Fruktifikation, Phänologie, Verjüngung u.a.m. besondere Bedeutung zu. Durch die Einbeziehung bereits erhobener Umweltfaktoren wie beispielsweise Witterungsparametern und unter Anwendung von genetischen Modellen können Veränderungen der genetischen Strukturen in den Kontext von Ursache-Wirkungsbeziehungen gestellt werden.

Weitere für den forstlichen Bereich relevante Details zum genetischen Monitoring können Maurer (2005) entnommen werden.

Grundsätzliches zum genetischen Monitoring ist zudem bei Gregorius & Degen (2007) im vorliegenden Tagungsberichtsband nachzulesen und soll hier nicht wiederholt werden.

### Forschungsprojekte in Verbindung mit dem genetischen Monitoring

In Abb. 4 ist eine schematische Übersicht über den derzeitigen Stand der in verschiedenen Regionen Deutschlands auf Länder- und Bundesebene so weit vorgenommenen wesentlichen Aktivitäten zum genetischen Monitoring dargestellt. Wie aus Abb. 4 hervorgeht, konnten die Verfahren des genetischen Monitorings bisher für die Baumarten Traubeneiche (*Quercus petraea*), Kiefer (*Pinus sylvestris*), Douglasie (*Pseudotsuga menziesii*), Rotbuche (*Fagus sylvatica*) und Vogelkirsche (*Prunus avium*) im Ansatz getestet werden.

Erste Erfahrungen mit dem genetischen Monitoring wurden solchermassen auf Bundesländerebene in Rheinland-Pfalz mit den Baumarten Rotbuche (Maurer *et al.* 2001; Balcar & Maurer 2004) und Douglasie (Maurer 2006) und in Brandenburg mit den Baumarten Traubeneiche und Kiefer gesammelt. Kürzlich waren auch in Hessen solche Studien an der Rotbuche eingeleitet worden (Gebhardt 2004). Während die in Hessen und Rheinland-Pfalz durchgeführten Studien vorerst nur genetische Untersuchungen beinhalten, werden bei den brandenburgischen Untersuchungen außerdem phänologische und phänotypische Aspekte berücksichtigt.

Bundesweit war 2005 mit dem Projekt „Erfassung und Monitoring der genetischen Diversität in Buchenpopulationen von Level-II-Flächen in verschiedenen Höhenstufenbereichen von Deutschland“ im Rahmen des EU-Programms *Forest Focus* (*Forest Focus* ist eine Gemeinschaftsmaßnahme, die auf ein harmonisiertes, umfassendes und breit angelegtes Langzeit-Monitoring der europäischen Waldökosysteme abzielt) eine Studie mit genetischem Hintergrund auf jeweils einer solchen Dauerbeobachtungsfläche in Bayern, Brandenburg, Hessen und Rheinland-Pfalz initiiert worden.



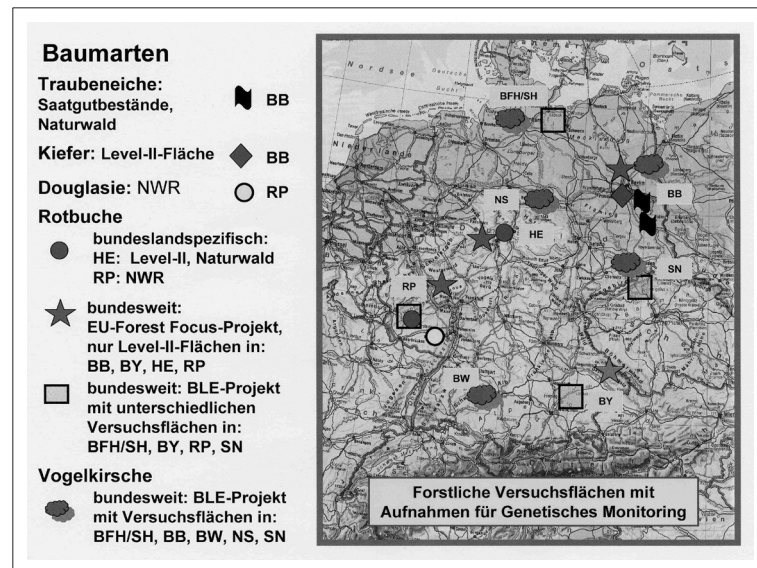


Abb. 4 Versuchsflächen mit Untersuchungen zum genetischen Monitoring auf Länder- und Bundesebene in Deutschland

Fig. 4 Experimental plots including studies on the genetic monitoring on "Länder" and federal level in Germany

**Abkürzungen / Abbreviations:**

BB: Brandenburg; BFH/SH: Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft Großhansdorf/Schleswig-Holstein / Federal Research Centre for Forestry and Forest Products Großhansdorf/Schleswig-Holstein; BY: Bayern / Bavaria; BW: Baden-Württemberg; HE: Hessen / Hesse; NS: Niedersachsen / Lower Saxony; RP: Rheinland-Pfalz / Rhineland-Palatinate; SN: Sachsen / Saxony; NWR: Naturwaldreservat / nature forest reserve

Mit der Erfassung der genetischen Strukturen zwecks Charakterisierung der derzeit vorhandenen Baumpopulationen wurde auf diesen Flächen ein abgestimmtes genetisches Monitoring eingeleitet, dessen Ziel die Beobachtung von zukünftig zu erwarteten genetischen Strukturveränderungen in den als Wirtschaftswald genutzten Buchenpopulationen ist. Als Beispiel sei hier in Abb. 5 die hessische Buchen-Level-II-Fläche 606 Zierenberg angeführt. Mit der genetischen Identifizierung aller Altbäume ist hier zudem die Prüfung auf Differenzierung der Buchen bezüglich des Untergrunds des Standorts vorgenommen worden, was im Rahmen eines längerfristig durchgeführten genetischen Monitorings von Bedeutung ist. Das von der FAWF Trippstadt in Rheinland-Pfalz koordinierte Gemeinschaftsprojekt findet im Frühjahr 2007 seinen Abschluss.

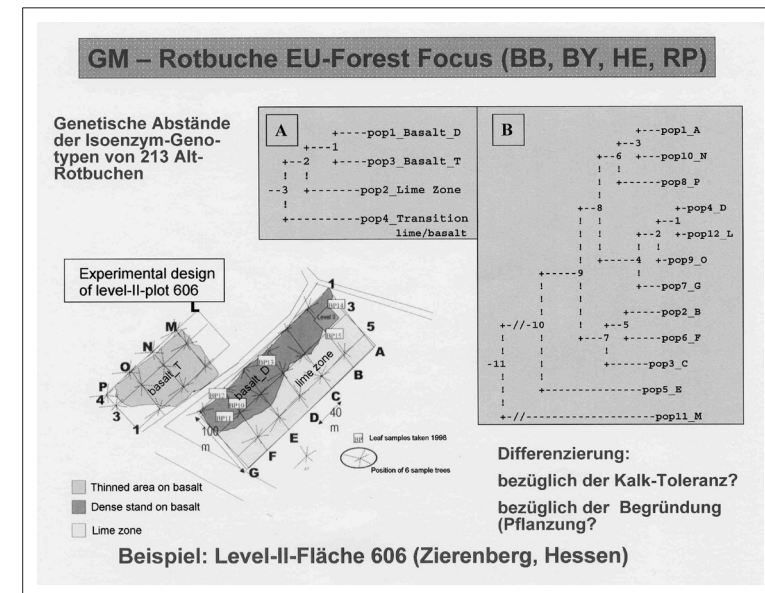


Abb. 5 Beispielhafte genetische Charakterisierung der hessischen Rotbuchen-Level-II-Fläche 606 zur Einleitung eines genetischen Monitorings (Darstellung der genetischen Abstände der Subpopulationen) (Gebhardt 2006)

Fig. 5 Exemplary genetic characterisation of the European beech level-II-plot 606 in Hesse for establishing a genetic monitoring (illustration of the genetic distances of the subpopulations) (Gebhardt 2006)

Von großer Bedeutung ist weiterhin ein von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) Bonn gefördertes Forschungsprojekt, das derzeit bundesweit auf mehreren verschiedenartigen forstlichen Dauerbeobachtungsflächen durchgeführt wird und ganz gezielt die Umsetzung des von der BLAG-Expertengruppe „Genetisches Monitoring“ erarbeiteten Konzepts zum genetischen Monitoring zum Inhalt hat. Geprüft wird dessen Umsetzbarkeit an den Baumarten Vogelkirsche (*Prunus avium*) (Koordination: BFH Großhansdorf; vgl. hierzu auch Gregorius & Degen 2007) und Rotbuche (*Fagus sylvatica*) (Koordination: Rheinland-Pfalz).

In Abb. 6 sind bezüglich der Baumart Rotbuche die vier beteiligten Institutionen mit den jeweiligen Monitoringflächen aufgeführt. Zur umfassenden Charakterisierung des genetischen Systems sind neben den genetischen Analysen mit Isoenzym- und DNA-Markern an Bucheckern, der Naturverjüngung und den Altbäumen auch phänologische und phänotypische Untersuchungen eingeschlossen.

**Konzeption und erste Erfahrungen bei der Umsetzung des genetischen Monitorings mit der Baumart Buche (*Fagus sylvatica*)**  
**Expertengruppe 'Genetisches Monitoring' der Bund-Länder-Arbeitsgruppe (BLAG) 'Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht'**

Das von der Expertengruppe „Genetisches Monitoring“ erarbeitete „Konzept zum genetischen Monitoring für Waldbaumarten in der Bundesrepublik Deutschland“ schafft den Rahmen zur Durchführung eines genetischen Monitorings (GM), siehe hierzu [www.genres.de/fordeu/genetisches-monitoring/](http://www.genres.de/fordeu/genetisches-monitoring/).

Das GM spielt eine wichtige Rolle als Frühwarnsystem für Ökosystemveränderungen und soll das bisherige Umweltmonitoring um eine wichtige Komponente erweitern.

Dazu sind die genetischen Systeme von Baum- und Strauchgehölzarten hinsichtlich ihrer räumlichen und zeitlichen Veränderungen zu erfassen.

In einem ersten Durchlauf soll von den im Konzept enthaltenen Baumarten derzeit u.a. das genetische Monitoring an der Modellbaumart Buche (*Fagus sylvatica*) umgesetzt werden.

Ziel: Erarbeitung von Strategien bzw. Entscheidungshilfen für die Durchführung eines bundesweiten genetischen Monitorings


Durchführung: auf vier vorhandenen Erhebungsflächen, die bereits für andere Monitorings verwendet werden

Untersuchungsmethodik: Erfassung von genetischen Strukturen sowie von phänotypischen und phänologischen Parameter, welche durch die genetischen Systeme bestimmt werden.

Die vier Erhebungsflächen liegen im Norden (N, Schleswig-Holstein), in der Mitte (M, Rheinland-Pfalz), im Osten (O, Sachsen) und im Süden (S, Bayern) von Deutschland.

Sie beinhalten eine ökologisch-genetische Dauerbeobachtungsfläche (N), zwei Naturwaldreservate (M und O) sowie eine Level-II-Fläche (S).


– siehe ● in Karte rechts.



Teilnehmer am Projekt „Erfassung der genetischen Struktur der Rotbuche (*Fagus sylvatica*) als Grundlage für ein genetisches Monitoring wichtiger Waldbaumarten in Deutschland“:

FAWF Rheinland-Pfalz Trierstadt (Federführung),  
ASP Teisendorf, Staatsbetrieb Sachsenforst Pirna und  
Universität Hamburg / BFH Großhansdorf.

**Beispiel Erhebungsfläche Mitte: NWR Himbeerberg**



**Es werden 2006-2007 durchgeführt:**

**phänologische und phänotypische Untersuchungen zu:**

- Austriebsbeginn und -ende
- Austriebsdauer
- Blühverhalten
- Fruchtifikationsintensität
- Baumhöhe
- BDH
- soziale Stellung
- Kronenlänge und -durchmesser
- Saatgutbeschaffenheit

**genetische Untersuchung mit**

- Isoenzym-Genmarkern und
- DNA-Genmarkern an:
- Samen
- Naturverjüngung
- Altbäumen

**Wesentliche Fragestellungen:**

Ist die Umsetzbarkeit des Konzepts zum genetischen Monitoring für Waldbaumarten in der BRD für die Baumart Buche gegeben?

Können konkrete Handlungsweisen für ein flächenmäßig erweitertes genetisches Monitoring aus diesem Testlauf abgeleitet werden?

Ist eine Flächenrepräsentanz innerhalb des genetischen Monitorings anzustreben?

Können Empfehlungen für andere Baumarten gegeben werden?

**Auf die Projektfinanzierung durch die BLE wird anerkennend hingewiesen.**

Kontakt: [werner.maurer@wald-rip.de](mailto:werner.maurer@wald-rip.de) (Koordination) sowie [monika.konnert@asp.bayern.de](mailto:monika.konnert@asp.bayern.de), [ute.troeber@smul.sachsen.de](mailto:ute.troeber@smul.sachsen.de), [b.degen@holz.uni-hamburg.de](mailto:b.degen@holz.uni-hamburg.de) bzw. [fschoiz@uni-hamburg.de](mailto:fschoiz@uni-hamburg.de)

Abb. 6 Umsetzung des genetischen Monitorings mit der Baumart Rotbuche (*Fagus sylvatica*) (Anonymus 2007)

Fig. 6 Realisation of the genetic monitoring by testing it on the tree species European beech (*Fagus sylvatica*) (Anonymous 2007)

Mit diesem zeitlich allerdings eng begrenzten Projekt soll u.a. geprüft werden, inwieweit die Rotbuche für die Einzelaspekte des genetischen Monitorings geeignet ist und ob aus diesem Testlauf konkrete Handlungsweisen für ein flächenmäßig erweitertes genetisches Monitoring abgeleitet werden können.

Insbesondere soll auch die Möglichkeit geprüft werden, ob sich aufgrund der bei der Durchführung gemachten Erfahrungen Empfehlungen für andere Baumarten geben lassen. Der Abschlussbericht zu diesen umfangreichen Untersuchungen für die Rotbuche wie auch für die Vogelkirsche wird Ende 2007 vorgelegt werden.

## Fazit

Vor dem Hintergrund zukünftiger Umweltveränderungen u.a. infolge des weiter fortschreitenden Klimawandels ist die Bewertung der Anpassbarkeit und der Anpassungsfähigkeit von Waldbaumpopulationen zur Abschätzungen der Risikopotenziale dringend erforderlich. Hierzu sind längerfristige Beobachtungen des genetischen Systems insbesondere der langlebigen Waldbaum- und Gehölzarten im Wald-Ökosystem zwingend notwendig. Das Konzept für ein genetisches Monitoring hat hierzu die grundlegenden Rahmenbedingungen geschaffen. Mit den auf einer Reihe von verschiedenartigen Dauerbeobachtungsflächen bundesweit durchgeführten Studien zum genetischen Monitoring werden erste Ergebnisse erwartet, die für die Etablierung eines nicht nur bundesweiten genetischen Monitorings von größter Bedeutung sind. Basierend auf diesen Erfahrungen ist daher das Netzwerk eines europaweiten genetischen Monitors zu fordern und entsprechend vorzubereiten.

## BLAG-Expertengruppe „Genetisches Monitoring“

Die Expertengruppe „Genetisches Monitoring“ wurde im Februar 1997 von der vormaligen Bund-Länder-Arbeitsgruppe (BLAG) „Erhaltung forstlicher Genressourcen“ ins Leben gerufen und mit der Konzeption eines genetischen Monitorings beauftragt.

Seither sind bzw. waren die nachstehend genannten Personen Mitglieder der BLAG-Expertengruppe „Genetisches Monitoring“ und haben an der Erstellung des Konzeptes zum genetischen Monitoring mitgearbeitet wie auch externe Experten zur Umsetzung des genetischen Monitorings in die Praxis beratend beigetragen haben (Stand 12/2006):



## Koordination

Dr. Werner Maurer, FAWF Rheinland-Pfalz, Trippstadt (seit 2001)  
FOR Albrecht Franke, FVA Baden-Württemberg,  
Freiburg i. Br. (1997-2001)

Dr. habil. Bernd Degen, BFH Großhansdorf (seit 2005)

Dr. Aikaterini Dounavi, FVA Baden-Württemberg,  
Freiburg i. B. (seit 2002)

Dr. Karl Gebhardt, Hessen-Forst, NW-FVA,  
Standort Hann. Münden (bis 2006)

Dr. Joachim Heyder, LÖBF Nordrhein-Westfalen,  
Forstgenbank Arnsberg

Dr. Alwin Janssen, NW-FVA, Standort Hann. Münden (bis 2002)

Dr. habil. Ralf Kätzel, Landesforstanstalt (LFE) Eberswalde

Dr. Monika Konnert, ASP Teisendorf

Prof. Dr. Florian Scholz, BFH Großhansdorf (bis 2005)

Dr. Wilfried Steiner, NW-FVA, Standort Hann. Münden (seit 2006)  
FOR\*in Ute Tröber, LB Sachsenforst Pirna (seit 2004)

## Externe beratende Experten

Prof. Dr. Erwin Hussendörfer, FH Weihenstephan

Prof. Dr. Michael Köhl, Universität Hamburg

## Literatur

Anonymus (1997): Erhaltung der biologischen Vielfalt - Wissenschaftliche Analyse deutscher Beiträge. Bundesamt für Naturschutz (Hrsg.), S.17ff.

Anonymus (2003): Gesetz zum Übereinkommen über die biologische Vielfalt. Bundesgesetzblatt BGBI II, S. 1741 und Übereinkommen über die biologische Vielfalt, BgBl II, S. 1742-1772.

Anonymus (2004): Konzept zum genetischen Monitoring für Waldbaumarten in der Bundesrepublik Deutschland, erarbeitet von der Expertengruppe „Genetisches Monitoring“, deutsche und englische Version, aktualisiert 2006, siehe unter <http://www.genres/de/fgrdeu/genetisches-monitoring/>

Anonymus (2006): Konzeption und erste Erfahrungen bei der Umsetzung des genetischen Monitorings mit der Baumart Buche (*Fagus sylvatica*). In: Ökosystem Wald - Rohstoff Holz - Prinzip Nachhaltigkeit, Tagungsband zur Forstwissenschaftlichen Tagung 2006 Tharandt/Dresden (H. RÖHE & S. BONN, Hrsg.), Kurzfassung zum Poster der Expertengruppe „Genetisches Monitoring“ der BLAG „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“, S.163.

Balcar, P. & Maurer, W.D. (2004): Möglichkeiten der Generhaltung und genetisches Monitoring in Naturwaldreservaten. In: W.D. Maurer (Hrsg.): Zwei Jahrzehnte Genressourcen-Forschung in Rheinland-Pfalz. Mitteilungen aus der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Nr. 52/04: S.177-182.

Gebhardt, K. (2004): Genetische Diversität der Buche (*Fagus sylvatica* L.) im hessischen Staatswald. In: (W.D. Maurer, Hrsg.) Zwei Jahrzehnte Genressourcen-Forschung in Rheinland-Pfalz. Mitteilungen aus der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Nr. 52/04: S.189-196.

Gebhardt, K. (2006): *Genetic differentiation of beech at the level-II-plot 606* (Zierenberg, Hesse). Posterpräsentation beim ICP Forest Focus Symposium in Göttingen am 25.-28.10.2006.

Gregorius, H.-R. & Degen, B. (2007): Monitoring genetischer Ressourcen - Prinzipien und Methoden. Agrobiodiversität, dieser Band.

Kätzel, R.; Maurer, W.D.; Konnert, M. & Scholz, F. (2005): Genetisches Monitoring in Wäldern. Forst und Holz, 60. Jg. Nr.5, 179-183.

Maurer, W.D.; Tabel, U.; Hosius, B. & Leinemann, L. (2001): Einleitung eines genetischen Langzeitmonitorings in Rheinland-Pfalz am Beispiel der Buche (*Fagus sylvatica* L.). In: Nachhaltige Nutzung forstgenetischer Ressourcen (LAF Pirna, Hrsg.), Proceedings zur 24. Internationalen Tagung der AG Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung am 14.-16.200 in Pirna, ISBN 3-932967-93-3, S.132-144.S.132-144.

Maurer, W.D. (2005): „Genetisches Langzeitmonitoring im Wald unter Berücksichtigung von *In-situ*- und *Ex-situ*-Erhaltungsmaßnahmen“. *In: Analyse und Bewertung der genetischen Vielfalt in der Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft zur Ableitung von Entscheidungskriterien für Erhaltungsmaßnahmen*. ZADI-Band 24, S.82-90.

Maurer, W.D. (2006): Genetische Untersuchungen am Douglasien-Naturwaldreservat (NWR) Grünberg in Rheinland-Pfalz. *In: Forstliche Genressourcen als Produktionsfaktor*. NW-FVA, Abt. Waldgenressourcen, Standort Hann.-Münden, Hrsg.) Proceedings zur 26. Internationalen Tagung der AG Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung am 20.-22. Oktober 2005 in Fulda, S.180-187.

Namkoong, G.; Boyle, T.; Gregorius, H.-R.; Joly, H.; Savolainen, O.; Wickneswari, R. & Young A. (1996): *Testing criteria and indicators for assessing the sustainability of forest management: Genetic criteria and indicators*. Center for International Forestry Research (CIFOR) Working Paper No. 10, Bogor, Indonesia, 12 pages.

Paul, M.; Hinrichs, T.; Janssen, A.; Schmitt, H.P.; Soppa, B.; Stephan, B.R. & Dörflinger, H. unter Mitarbeit von W. Arenhövel, A. Franke, R. Kätzel, J. Kleinschmit, H.-J. Muhs, E. Natzke, W. Ruetz, W. Schilling & U. Tabel [Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ (2000): Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland. Sächsische Landesanstalt für Forsten [LAF] Pirna-Graupa (Hrsg), ISBN 3-932967-25-9, 66 Seiten.

## Danksagung

Die Autoren danken Dr. Karl Gebhardt (NW-FVA Standort Hann. Münden) für dessen kollegiale Bereitschaft, die in Abb. 5 gezeigten Daten zur Verfügung zu stellen.

## Monitoring der genetischen Vielfalt landwirtschaftlicher Nutztiere auf Grundlage der Zentralen Dokumentation Tiergenetischer Ressourcen - TGRDEU

### *Monitoring genetic diversity of farm animals based on the Central Documentation of Animal Genetic Resources in Germany*

**Jörg Bremond**

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE),  
Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt (IBV),  
Deichmanns Aue 29, 53179 Bonn, joerg.bremond@ble.de

## Zusammenfassung

Als nationales Verzeichnis aller Tierzuchtorganisationen sowie der bei diesen geführten Nutztierassen der Tierarten Pferd, Rind, Schwein, Schaf, Ziege, der Geflügelarten (Huhn, Zwerghuhn, Gans, Ente, Pute und Perlhuhn) und der Kaninchen wird in der TGRDEU bereits seit 1997 ein Bestandsmonitoring für die Nutztierassen Pferd, Rind, Schwein, Schaf und Ziege durchgeführt. Dafür werden jährlich die bei den anerkannten Zuchtorganisationen vorliegenden Herdbuchbestandszahlen zur Anzahl weiblicher und männlicher Tiere zusammengetragen. Auf der Grundlage dieser Bestandszahlen wird die „effektive Populationsgröße“ als Maß zur Einschätzung der Bestandsgefährdung berechnet. Die Daten der TGRDEU werden veröffentlicht und auch in internationale Informationssysteme „*Animal Genetic Data Bank*“ der *European Association of Animal Production* (EAAP) und DAD-IS (*Domestic Animal Diversity Information System*) der FAO geliefert.

Mit Hilfe der effektiven Populationsgröße können zwar genauere Aussagen über den Zustand von Populationen als durch das einfache Zählen von Zuchttieren getroffen werden. Ziel ist es jedoch, die effektive Populationsgröße und auch die Inzucht auf der Grundlage zusammengeführter Einzeltier-Zuchtbuchdaten auf Raseebene zu berechnen. So werden Verwandtschaften und die Dynamik einer aktiven Zuchtpopulation im Monitoring berücksichtigt.

Ziel muss letztlich eine abgestimmte und möglichst EU-weit vergleichbare Berechnung des Gefährdungsstatus sein. Dazu müssen alle relevanten Organisationen, staatliche und nichtstaatliche Stellen und Institute der Tierzuchtwissenschaften in den Prozess eingebunden werden.

Die TGRDEU wird in diesem Zusammenhang als Datenquelle für alle Verfahren und Prozesse eines Monitorings der Agrobiodiversität etabliert und in die europäischen Prozesse zur Beschreibung und Dokumentation der Agrobiodiversität eingebunden. Indikatoren zum Monitoring tiergenetischer Ressourcen auf europäischer Ebene wurden im IRENA-Projekt („Indicator reporting on the integration of environmental concerns into agricultural policy“) entwickelt. Die IRENA-Indikatoren 25.2 und 25.3 sind gegenwärtig die EU-weit vereinbarten Berichtswerte. Dabei beschreibt der Indikator 25.2 die Anzahl der weiblichen und männlichen Zuchttiere einer Rasse und der Indikator 25.3 den Gefährdungsstatus der entsprechenden Rasse. Eine Fortentwicklung dieser Indikatoren findet derzeit im SEBI 2010 - Prozess („Streamlining European 2010 Biodiversity Indicators“) statt. Dabei hat sich bewährt, als Grundlage des Monitorings die in Herdbüchern registrierten Tiere zu verwenden.

### Abstract

*A national inventory of German animal breeding organisations and the breeds they register has been kept at TGRDEU since 1997. The inventory includes all breeds of the species horse, cattle, pig, sheep, goat, poultry (chicken, bantam, goose, duck, turkey and guinea fowl) and rabbit. To monitor the size of populations the number of male and female herdbook animals is gathered annually. Based on these counts the effective population size is calculated which serves as an indicator for the status of endangerment. The data are published in TGRDEU and are made available to*

*two international information systems. One is the “Animal Genetic Data Bank” of the European Association of Animal Production (EAAP) and the other is the “Domestic Animal Diversity Information System” (DAD-IS) of the FAO.*

*The effective population size gives a more detailed picture of the status of a population than simply counting the number of males and females would do. The long-term goal is, however, to calculate effective population size and inbreeding using individual herdbook data. This will allow to take kinship and dynamics of breeding populations into consideration.*

*To establish a EU-wide comparable calculation of the endangerment status of animal breeds, all relevant organisations, governmental and non-governmental, as well as animal breeding research institutes have to be involved in the co-ordination process.*

*TGRDEU serves as an important data basis for the monitoring of agrobiodiversity and is integrated into the European processes of characterisation and documentation of agrobiodiversity. Indicators for the monitoring of animal genetic resources in Europe were developed in the IRENA-project (“Indicator reporting on the integration of environmental concerns into agricultural policy“). IRENA indicator 25.2 describes the number of male and female breeding animals and IRENA indicator 25.3 shows the endangerment status of breeds, both have been agreed Europe-wide. These indicators have been taken over by the SEBI-process (“Streamlining European 2010 Biodiversity Indicators“) for further development. Limited consideration of animals registered in herdbooks has proved worth in this context.*

### Einleitung

Der Begriff des Monitorings lässt sich in vielerlei Richtungen deuten, interpretieren, nutzen, oder verstehen. Im Bereich der Biologie und der artverwandten Wissenschaften bekommt er zwar eine etwas eingeschränkte Bedeutung, dennoch zeigt sich auch hier eine Mannigfaltigkeit an Ideen, Verfahren und Möglichkeiten des Agierens und Reagierens, des Beschreibens und des Gestaltens.

Das Online-Lexikon „Wikipedia“ beschreibt und erläutert den Begriff wie folgt:

- Monitoring ist ein Überbegriff für alle Arten der Erfassung, Beobachtung oder Überwachung eines Vorgangs oder Prozesses mittels technischer Hilfsmittel oder anderer Beobachtungssysteme.
- Ein Monitoringsystem ermöglicht zum Teil auch Eingriffe bzw. Steuerung der betreffenden Prozesse, sofern sich abzeichnet, dass der Prozess nicht den gewünschten Verlauf nimmt.
- In der Ökologie wird der Begriff Biomonitoring (auch Biobeobachtung) für das zeitlich regelmäßig wiederholte Beobachten und Messen („Monitoring“) des Zustandes und Bestandes von Pflanzen und Tieren sowie deren Gemeinschaften verwendet.

In speziellen Fragen der Tierzucht und vor der prinzipiellen Anforderung der Beschreibung des Bereiches der nationalen Tierzucht und eines in diesem Zusammenhang stehenden grundlegenden Monitorings kann und muss der Begriff hingegen weiter spezifiziert werden. Zwei generelle Formen des Monitorings lassen sich dabei nach aktueller Anschauung unterscheiden.

- Bestandsmonitoring
- Populationsmonitoring

## Bestandsmonitoring

Das Bestandsmonitoring bezeichnet eine einfache, jedoch wesentliche und daher unverzichtbare Form des Monitorings.

Ein Bestandsmonitoring der in Deutschland gezüchteten Nutztierassen wird bereits seit 1997 durchgeführt. Dieses Monitoring geschieht auf der Grundlage der in übergeordnetem Rahmen gesetzlich geregelten Umsetzung und Durchführung der Tierzucht.

Wesentliche Bereiche der organisierten Tierzucht der Tierarten Pferd, Rind, Schwein, Schaf und Ziege obliegen in Deutschland den Zuständigkeiten der Bundesländer. Ausschließlich die durch die Bundesländer anerkannten Züchtervereinigungen sind berechtigt eine gesetzlich geregelte und ordnungsgemäße Tierzucht zu führen. Dazu zählen exakte Formulierungen und Beschreibungen über Zuchtziele, Zuchtprogramme, Zuchtverfahren und - wesentlich für ein Monitoring - eine eindeutige Identifizierung und Qualifizierung

der Zuchtpopulationen und der Einzeltiere, die von den Landwirten und Züchtern letztlich in das Zuchtprogramm eingebracht werden. Der weitere Rahmen ergibt sich dadurch, dass ein durchgeführtes Zuchtprogramm für eine meist geschlossene Gruppe und Anzahl von Individuen / Einzeltieren gestaltet ist. Die so zusammengefasste Gruppe von Zuchttieren erhält mit einer Benennung bzw. übergeordneten Bezeichnung als „Rasse“ eine zumindest formale und rechtlich beschreibbare Größe. In diesem Organisationsrahmen erfassbare Daten und Informationen sind Basis für ein grundlegendes Monitoring.

Das aktuell in Deutschland durchgeführte Bestandsmonitoring umfasst alle in Deutschland anerkannten Züchtervereinigungen und die von diesen registrierten und gezüchteten Rassen. Bereits seit 1997 werden diesbezüglich kontinuierlich jährlich fortgeschriebene Daten und Informationen erfasst und dokumentiert. Dazu gehören als zentraler Bestandteil auch die von den Züchtervereinigungen herdbuchgeführten Zuchttierbestände der einzelnen Rassen.

Wichtigstes Werkzeug dieser offiziellen Zusammenstellung von Daten und Informationen aus dem Bereich der Tierzucht ist die „Zentrale Dokumentation Tiergenetischer Ressourcen in Deutschland (TGRDEU)“. Diese Dokumentation wurde durch das Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt (IBV) im Auftrag des heutigen Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) erstellt. Auch weiterhin ist das IBV, als ein Referat der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE), mit der Pflege und dem weiteren Ausbau der TGRDEU befasst.

Die TGRDEU ist ein datenbankbasiertes und jederzeit aktuelles Dokumentations- und Informationssystem über den Bereich der organisierten Tierzucht in Deutschland. Die Inhalte werden in der TGRDEU umfassend und objektiv dargestellt. Diese sind mit den Züchtervereinigungen und den staatlichen Stellen der Tierzuchtverwaltungen abgestimmt und bedienen als nationale Daten auch internationale Berichtspflichten. Sie stehen der Welternährungsorganisation der Vereinten Nationen / *Food and Agriculture Organisation of the United Nations* (FAO) für deren *Domestic-Animal-Diversity - Information-System* (DAD-IS) der Europäischen Union sowie der Europäischen Vereinigung für Tierproduktion (EVT) für deren Dokumentationssystem zur Verfügung. Darüber hinaus steht die TGRDEU jedermann zur freien Recherche im Internet ([www.genres.de/tgrdeu](http://www.genres.de/tgrdeu)) zur Verfügung.



Folgende Daten sind in der TGRDEU dokumentiert:

- Registrierung aller anerkannten Züchtervereinigungen für die Tierarten Pferd, Rind, Schwein, Schaf und Ziege in Deutschland.
- Objektive Beschreibung aller in Deutschland geführten Nutztier-rassen der genannten Tierarten.
- Bestandsmonitoring der Haustierrassen in Deutschland.
- Ergänzungen um die Rassen der Tierarten des Geflügels und der Kaninchen.
- Registrierung aller durch die Bundesländer im Rahmen der EU-Verordnung 1257/99 umgesetzten Fördermaßnahmen zur Erhaltung und Nutzung gefährdeter Haustierrassen.
- Gesondert dargestellte Informationen mit besonderer Relevanz bezüglich des Gefährdungsstatus von Rassen.

Das mit der Pflege und Aktualisierung der TGRDEU jederzeit aktuell verfügbare Bestandsmonitoring des nationalen Tierzuchtgebietes erlangt nunmehr eine wichtige Bedeutung hinsichtlich der Umsetzung des „Nationalen Fachprogramms zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung tiergenetischer Ressourcen“ (BMELV, 2003) und der Verfolgung seiner formulierten Ziele. Dieses Fachprogramm entstand im Zuge der Erstellung eines „Nationalen Berichtes“ als Zulieferung und nationaler Beitrag zum ersten Weltzustandsbericht zur Situation tiergenetischer Ressourcen, der durch die FAO zur Zeit zusammengestellt wird. (*State of the World* - Prozess der FAO). Mit dem „Nationalen Fachprogramm“ gibt sich die Bundesrepublik selbst einen Auftrag zur Erhaltung und Pflege seiner tiergenetischen Ressourcen. Gemäß der Zuständigkeiten der Länder wurde das „Nationale Fachprogramm“ im Jahr 2003 anlässlich der „Konferenz der Agrarminister des Bundes und der Länder“ (Agrarministerkonferenz) verabschiedet. Als erste Konsequenz konnte sich daraufhin der „Fachbeirat Tiergenetische Ressourcen“ konstituieren. Er vereint Personen aus allen Bereichen der organisierten Tierzucht, der Tierzuchtverwaltung und der Wissenschaft und versteht sich als Mittler zwischen den Zielen des „Nationalen Fachprogramms“ und den umsetzenden Gremien, Institutionen und Personen. Als eine grundlegende Aufgabe des „Nationalen Fachprogramms“ wird das Monitoring genannt, welches sich jedoch ausschließlich auf einheimische Rassen beschränkt.

Damit soll, aufbauend auf den allgemein genannten Zielen eines Monitorings, speziell der Bereich der tiergenetischen Ressourcen beleuchtet werden.

Es sollen jederzeit Aussagen über den Grad der Bestandsbedrohung der Nutztierassen in Deutschland gemacht werden. Die jährlich erfassten Bestandszahlen liefern hierfür die Datengrundlage. Über den Zeitraum von nunmehr fast zehn Jahren können mittlerweile Tendenzen über die Bestandsentwicklung erkannt werden, die es ermöglichen, rechtzeitig eine drohende Bestandsgefährdung zu erkennen und entsprechende Gegenmaßnahmen einzuleiten. Glücklicherweise - und vielleicht auch aufgrund der Tatsache, dass eine aktuelle Dokumentation das Interesse des Staates an seinen tiergenetischen Ressourcen dokumentiert - ist in den letzten 30 Jahren keine Nutztier-rasse mehr in Deutschland ausgestorben.

Wie schon erwähnt, ist das Monitoring als Ziel des „Nationalen Fachprogramms“ genannt. Unter dieser Aufgabenstellung werden nunmehr die in der TGRDEU dokumentierten Bestandszahlen einer erweiterten Form des Monitorings zur Verfügung gestellt.

Das „Nationale Fachprogramm“ berücksichtigt nunmehr nicht ausschließlich die Bestandsgrößen der einzelnen Rassen / Populationen, sondern bedient sich des populationsgenetischen Parameters der „effektiven Populationsgröße“ ( $N_e$ ). Mit der Berechnung dieses Parameters können, wenn auch nur annähernd, die realen Situationen in Nutztierpopulationen besser berücksichtigt werden. Insbesondere der verstärkte Zuchteinsatz speziell geprüfter und selektierter Vartiere begründet eine starke Selektionsintensität und dadurch begründet ein ungleichgewichtiges Geschlechterverhältnis und damit weiterhin eine verstärkte Weitergabe der Gene eines Einzeltieres, also auch eine Verdrängung vorhandener Vielfalt.

Mit der einfachen Formel (1) lässt sich die effektive Populationsgröße als Basisgröße ermitteln, wohlwissend, dass diese Berechnung nur in Ansätzen den tatsächlichen Zustand einer Population beschreiben kann, da wesentliche populationspezifische Gegebenheiten in dieser Formel nicht berücksichtigt werden können.

$$\text{Effektive Populationsgröße } (N_e) = \frac{4 \cdot m \cdot f}{(m+f)} \quad (1)$$

$m$  = Anzahl männlicher Zuchttiere,  $f$  = Anzahl weiblicher Zuchttiere

Dennoch ist diese Vorgehensweise im „Nationalen Fachprogramm“ vereinbart und verbindlich vorgegeben.

Um eine weiterführende Qualifizierung der Nutztierpopulationen vorzunehmen, sieht das „Nationale Fachprogramm“ die Kategorisierungen der Tabelle 1 vor. Das Kriterium zur Einstufung einer Rasse ist ausschließlich der ermittelte Wert der effektiven Populationsgröße.

**Tab. 1 Kategorien der Gefährdung basierend auf der effektiven Populationsgröße**

*Tab. 1 Categories of endangerment based on the effective population size*

Kategorie	ermittelter Wert der effektiven Populationsgröße (Basis TGRDEU)
phänotypische Erhaltungspopulation (PERH)	Ne < 50
ERH, Erhaltungspopulation (ERH)	Ne zwischen 50 und < 200
Beobachtungspopulation (BEO)	Ne zwischen 200 und 1000
nicht gefährdete Population (NG)	Ne > 1000

Die Feststellung des Gefährdungsstatus der einheimischen Nutztierassen auf dieser Basis und die Einstufung in die genannten Kategorien war eine der ersten Aktivitäten des „Fachbeirates Tiergenetische Ressourcen“. Die für die Berechnung der effektiven Populationsgröße notwendigen Daten wurden und werden weiterhin durch die in der TGRDEU dokumentierten Bestandszahlen geliefert. Im November 2003 konnte der „Fachbeirat Tiergenetische Ressourcen“ damit eine „Liste der Tiergenetischen Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft in Deutschland, das Verzeichnis einheimischer Nutztierassen mit Einstufung in Kategorien der Bestandsgefährdung“ verabschieden.

In Tabelle 2 findet sich eine aktuelle Übersicht, wie viele Rassen den jeweiligen Kategorien zugeordnet werden. Diese Zusammenstellung wird im Rahmen des Bestandsmonitorings regelmäßig überprüft und aktualisiert.

**Tab. 2 Gefährdungsstand der Nutztierassen in Deutschland**

*Tab. 2 Status of endangerment of breeds in Germany*

	einheimische Rassen	Erhaltungspopulationen (PERH / ERH)	Beobachtungspopulationen (BEO)	nicht gefährdete Populationen (NG)
Pferd	13	9	1	3
Rind	19	15	–	4
Schwein	5	3	–	2
Schaf	21	6	13	2
Ziege	5	3	–	2

## Populationsmonitoring

Als nächster Schritt ist eine Verfeinerung der Bestandsmonitorings hin zu einem Populationsmonitoring geplant. Dabei sollen weitergehende und aussagekräftigere Parameter für die zu betrachtenden Rassen/Populationen nunmehr allerdings auf der Basis der Einzeltierdaten der in den Herdbüchern registrierten Zuchttiere ermittelt werden.

Ein Beispiel dazu findet sich in der folgenden Auflistung:

- eindeutige Identifikation des Tieres, Geburtsdatum
- eindeutige Identifikation der Mutter des Tieres
- eindeutige Identifikation des Vaters des Tieres
- Rasse des Tieres
- Geschlecht des Tieres

Berechnung folgender tierindividueller Kenngrößen:

- Inzuchtkoeffizient (F) des Tieres
- Anzahl der Ahnen (Vaterseite, Mutterseite) und
- Ahnengenerationen des Tieres als Grundlage für die Berechnung des Inzuchtkoeffizienten
- Blutanteile des Tieres (% reine Rasse, % Fremdgenanteil, welche anderen Rassen)
- mittlere Verwandtschaft jedes einzelnen potentiellen noch verfügbaren Vartieres mit allen potentiellen noch verfügbaren Muttertieren

Berechnung folgender Parameter zur Bewertung der genetischen Diversität:

- Inzuchtentwicklung
- effektive Populationsgröße ( $N_e$ ) auf Basis des Inzuchtzuwachses über Generationen in einer Population
- effektive männliche Tiere ( $N_m$ ), effektive weibliche Tiere ( $N_w$ )
- Anzahl bekannter Gründertiere (weiblich, männlich) und deren mittlerer Genanteil in der aktuell lebenden Population
- Anzahl effektiver Gründertiere

Die Zuchtpopulationen der Rassen sind mit folgenden Angaben zu beschreiben:

- Populationsgröße (männliche und weibliche Zuchttiere)
- Anteil Tiere unter Leistungsprüfung
- Anzahl Tierhalter
- Anzahl Zuchtbetriebe (Herdbuchbetriebe)
- räumliche Verbreitung

Die Zuchtprogramme sind mit folgenden Angaben zu beschreiben:

- Anzahl und Benennung beteiligter Zuchtorganisationen
- Besamungszucht / Natursprung (Anteile)
- Prüfprogramm
- Selektionsmerkmale (Gewichtung)
- Selektionsintensität
- geschlossene Zuchtpopulation oder (dis)kontinuierlicher Import von Zuchtmaterial (Tiere, Sperma / welche Rassen bzw. Populationen)

Um die Einzeltierdaten der Herdbuchtiere zusammenzuführen, muss jedoch die Bereitschaft der Züchtervereinigungen für eine derartige Verwendung der Daten vorliegen. Verbindliche Absprachen und Regelungen mit und unter den Züchtervereinigungen müssen vereinbart und erarbeitet werden. Weiterhin muss eine technische Infrastruktur zur regelmäßigen Zusammenführung der Herdbuchdaten (Einzeltierdaten) entwickelt und installiert werden. Eine ebenfalls notwendige Konvertierung der unterschiedlichen Datenherkünfte in einen konsolidierten Datenbestand muss darüber hinaus gewährleistet sein.

Dabei bestehen inzwischen konkrete Vorstellungen und Planungen eines Populationsmonitorings für die Rassen der Tierarten Pferd, Rind, Schwein, Schaf und Ziege. Auf Basis der in TGRDEU gespeicherten Informationen über die in Deutschland gezüchteten Nutztierassen konnte bisher der Umfang eines künftigen Monitorings quantifiziert werden, sowie Vorbereitungen zur logischen und technischen Installation der Datenflüsse getroffen werden (siehe Abbildung 1).

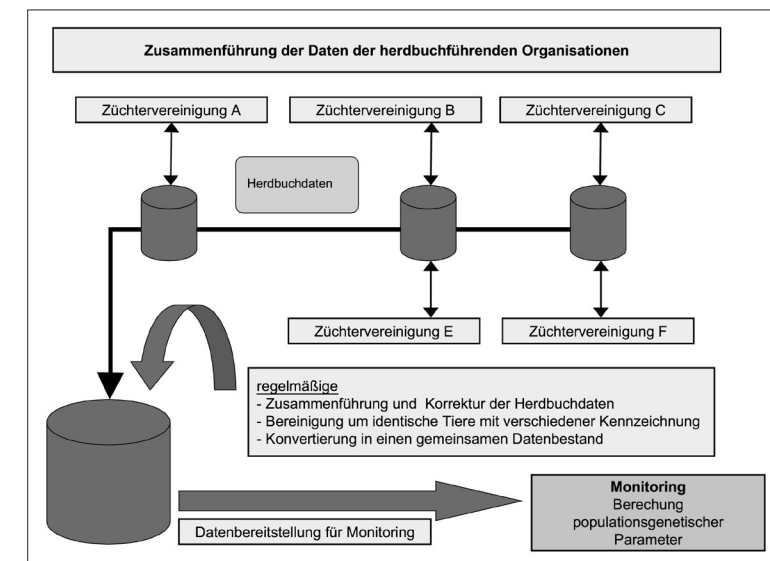


Abb. 1 Modell der Zusammenführung der Herdbuchdaten einheimischer Nutztierassen zur Durchführung eines Populationsmonitorings

Fig. 1 Process chart exemplifying the match of the herdbook data of several breeding organisations

Entsprechende Strukturen eines erweiterten Populationsmonitorings sollen in den nächsten Jahren erarbeitet, installiert und genutzt werden. Diese schaffen die Voraussetzungen für eine umfassende und objektive Berechnung und Beurteilung des populationsgenetischen Status der heimischen Nutztierassen. Die Ergebnisse des Monitorings liefern jederzeit eine aktuelle Daten-, Informations- und damit Entscheidungsgrundlage, die den Fachbeirat über potenzielle Gefährdungssituationen in Kenntnis setzt und Maßnahmen zur Unterstützung und zur nachhaltigen Sicherung und Erhaltung von Rassen initiieren kann.

## Literatur

BMELV (2003) Nationalen Fachprogramms zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung tiergenetischer Ressourcen, Publikation des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz, Bonn.

## Genetische Diversität bei Fischen in Meeren, Binnengewässern und Aquakultur

### *Fish genetic diversity in oceans, inland waters and aquaculture*

Jochen Trautner<sup>1</sup> und Andreas Müller-Belecke<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Bundesforschungsanstalt für Fischerei (BFAFi),  
Palmaille 9, 22767 Hamburg

<sup>2</sup> Institut für Binnenfischerei e.V. Potsdam-Sacrow,  
Im Königswald 2, 14469 Potsdam

## Zusammenfassung

Die genetische Diversität bei marinen Fischarten ist noch sehr wenig erforscht. Dies liegt u.a. an der enormen Ausdehnung des Lebensraums und den sich daraus ergebenden Schwierigkeiten für eine flächendeckende Probennahme. Für einige kommerziell wichtige Arten gibt es aber genetische Daten, die ausreichen sind, um beim Management dieser Arten berücksichtigt zu werden. Informationen über nicht befischte Arten gibt es so gut wie keine.

Ein genetisches Monitoring bei Meeresfischen ist nicht vorhanden, aber besonders bei stark befischten Arten wünschenswert. In Deutschland werden an der Bundesforschungsanstalt für Fischerei in Hamburg genetische Untersuchungen an Fischbeständen durchgeführt. Als Hauptgefährdungsursachen für die genetische Diversität bei marinen Fischarten gelten Umweltverschmutzung, die Zerstörung von Lebensräumen, der Klimawandel und die Fischerei. Die Überfischung einzelner Bestände und die selektive Fischerei beeinflussen die genetische Diversität nachhaltig. Gegenwärtig werden besonders diese Themen erforscht.