

Klimaänderung in Österreich

Herausforderung an
Forstgenetik und Waldbau

Beiträge zum Symposium an der
Forstlichen Bundesversuchsanstalt
Waldforschungszentrum
Wien, am 9. November 1994

Climatic Changes in Austria

*A Challenge to
Forest Genetics and Silviculture*

*Contributions to the Symposium
at the Federal Forest Research Centre,
Vienna, November 9, 1994*

TH. GEBUREK, F. MÜLLER & U. SCHULTZE (Hrsg.)

FDK 111.83:165:2:(436)



Das Lebensministerium

ISSN 1013-0713

Copyright 1994 by
Forstliche Bundesversuchsanstalt

Für den Inhalt Verantwortlich :
Direktor HR Dipl. Ing. Friedrich Ruhm

Redaktion:
Th. Geburek, F. Müller, U. Schultze

Herstellung und Druck :
Forstliche Bundesversuchsanstalt
Waldforschungszentrum
Seckendorff-Gudent-Weg 8
A-1131 Wien

Anschrift für Tauschverkehr :
Forstliche Bundesversuchsanstalt
Bibliothek
Seckendorff-Gudent-Weg 8
A-1131 Wien

Tel. + 43-1-878 38 216
Fax. + 43-1-877 59 07

Nachdruck mit Quellenangabe gestattet

2. Auflage, 1995

Vorwort

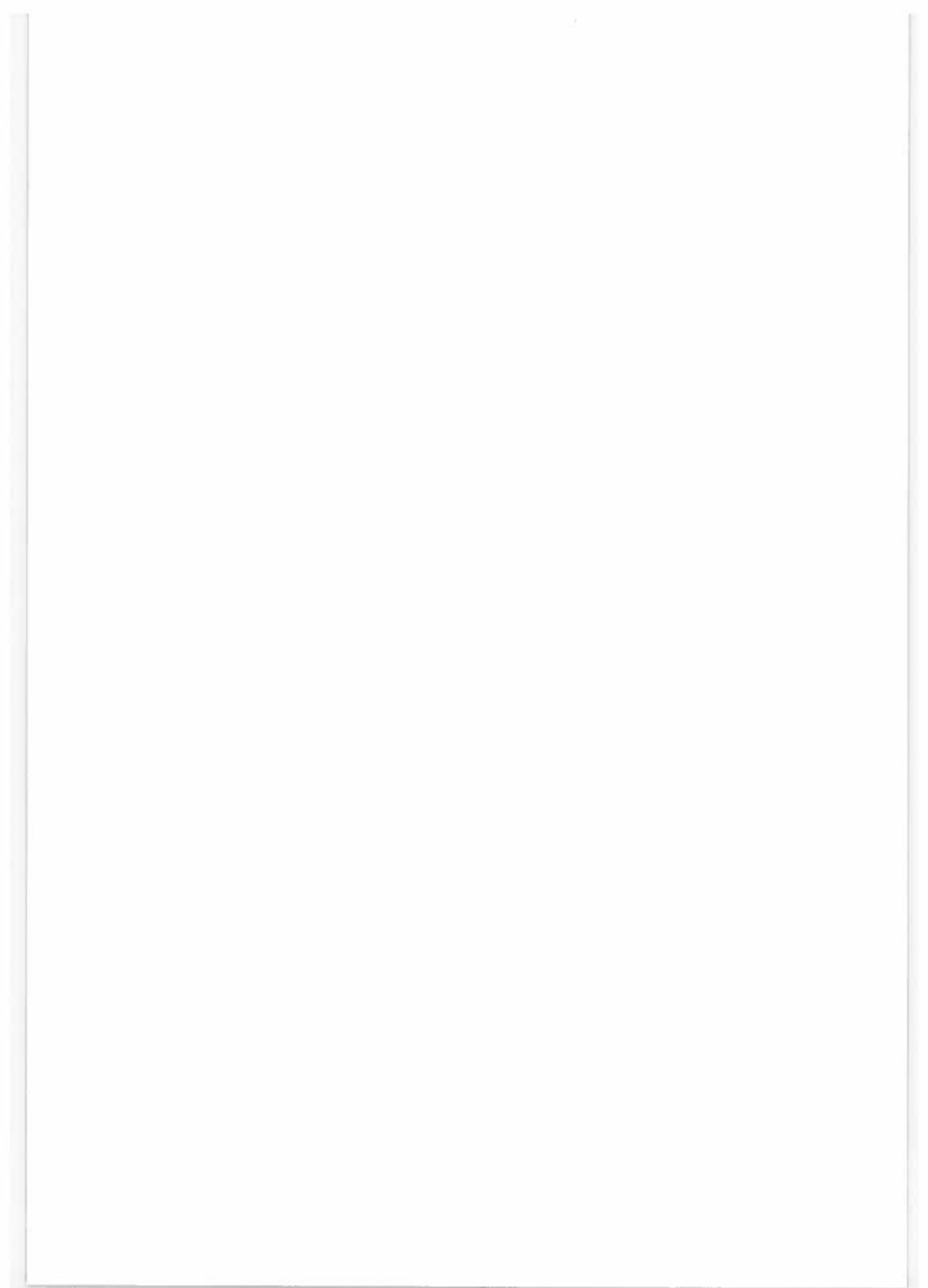
Bereits zum Ausgang des 19. Jahrhunderts wurden mögliche Einwirkungen erhöhter Kohlendioxidkonzentrationen in der Atmosphäre in Schweden und den Vereinigten Staaten von Amerika diskutiert. Eine globale Erwärmung war aber erst Mitte des 20. Jahrhunderts feststellbar. Weltweit war 1988 das wärmste Jahr seit Beginn der Klimaaufzeichnungen.

Wie sich in Österreich Klimaänderungen auswirken werden, wird von den Klimatologen noch kontrovers diskutiert. Sicher ist aber, daß sich die Umwelt über die natürlichen Schwankungen hinaus früher oder später verändern wird. Auch wenn diese Änderungen zur Zeit nur gering und vielleicht auch statistisch nicht immer gesichert sind, so wäre es ein Fehler, wenn nicht bereits heute über mögliche Konsequenzen für die Forstwirtschaft nachgedacht würde. Es muß Aufgabe eines Waldforschungszentrums sein, bereits vor dem Eintreten gravierender Klimaänderungen mögliche Auswirkungen auf das Ökosystem Wald abzuschätzen und mögliche Gegenmaßnahmen zu erörtern.

Aufgrund der in Österreich typischen vielfältigen Standorte, der unterschiedlichen Waldgesellschaften und kleinräumig nur sehr schwer prognostizierbaren Umweltveränderungen kann nur ein ökologisch ausgerichteter Waldbau, welcher auch auf genetischen Grundlagen basiert, zu anpassungsfähigen Beständen führen. Genetische Einengungen von Beständen durch forstwirtschaftliche Maßnahmen sind zu unterbinden, da eine hohe genetische Diversität eine notwendige Bedingung der Anpassungsfähigkeit darstellt. Forstgenetisches und waldbauliches Fachwissen müssen daher in höherem Maße als bisher im Forstbetrieb bei der Waldbewirtschaftung zum Wohle der Allgemeinheit angewendet werden.

Ziel des FBVA-Symposiums "Klimänderung in Österreich - Herausforderung an Forstgenetik und Waldbau" war es, mögliche Maßnahmen angesichts des Menetekels Klimawandel einer breiten Zuhörerschaft aus forstlicher Praxis, Forstwissenschaft und Naturschutz zu präsentieren. Es sollte ein Forum angeregt werden, um künftigen Umweltveränderungen, wie immer sie auch in Österreich aussehen werden, nicht unvorbereitet gegenüber zu stehen.

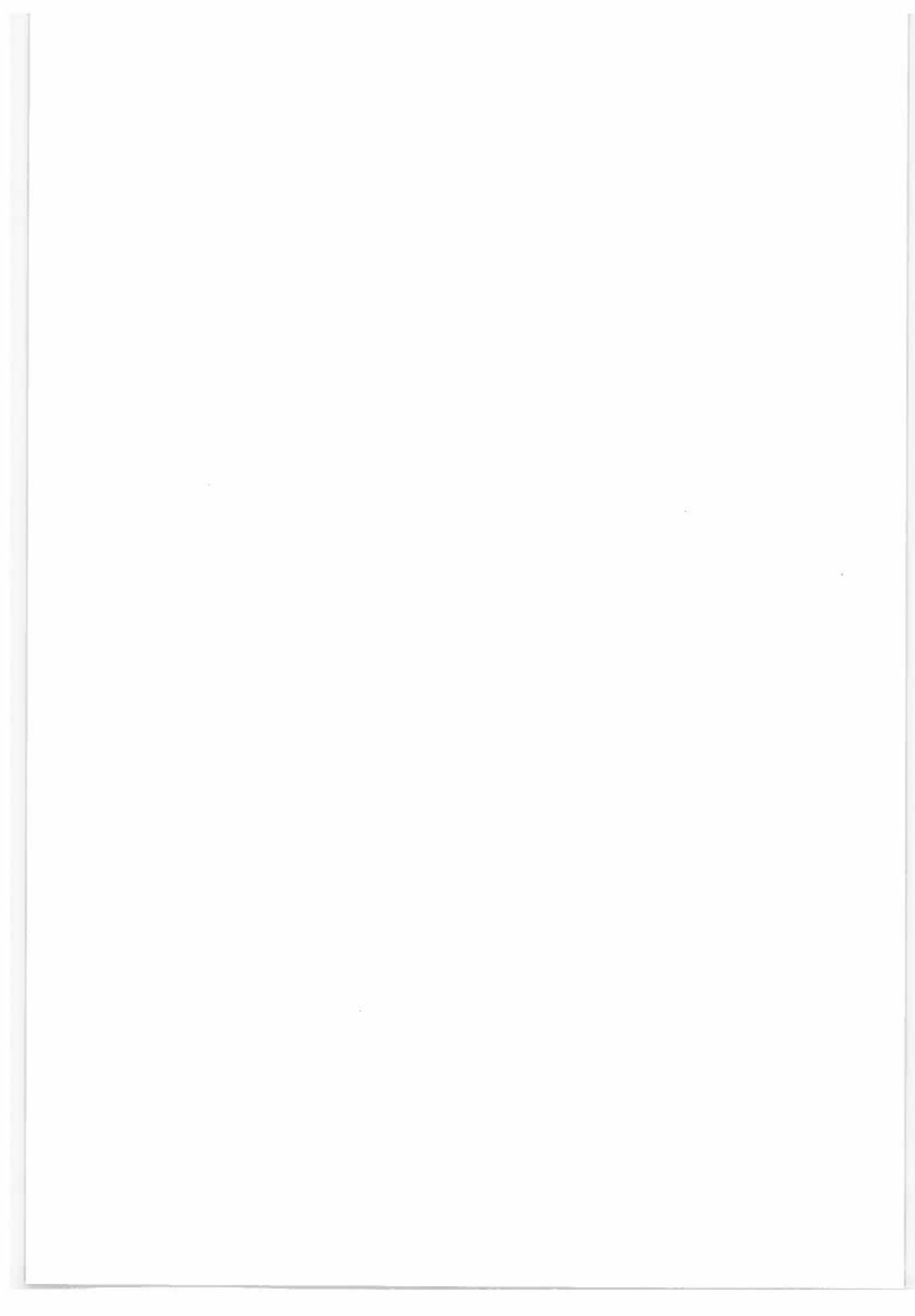
Direktor HR Dipl.-Ing. Friedrich Ruhm



Inhaltsverzeichnis

Contents

HAGER, H. Mögliche Einwirkungen von Klimaänderungen auf forstliche Ökosysteme <i>Possible Influences of Climatic Changes upon Forest Ecosystems</i>	7
GEBUREK, TH. Genetische Strategien für das forstwirtschaftliche Handeln angesichts klimatischer Änderungen <i>Genetic Strategies for Forest Management in the View of Climate Change</i>	19
SCHULTZE, U. Klimaänderung - neue Kriterien für Herkunftsempfehlungen <i>Climatic Change - New Criteria for Provenance Recommendations</i>	37
HEINZE, B. Genetische Marker zur Beurteilung der genetischen Variation von Waldbäumen <i>Genetic Markers to Assess Genetic Variation in Forest Tree Species</i>	49
MÜLLER, F. Müssen wir waldbauliche Konzepte ändern? <i>Should we Change Silvicultural Concepts?</i>	67
FRANK, G. Naturschutz und Waldbau - Ein Widerspruch? <i>Protection of Nature and Silviculture - a Contradiction?</i>	77
GEBUREK, TH. Kriterien zur Erhaltung forstlicher Genressourcen <i>Criteria to preserve forest gene resources</i>	85
LITSCHAUER, R. Maßnahmen der Gen-Erhaltung in Österreich <i>Measures for Gene-Conservation in Austria</i>	97
GEBUREK, TH., HEINZE, B. & SCHULTZE, U. Kleines forstgenetisches Glossarium <i>Small Glossary of Forest Genetics</i>	109



Mögliche Einwirkungen von Klimaänderungen auf forstliche Ökosysteme

H. HAGER

Institut für Waldökologie, Universität für Bodenkultur

Kurzfassung

Klimaänderungen zeigen sich gegenwärtig an mitteleuropäischen Standorten als noch nicht signifikante Trends. Bei den Mitteltemperaturen ist ein Anstiegstrend an nahezu allen Stationen zu beobachten. Beim Niederschlag ist der Trend uneinheitlich. Der Westen und Süden, die meeresnäheren Standorte sind feuchter geworden bzw. zeigen kaum einen Niederschlagsrückgang, während mit Fortschritt gegen kontinentälere Lagen ein Rückgang der Niederschläge auftritt. Treibhausgase vor allem CO₂ sind in der Atmosphäre signifikant angestiegen. Modellprognosen und auch Beobachtungen an Waldökosystemen lassen starke Arealveränderungen der Baumarten, und eine ganze Reihe von Destabilisierungen, wie z.B. erhöhte Mortalität, durch Trockenstreß, Feuer, Stürme erwarten. Daneben treten aber durch erhöhte CO₂-Konzentrationen, eine Reihe von positiven Effekten wie erhöhte Primärproduktion, verbesserte Wasser- und Nährstoffausnutzung auf.

Stichworte: Klimaänderung, Treibhausgase, Waldökosystemdynamik, Baumartenmigration, Wasser- und Nährstoffausnutzung, CO₂-Anreicherung.

Abstract

Possible influences of climatic changes upon forest ecosystems

Non significant trends of climatic changes are presently becoming manifest for Central European sites. A consistent increasing trend can be observed for average annual temperatures at nearly all monitoring stations. With respect to precipitation, the trend is rather non uniform. In western and southern regions as well as at sites that are in proximity to the sea, precipitation has increased or at least has not diminishing, whereas total annual precipitation in regions under more continental influence is decreasing. Greenhouse gases, especially CO₂ have significantly accumulated in the atmosphere. Based on model forecasts and also experimental investigations in forest ecosystems, distinct changes of the range of tree species and also strong destabilizing influences upon ecosystems can be expected, such as increased mortality caused by drought stress, forest fires, and storms. Besides those negative impacts, high CO₂-concentrations can also cause positive effects, for instance, enhanced primary production, and enhanced water- and nutrient-use-efficiencies.

Key words: climate change, greenhouse gases, forest ecosystems dynamics, tree species migration, water- and nutrient-use-efficiency, CO₂-enrichment.

1. Einleitung

Die Begriffe "Klimaänderung", "Climatic Change" oder "Global Change" sind in den Geowissenschaften oder der Ökologie zur Zeit allgegenwärtige Schlagworte, man könnte auch sagen, es sind Modewörter geworden. Führt man in den, für diese Wissenschaftsdisziplinen einschlägigen, Literaturdatenbanken über die letzten Jahre mit obigen Stichworten einen Literatursuchlauf durch, so bekommt man pro Jahr mehrere tausend Literaturzitate zu diesen Themen ausgeworfen. Alles dreht sich um dieses Thema, und Regierungen wie auch NGO's sind eifrig dabei, Forschungsschwerpunkte zu präzisieren oder Arbeitsgruppen für diese Schwerpunkte einzusetzen. Auch in der IUFRO wurde erst kürzlich eine derartige Arbeitsgruppe ins Leben gerufen. Bei der Umsetzung und Popularisierung derartiger Forschungsschwerpunkte besteht dann im weiteren, wie es schon zum Beispiel beim vorangegangenen "Waldsterben" und den "neuartigen Waldschäden" der Fall war, die Tendenz, daß wenig reflektierte Weltuntergangsszenarien veröffentlicht werden und daß im speziellen Fall aus einem heißen, trockenen Sommer bereits die Klimakatastrophe abgeleitet wird.

Bei einer ernsthaften, wissenschaftlichen Behandlung des Themas erscheint es vorerst angebracht, für klare Begriffsdefinitionen zu sorgen, um auch festzustellen, wann es gerechtfertigt ist, von Klimaänderungen zu sprechen. Definiert man Klima als den zeitlichen Mittelwert oder mittleren Zustand von Kenngrößen der Atmosphäre, wie z.B. Lufttemperatur, Sonnenstrahlung, Windgeschwindigkeit, Luftdruck u.a., an einem bestimmten Ort, so stellt man sofort fest, daß diese Kenngrößen einer ständigen Veränderung im zeitlichen Ablauf unterliegen. Es kommt z.B. nicht sehr häufig vor, daß das Jännermittel der Lufttemperatur an einem Ort im Jahr X mit demselben Monatsmittel des Jahres Y übereinstimmt. Abweichung und Variabilität von Klimaelementen sind die Regel und nicht die Ausnahme. Es ist daher eine Frage der zeitlichen Skala wie auch der Größe und

Richtung der Abweichung, wann man von Klimaänderung und wann von Klimavariabilität oder von Klimaschwankung sprechen kann. WAGNER (1940) verweist schon auf die Ausführungen von J. von Hann und postuliert den folgenden Unterschied zwischen Klimaänderungen und Klimaschwankungen. "Als Klimaänderungen werden Änderungen bezeichnet, die im gleichen Sinn seit Beginn der Zeit, aus welcher Nachrichten oder sonstige Feststellungen (zu Klimaelementen) vorliegen, bis in die Gegenwart fortschreiten. Von Klimaschwankungen wird gesprochen, wenn einsinnige Abweichungen von einem Mittelwert nur eine gewisse Zeit andauern, um dann wieder von entgegengesetzten Abweichungen abgelöst zu werden." (Zitat nach WAGNER 1940). Bei weiterer Analyse stellt jedoch Wagner fest, daß keine scharfen Grenzen zwischen Klimaschwankungen und Klimaänderungen zu ziehen sind, und die für die Betrachtung vorgegebene Zeitskala eine überragende Rolle spielt, ob der eine oder andere Begriff anzuwenden ist. Bei Anwendung geologischer Zeitskalen kann sehr schnell aus einer aus der Sicht des Menschen sich ergebenden Klimaänderung eine Klimaschwankung werden. Aus pragmatischen Gründen sei daher für die Ansprache einer Klimaänderung eine Zeitskala postuliert, die länger ist als die Zeitskala, die für die Definition und Beschreibung des Klimas eines Ortes herangezogen wird, d.h. zumindest länger als ein Dezennium ist, und die sich an historischen Zeiträumen orientiert (Barron 1992). Eine gleichsinnige Abweichung von den klimatischen Mittelwerten eines Ortes, die sich zumindest über mehrere Jahrzehnte fortsetzt, könnte somit als Klimaänderung angesprochen werden.

2. Klimaänderungen und deren Ursachen

Durch die Analyse von Zeitreihen von Klimaelementen bzw. auch von rekonstruierten Zeitreihen, wie sie z.B. aus der Analyse von Isotopenverhältnissen von arktischen Eisbohrkernen ableitbar sind, lassen sich dann entweder bereits ablaufende Klimaänderungen identifizieren oder für die Zukunft extrapolieren. Eine andere Methode stellt die Anwendung von komplexen Klimamodellen dar, mit denen versucht wird, den Zusammenhang zwischen Ursachenkomplexen und Folgewirkungen in derartigen Modellen abzubilden. Beide Methoden zur Identifikation von möglichen Klimaänderungen haben ihre Vor- und Nachteile, die zum einen in der Verlässlichkeit der Feststellung einer Klimaänderung, zum anderen im

Zeitpunkt des Nachweises einer Änderung liegen. Die Analyse von Zeitreihen gibt zwar verlässlichere Aussagen zur Klimaänderung, aber der Nachweis ist erst relativ spät im Ablauf möglich, während bei der Anwendung von Klimamodellen, hauptsächlich handelt es sich hier um "general circulation models" (GCM), die Unsicherheiten meist bei den Modellaussagen liegen, da immer wieder Zweifel an der Abbildung einzelner Teilprozesse im Modell angebracht erscheinen.

2.1 Welche Klimaparameter ändern sich ?

Ändert sich der Energiehaushalt der Erde, bzw. von Teilen derselben, so ändert sich eine Vielzahl von Klimaparametern bis hin zu Parametern des chemischen Klimas. Der augenscheinlichste Parameter, der Ausdruck einer Veränderung des Energiehaushaltes ist, ist dabei die Lufttemperatur. Aber auch Boden- und Wasseroberflächentemperaturen sind aufgrund ihrer Koppelung an die Atmosphäre davon betroffen. Niederschlagsmengen, Niederschlagsverteilung, Art und Dauer der Niederschläge (Schnee oder Regen etc.) bis hin zu den Niederschlagsintensitäten können sich verändern, da sich durch die Temperatur und Luftdruckverhältnisse auch die atmosphärischen Zirkulationsverhältnisse ändern (z.B. WINSTANLEY 1973). Die Lufttemperatur stellt weiters eine wichtige Steuergröße für Verdunstung, Wasserdampffluß in die Atmosphäre, und in der Folge für die Bewölkung und die Modifikation der Strahlungsströme dar. Auch die Rückwirkung auf die Biosphäre kann zur erhöhten oder verminderten Freisetzung von metabolischen Chemikalien führen und wiederum das chemische Klima der Erdatmosphäre und auch das Strahlungsklima verändern. Bei Betrachtung dieser starken Wechselwirkungen und Rückkopplungen könnte man sehr leicht zur Annahme kommen, daß das Klima bei kleinen Veränderungen sich bereits zum Chaos hinbewegen muß. Die Rückkopplungen und auch das Vorhandensein von trägen Puffersystemen, wie es z.B. die Weltmeere sind, geben dem System Stabilität und Resilienz.

2.2 Mögliche Ursachen für Klimaänderungen

Nach dem oben gesagten läßt sich schnell folgern, daß alle Einflüsse, die auf den Energiehaushalt der Erde oder von Teilen derselben wirken, in der Lage sind, Klimaänderungen zu verursachen. AKIN (1991) benennt dazu fünf Ursachengruppen, die mit unter-

schiedlicher Frequenz oder auch nach dem Zufallsprinzip Änderungen auslösen können.

- Veränderung des solaren Strahlungsstromes, die sich aus Sonnenfleckenaktivität oder veränderter Strahlungsqualität ergeben können.
- Faktoren der galaktischen Rotation des Sonnensystems, wie z.B. Durchgang durch interstellare Staubwolken oder die galaktische Umlaufzeit.
- Veränderungen, die auf die Eigenarten der Erdumlaufbahn und der Stellung der Erdachse zurückzuführen sind. Hierher gehören die von MILANKOVITCH (1930) formulierten Ursachenhypothesen für die Erklärung der eiszeitlichen Klimaänderungen.
- Veränderungen in der Zusammensetzung der Erdatmosphäre. Das Spektrum dieser Veränderungen reicht vom Vulkanausstoß, bis zu vom Menschen, Tieren oder auch von anderen Prozessen freigesetzten Aerosolen und Treibhausgasen.
- Veränderungen an der Oberfläche der Erde, ihrem Bewuchs oder ihrer Topographie. Hier finden die über geologische Zeiträume unterschiedlichen Verteilungen von Land und Meer, Veränderungen der Topographie aufgrund von Gebirgsauffaltung oder von Erosion, ebenso Eingang, wie z.B. relativ kurzlebige Effekte wie Urbanisierung, Vegetationsände-

rung, Schnee- und Eisbedeckung oder das Auftreten des El Nino-Phänomens im äquatorialen Westpazifik.

Wie weit diese Veränderungen oder Faktoren in der Lage sind, Klimaänderungen von kürzerer oder längerer Dauer zu verursachen, läßt sich an zahlreichen Fallbeispielen nachweisen. Diese reichen vom Jahr ohne Sommer (1816) nach dem Ausbruch des Vulkans Tambora bis zu den städtischen Wärmeinseln als Folge der Urbanisierung.

2.3 Gibt es gegenwärtig eine Klimaänderung?

Betrachtet man heute Zeitreihen oder rekonstruierte längere Zeitreihen der Lufttemperatur, so zeigen sich immer wieder beachtliche Temperaturschwankungen, aber vor allem in jüngster Zeit sind einsinnige Erwärmungstrends für die Global- oder Hemisphärenmitteltemperatur zu beobachten (TOL 1994, TOL & VOS 1993, JONES & WIGLEY 1992, FOLLAND ET AL. 1990). Abb. 1 zeigt als Beispiel die Abweichung der Temperaturmittel der Nordhemisphäre für die Periode 1854 bis 1990 gegenüber dem Periodenmittel von 1950 bis 1979 mit und ohne ENSO-Einfluß

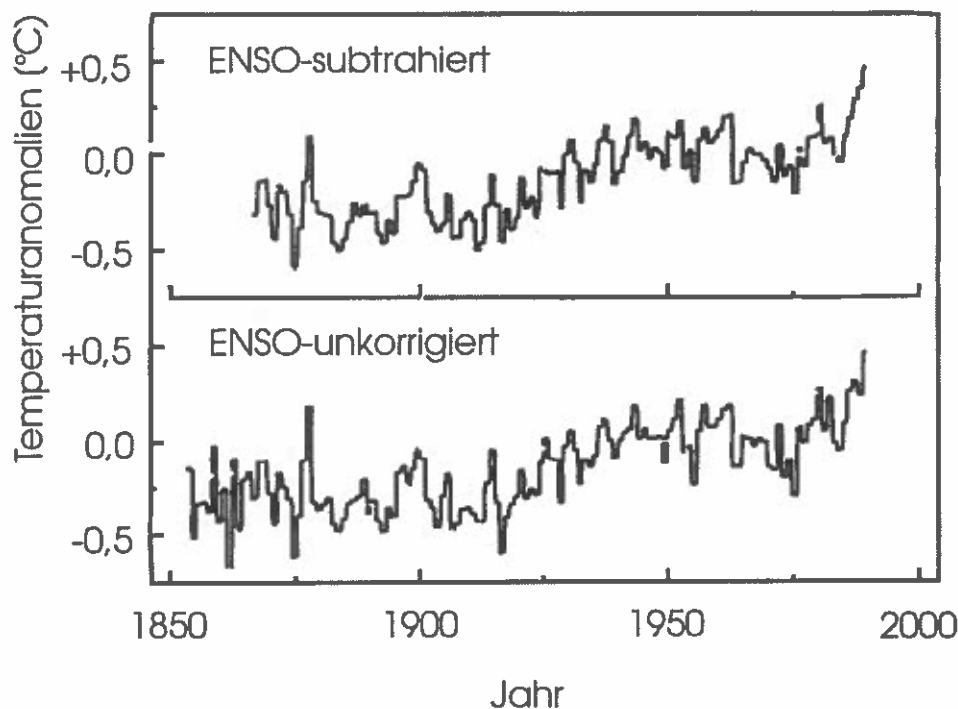


Abb. 1: Trend der Temperaturanomalien für die Nordhemisphäre zwischen 1854 und 1990, mit und ohne ENSO-Einfluß (nach Jones & Wigley, 1992)

(ENSO = El Nino-Southern Oscillation), dabei ist der Erwärmungstrend der letzten Hälfte der letzten Dekade sehr auffällig (JONES & WIGLEY 1992). Im Mittel über eine Vielzahl von Meßstationen sind also für die Hemisphäre eindeutige Trends einer Erwärmung zu beobachten. Es ist aber in der Folge nicht angebracht, daraus den Schluß zu ziehen, daß dieser Klimaänderungstrend gleichsinnig über die ganze Hemisphäre zu beobachten ist. Spätestens bei der Analyse regionaler Zeitreihen ist festzustellen, daß andere Trends auftreten, die sich aus dem vorherrschenden atmosphärischen Zirkulationsmuster, der Lage der wetterwirksamen Aktionszentren bzw. Lage und Ausformung der Frontensysteme ergeben. So ist z.B. wenn in NW-Europa die Sommertemperaturen wärmer als normal sind, zu beobachten, daß im westlichen Mittelmeer und über dem europäischen Teil Rußlands die Temperaturen im Mittel kühler sind (FORD 1982). Ebenso sind zum Beispiel bei Sommerdürre in NW-Europa die Frühjahrs- und Sommerniederschläge im mediterranen Raum höher als im langjährigen Mittel (FORD 1982). Ähnliche Verknüpfungen haben auch CHEN & KUO (1994) für die Entstehung bzw. die Anzahl von Zyklonen über dem nördlichen Ostasien und dem NW-Pazifik beschrieben. In Jahren mit einer positiven Überschreitung der Nordhemisphären-Mitteltemperatur war eine Zunahme von kräftigen Tiefdruckgebieten über dem NW-Pazifik und eine Abnahme über dem Kontinent zu beobachten, in der Folge stieg auch der Dürreindex über Nordchina an.

2.4 Klimaänderungen in Mitteleuropa

Auch für Mitteleuropa und den östlichen Mittelmeerraum sind derartige, gegenläufige Trends für die Jahresniederschläge festzustellen (BEN-GAI ET AL. 1994, HAGER ET AL. 1994, GAJIC-CAPKA 1993). Während im kontinentalen Bereich Mitteleuropas in den letzten Dekaden die Jahresniederschläge abgenommen haben, sind sie im östlichen, mediterranen Bereich angestiegen.

Bei Analyse von Temperaturzeitreihen für österreichische und mitteleuropäische Stationen zeigt sich, daß die geglätteten Jahresmitteltemperaturen der letzten Dekaden über dem langjährigen Mittel liegen (BÖHM 1991), jedoch bewegen sich die Abweichungen noch im statistisch nicht signifikant unterschiedlichen Schwankungsbereich der Meßreihen. Diese Ergebnis-

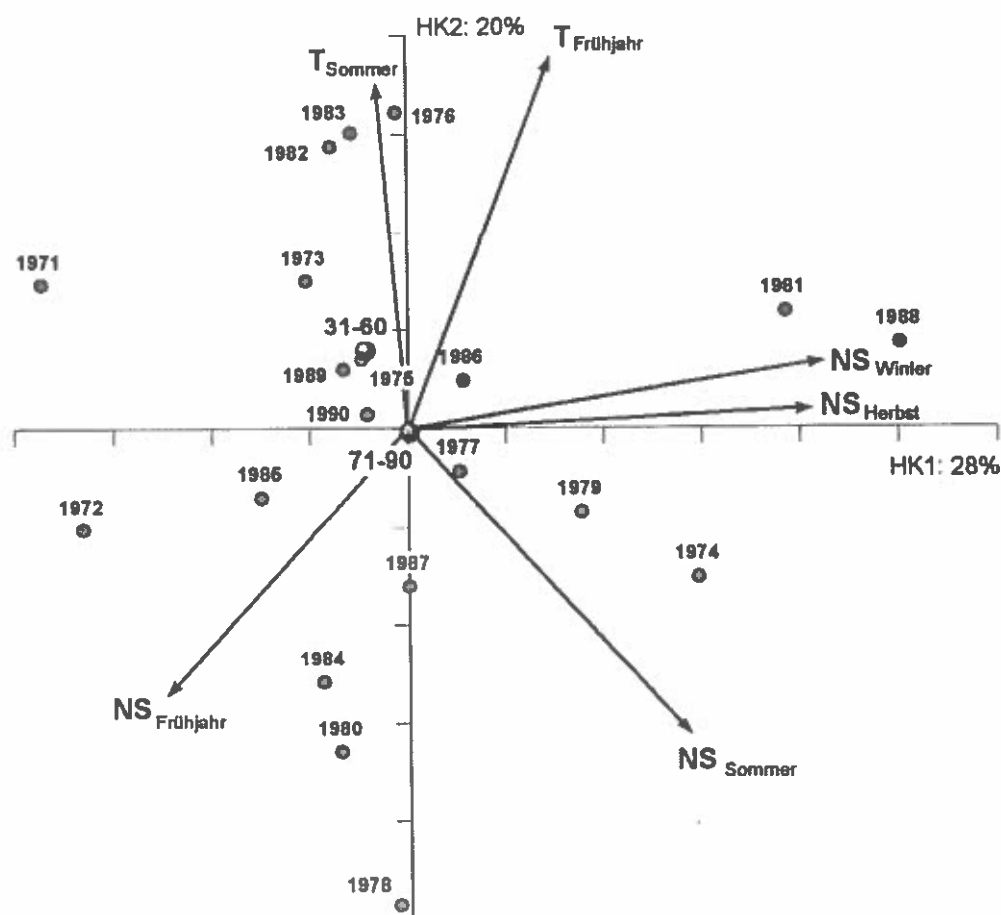
se werden auch von COOPS (1992) für einen größeren europäischen Datensatz bestätigt.

Bei den Niederschlagszeitreihen zeigt sich ein regional nicht einheitlicher Trend, wobei im Westen teilweise ein steigender Trend seit dem Beginn des 20. Jahrhunderts zu beobachten ist, während im kontinentalen Osten seit etwa 1940 ein fallender Trend zu beobachten ist (AUER ET AL. 1992, AUER 1991). Auch GAJIC-CAPKA (1993) stellt für Kroatien bei zunehmender Kontinentalität der Meßorte einen signifikant werdenden Trend zur Abnahme Jahresniederschläge fest. Diese Beobachtungen werden auch in einer statistischen Hauptkomponentenanalyse für Niederschlags- und Temperaturdaten der Jahre 1971 bis 1990 für die Stationen Metten in Bayern (Abb. 2a) und Győr in Ungarn (Abb. 2b) bestätigt (HAGER ET AL. 1994). Für Metten ist für die Periode 1971-1990 gegenüber der Periode 1931-1960 eine eindeutige Zunahme der Niederschläge zu beobachten, während in Győr konsistente Abnahmen auftreten.

Für die Summe der Neuschneehöhen und auch für die Schneedeckendauer zeigen sich bei der Analyse von 17 Stationszeitreihen über eine 90-jährige Periode keine statistisch auffälligen Trends (AUER ET AL. 1992).

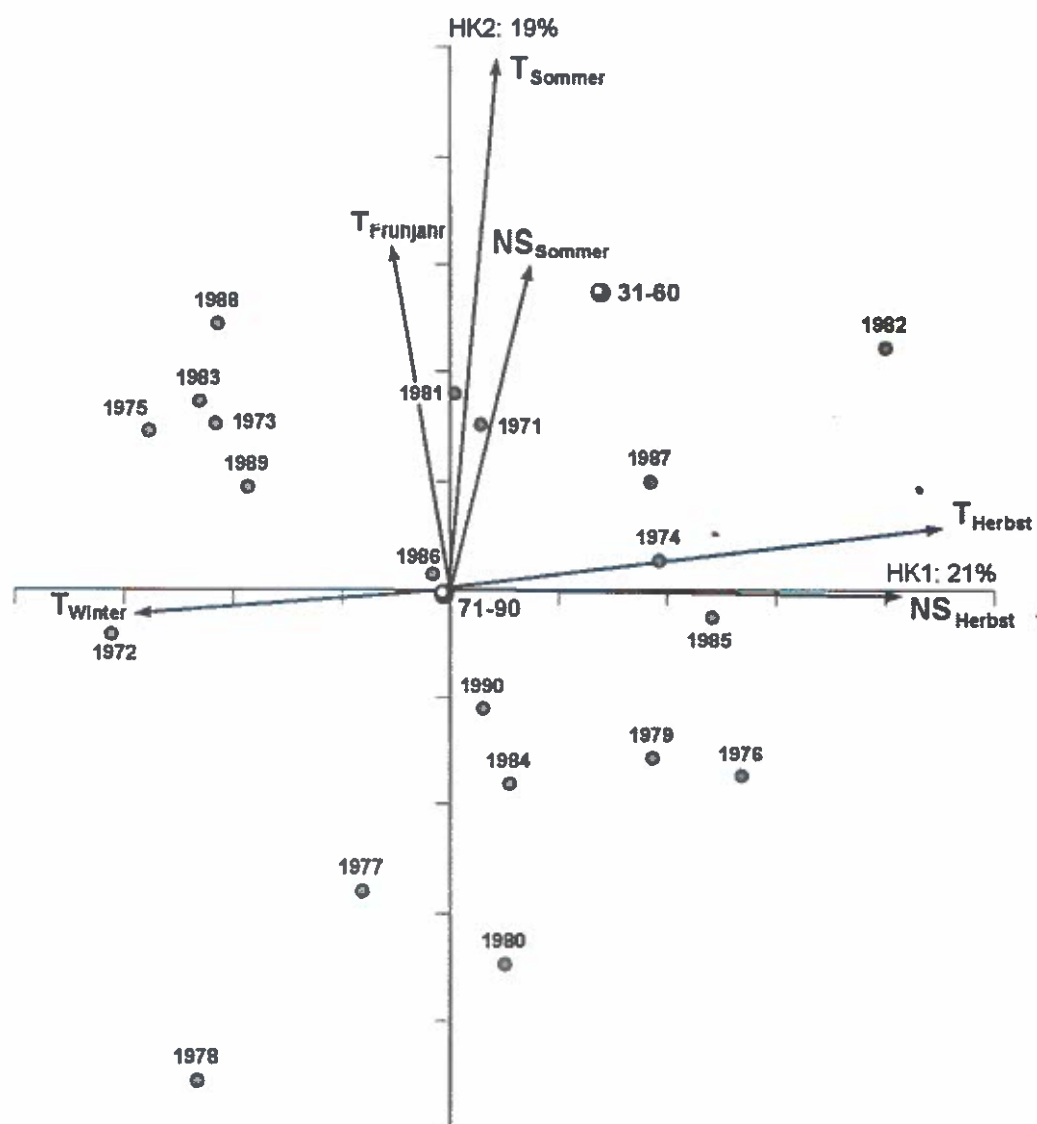
Zusammenfassend kann man für österreichische und mitteleuropäische Meßreihen Erwärmungstrends bei den Lufttemperaturen, Abnahmetrends bei den Niederschlägen, vor allem im kontinentalen Osten, feststellen. Diese sind aber gegenwärtig statistisch noch nicht als signifikant absicherbar. Es ist dabei aber zu bedenken, daß, wenn Trends aus Zeitreihen absicherbar werden, es für Aktionsprogramme und Maßnahmen gegen die anthropogenen Klimaänderungen zu spät sein kann.

Diese Vermutung wird nämlich sehr deutlich durch KARL ET AL. (1991) bestätigt. Bei einer Gegenüberstellung von Klimamodellen mit Meßreihen für Temperaturen und Niederschlag in den USA zeigten sich konsistente Trends einer Temperaturzunahme und einer Niederschlagsabnahme, die jedoch statistisch nicht signifikant waren. Es mußte aber festgestellt werden, daß unter der Annahme, daß die Modelle richtige Ergebnisse liefern, für das Feststellen statistisch signifikanter Veränderungen bei den Temperaturen noch 10 bis 20 Jahre ablaufen müssen, während für den Nachweis von signifikanten Niederschlagsveränderungen mindestens 40 Jahre von Nöten sind.



Name	Periode	Niederschlag [mm]				Temperatur [°C]			
		Winter	Frühj.	Sommer	Herbst	Winter	Frühj.	Sommer	Herbst
Metten	31-60	205	222	266	201	-0,4	12,3	15,7	3,4
Metten	71-90	217	238	271	240	0,3	11,9	15,6	3,4
Metten	Diff.	12	16	5	38	0,6	-0,3	-0,2	0,1
Metten	Diff. [%]	6	7	2	19				

Abb. 2a: Hauptkomponentenanalyse für Niederschlags- und Temperaturwerte der Periode 1971 bis 1990 für die Station Metten in Bayern



Name	Periode	Niederschlag [mm]				Temperatur [°C]			
		Winter	Frühj.	Sommer	Herbst	Winter	Frühj.	Sommer	Herbst
Győr	31-60	116	179	175	158	1,4	15,6	19,4	5,7
Győr	71-90	91	152	152	115	2,1	14,6	18,4	5,3
Győr	Diff.	-25	-27	-23	-43	0,7	-1,0	-1,1	-0,4
Győr	Diff. [%]	-22	-15	-13	-27				

Abb.2b: Hauptkomponentenanalyse für Niederschlags- und Temperaturwerte der Periode 1971 bis 1990 für die Station Győr in Ungarn

2.5 Chemische Änderung der Atmosphäre

Im Zuge obiger Ausführungen waren zwar in vielen Fällen eindeutige Trends für eine Änderung der physikalischen Klimaparameter zu beobachten, viel eindeutiger und statistisch absicherbar sind jedoch die Änderungen von chemischen Klimaparametern. Dies zeigt sich vor allem bei den atmosphärischen Spurengasen bzw. Treibhausgasen, die durchwegs einen signifikanten Anstieg aufweisen. (BODEN ET AL. 1992, KEELING & WHORF 1992). Am augenfälligsten sind dabei die Anstiege der Gehalte von halogenierten Kohlenwasserstoffen, Methan und vor allem Kohlendioxyd. Der Ver-

änderung der Kohlendioxydkonzentration im Laufe der letzten 160.000 Jahre ist Abb. 3 nach KEELING & WHORF (1992) zu entnehmen. Kohlendioxyd ist dabei eine in doppelter Hinsicht wichtige Gaskomponente, die sowohl biologisch als auch klimatisch wirksam ist. Ein bei allen Klimaänderungsüberlegungen sehr häufig vernachlässigter Gasbestandteil ist auch der Wasserdampf in der bodennahen Atmosphäre. Vor allem im Fall von Oberflächentemperaturerhöhungen, die lokal an den Weltmeeren zu beobachten sind, kann es zu stark gesteigerten Wasserdampfpartialdrücken und in der Folge zu einer "Supertreibhauswirkung" kommen (LUBIN 1994).

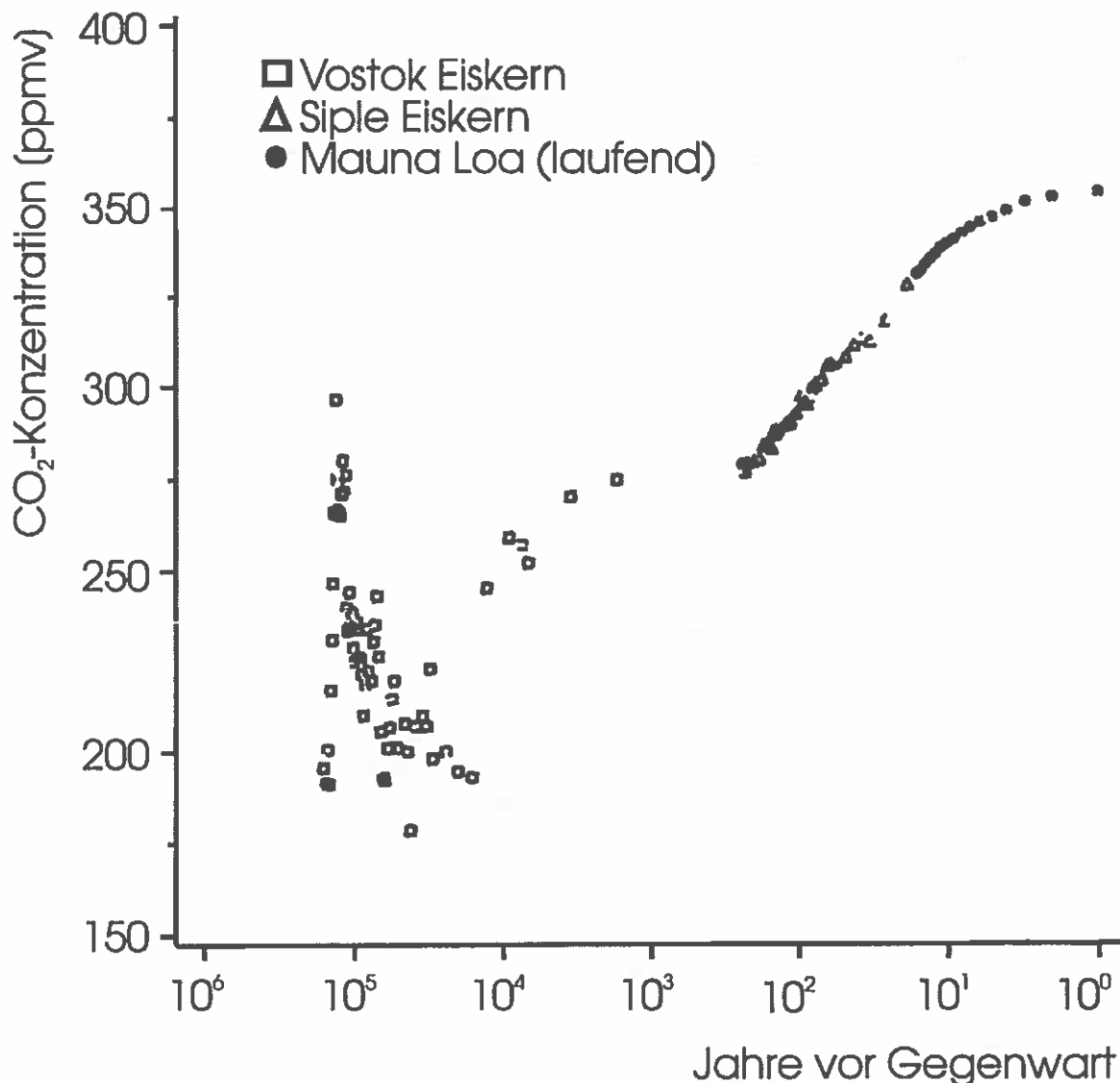


Abb. 3: Mittlere jährliche CO₂-Konzentration in der Atmosphäre für die vergangenen 160.000 Jahre (abgeleitet aus den Messungen am Mauna Loa, sowie an den Vostok und Siple Eisbohrkernen; (nach Keeling & Whorf, 1992)

3. Klimaänderungen und forstliche Ökosysteme

Wenn sich Klimaparameter als Teil der physikalischen und chemischen Umwelt ändern, dann hat dies auch Konsequenz für die Waldökosysteme. Veränderungen der Waldökosysteme als Folge von Klimaänderungen zu erkennen, wird noch um vieles komplexer und schwieriger, da auch bei relativ stabilen zonalen Klimabedingungen die Systeme eine zeitliche Veränderung aufweisen, die andere dynamische Signale maskieren kann. Trotzdem gibt es reichliches Wissen und Erkenntnisse, die aus der Walddynamik nach den letzten Eiszeiten abgeleitet wurden. Ebenso tragen viele Forschungsergebnisse, die an den Wäldern der klimatischen Waldgrenzen erarbeitet wurden, zum verbesserten Wissensstand bei. Last not least werden auch durch konzeptuelle Ökosystemmodelle Möglichkeiten eröffnet, die Auswirkungen von Klimaänderungen auf dem Ökosystemniveau bzw. in Systemkompartimenten realistisch darzustellen. Durch die oben aufgezeigten Klimatrends bzw. auch die signifikanten Änderungen von chemischen Klimaparametern ergeben sich Veränderungen sowohl auf dem Ökosystemniveau, als auch auf dem Individualniveau, bei letzterem sowohl in autökologischen wie auch synökologischen Domänen.

3.1 Änderungen auf dem Ökosystemniveau

Die möglichen Veränderungen sind hier äußerst zahlreich. Eine Anführung von Forschungsergebnissen kann daher nur generalisierend bzw. beispielhaft erfolgen. LAYSER (1980) führt z.B. an, daß Waldökosysteme der Grenzlagen, Systeme mit isoliertem Areal, Systeme mit eingegrenzter genetischer Diversität, stark spezialisierte Arten, selten fruchtende Arten, montane und alpine Arten, sowie Ufer- und Küstenwaldsysteme von einer globalen Erwärmung am stärksten betroffen sein werden. An den thermischen Waldgrenzen soll es in der Folge zu Arealausweitungen kommen, während an der hygrischen Waldgrenze Areal eingebüßt werden kann (OZENDA 1989, AMBROSE & SIKES 1991). Wobei, wie KRAUCHI (1993) argumentiert, an der hygrischen Waldgrenze Arealverluste kleiner ausfallen könnten, da bei gesteigertem CO₂-Gehalt der Atmosphäre, synergistisch die Water-use-efficiency und die Dürresistenz der Bäume gesteigert wird. OZENDA (1989) zeigt in seinen Modellen auf, daß bei einem Anstieg der Jahresmitteltemperatur um 1° C sich eine Vegetationszone um 200 km nach Norden bzw. um 180 Seehöhenmeter nach oben verschieben

könnte. DAVIS (1989) kommt hingegen für boreale Baumarten auf dem nordamerikanischen Kontinent zu halb so großen Ausbreitungsgeschwindigkeiten. Derartige einfache Ansätze für eine einheitliche Wanderungsgeschwindigkeit treffen aber nur zum Teil zu und werden von PAYETTE (1993) relativiert. PAYETTE zeigt nämlich anhand von Untersuchungen im östlichen Quebec, daß nach dem Eistrückgang boreale Baumarten ihre Areale sehr schnell eingenommen haben, während im westlichen Teil noch heute, ca. 7000 Jahre nach dem Eistrückgang, eine Rückwanderung zu beobachten ist. Er stellt auch fest, daß im borealen Bereich nicht immer Klimaänderungen von einer Breitenwanderung der Baumarten begleitet wurden, sondern daß Baumarten auch mit erhöhter regionaler Abundanz auf Verbesserungen reagierten. Dies ist ein Hinweis, daß nicht nur die Fruchtbarkeit und Art der Samenverbreitung bei Migrationsbewegungen einer Baumart, sondern auch die intraspezifische Konkurrenz gebührend zu berücksichtigen sind.

DALE und FRANKLIN (1989) fanden an Waldökosystemen des pazifischen Nordwesten der USA, daß sich infolge von Klimaänderung die Zusammensetzung der Bestände ändern und sich die Blattflächenhaltung und die Produktivität der Bestände erhöhen würde. Eine Vielzahl von derartigen Produktionssteigerungen in borealen oder kühl temperierten Waldökosystemen wird berichtet. Auch gesteigerte Nährstoffumläufe, Mineralisierung, Streuabbau sowie gesteigerte Nitrifikation werden in vielen Waldökosystemen der gemäßigten Breiten beobachtet (ZAK ET AL. 1993, JOSLIN & WOLFE 1993).

Für die Arealbereiche von warm gemäßigten Waldökosystemen bis hin zu den Tropenwäldern und an die Trockenheitsgrenzen der Wälder, werden teilweise bereits für die laufenden Klimatrends erhöhter Streß und gesteigerte Mortalität berichtet (BOWES & SEDJO 1993, KRAUCHI 1993, PHILLIPS & GENTRY 1994). Als Ursachenhypothese dafür werden gravierende Niederschlagsdefizite, geänderte (tropische) Wirbelsturmaktivität oder auch geänderte Konkurrenzverhältnisse für die Baumschicht ins Treffen gebracht (PHILLIPS & GENTRY 1994). PHILLIPS & GENTRY vermuten, daß erhöhte CO₂-Konzentrationen das Wachstum von Lianen mehr steigern als das der Baumarten. Auch die Ausbreitung und die erhöhte Konkurrenzkraft von exotischen Florenelementen kann im Gefolge von Klimaänderungen beobachtet werden (BINGGELI & HAMILTON 1993).

Weitere Effekte auf dem Ökosystemniveau im Gefolge von Klimaänderungen werden durch Waldbrände und eine veränderte Feuerfrequenz hervorgerufen.

Häufige und kleine Waldbrände sind dabei stark mit abnehmenden Niederschlägen und Temperaturanstieg korreliert, während kühle und feuchte Klimaperioden seltene aber große Feuer bedingen (SWETNAM 1993). Der Einfluß der Feuer auf Verjüngung, Konkurrenz und Artenzusammensetzung reicht von den Trockenwäldern über die Wälder der gemäßigten Breiten bis in die boreale Zone (MIRANDA ET AL. 1994, DIXON & KRANKINA 1993, CLARK 1990).

3.2 Änderungen auf dem Individualniveau aus aut- bzw. synökologischer Sicht

Klimaänderungen wirken für den Einzelbaum am augenscheinlichsten dort, wo der eine oder der andere Klimafaktor wachstumslimitierend ist. Temperatur- und Niederschlagsänderungen wirken daher am gravierendsten an den thermischen und hygrischen Grenzen für das Waldwachstum. Synergistisch ist dazu auch noch der Einfluß, der signifikanten Steigerung der CO₂-Konzentration in der Atmosphäre zu sehen. Daher ist unter den derzeitigen Gegebenheiten ein eindeutiger Primärproduktion steigernder Effekt bei allen Baumarten im Gefolge der Änderung des CO₂-Klimas der Atmosphäre zu sehen. Es werden für C3-Pflanzen, dazu zählen die meisten Waldbäume, bei 100% CO₂-Zunahme bis zu 100% Steigerung in der Photosyntheseleistung gemessen. Auch die Netto-primärproduktion kann bis auf das Doppelte steigen und der Blattflächenindex nimmt stark zu. Mit der CO₂-Anreicherung sinkt die Leitfähigkeit der Blätter, die Stomataanzahl nimmt ab und die Water-use-efficiency wie auch die Nutrient-use-efficiency steigt an. Die Bäume blühen in einem früheren Lebensalter (z.B. BEERLING & WOODWARD 1993, KRÄUCHI 1993, WATER ET AL. 1994). Eine veränderte Disposition gegenüber Stressoren ist jedoch noch weitestgehend ungeklärt. Für einige Baumarten wurde unter CO₂-Anreicherungsbedingungen eine verringerte Frosthärte nachgewiesen (KRÄUCHI 1993).

Ebenso ist das Wissen über die Einflüsse von Klimaänderung, und CO₂-Anreicherung auf die synökologischen Beziehungen zwischen Baum und Nützlichling, Schädling, Pathogen und auch Mykorrhizasymbiont äußerst bruchstückhaft und unvollkommen. Zum einen ist aus dem oben gesagten zu folgern, daß bei gesteigertem Streß in manchen Waldökosystemen vermehrt attraktives Substrat für Schädlinge und Pathogene anfällt. Die bis jetzt vorliegenden Ergebnisse sind zum Teil kontrovers und sicherlich nicht, in ein einfaches und einheitliches Reaktionsmuster zu

gießen. Mehr Nahrungsgrundlage für Schadinsekten kann trotz allem nicht zur Massenvermehrung führen, weil z.B. die Nahrung weniger Wasser und Stickstoff enthält. Ungewöhnliche Insektenschäden könnten der erste Indikator für Klimaänderungen sein, meint KRÄUCHI. (1993). HEDDEN (1989) schließt mit der beunruhigenden Bemerkung an, daß Insekten aufgrund ihres kürzeren Generationszykluses die besseren Adaptionschancen haben für die laufende Klimaänderung. Die Forschungsergebnisse von BAL-TENSWEILER (1993) zeigen hingegen auf, daß so manche generalisierende Behauptung, doch mitunter zu revidieren ist, denn außergewöhnliche klimatische Verhältnisse waren in der Lage, nach 140 Jahren Bestand den Zyklus des Lärchenwicklers zum Zusammenbruch zu bringen.

3.3 Muster und Geschwindigkeit der prognostizierten Klimaänderung und mögliche Effekte

In vielen Fällen wird eine sehr rasche Klimaänderung (0,5 °C in 125 Jahren) mit einem sehr einheitlichen Ablauf und Verlauf prognostiziert. Daraus folgert man, daß die Waldvegetation und viele Baumarten diesen Veränderungen nicht gewachsen sein werden, und es dadurch zu massiven Ausfällen und Artenverlusten kommt (DAVIS 1989, GATES 1990, PETERS 1990). Hier ist zu vermuten, daß die Prognostiker zu wenig auf die grobe Maschenweite der GCM-Klimamodelle achten. Denn dadurch wird das kleinräumige Muster der Veränderungen, wie es im Abschnitt 2.3 dieser Ausführungen diskutiert wurde, und wie es sich auch bei der Analyse von Zeitreihen und Stationsdaten zeigt, zu wenig berücksichtigt. Für das Überleben der Forstpflanze entscheiden noch immer die klimatischen Verhältnissen am Kleinstandort und nur im eingeschränkten Maß die Hemisphären-mittelklimate.

4. Abschluß und Ausblick

Der Mensch hat durch seine Aktivitäten bedenkliche Entwicklungen im Energiehaushalt der Erde und am Weltklima in Bewegung gesetzt. Veränderungen und Trends zeichnen sich in den regionalen Klimaten ab, die in vielen Fällen noch nicht statistisch signifikantes Niveau erreicht haben. Der gegenwärtige Stand des Wissens und der Forschung, was die Auswirkung

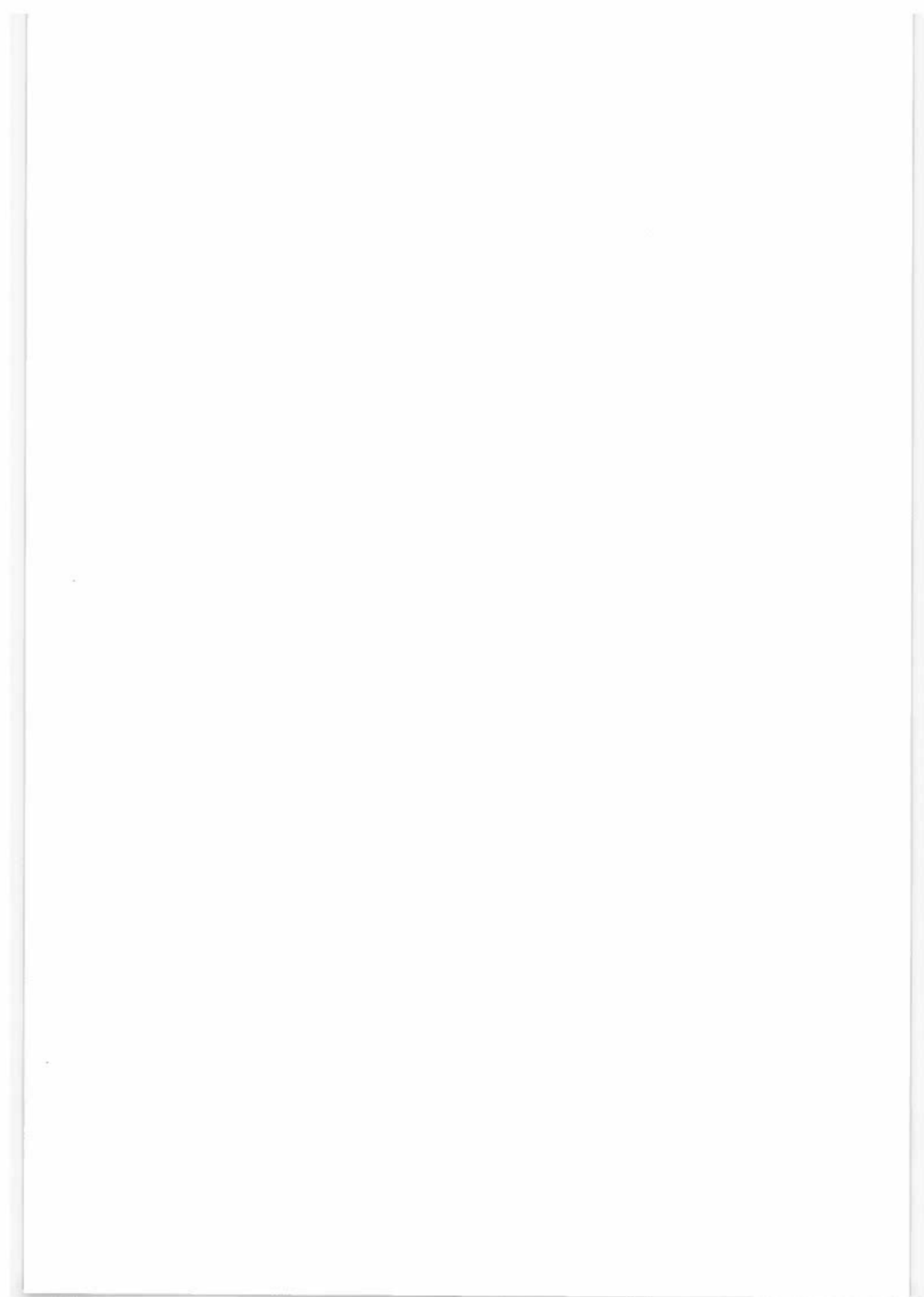
von Klimaänderungen auf Waldökosysteme anlangt, bietet noch sehr viele Lücken und kontroverse Ergebnisse. Verfeinerung von Klima- und Ökosystemmodellen sind ebenso notwendig wie eine breite Forschungsinitiative auf dem Gebiet der komplexen Beziehungen zwischen Bäumen und ihrer belebten und unbelebten Umwelt. Ein Verleugnen der Probleme ist sicher so wenig angebracht, wie ein Verfall in eine Weltuntergangsléthargie. Als Sofortprogramm sind sicherlich die Reduktion, der Treibhausgasemissionen anzustreben. Dem betroffenen Forstwirtschaftler seien jene Pflegemaßnahmen im Wald empfohlen, die den Wald vitaler und besser an den Standort angepaßt machen.

5. Literatur

- AKIN W.E. 1991: *Global patterns. Climate, vegetation and soils*. Univ. Oklahoma Press, Norman & London, 370 S.
- AMBROSE S.H. & SIKES N.E. 1991: *Soil carbon isotope evidence for holocene habitat change in the Kenya rift valley*. Science, 253:1402-1405.
- AUER I. 1991: *Zeitliche Änderung der Niederschlagstätigkeit in Österreich seit Mitte des 19. Jahrhunderts und Möglichkeiten einer Abschätzung von Niederschlagsmengen aus historischen Daten*. Unveröffentlichtes Vortragsmanuskript, LAK-NÖ, Krems, 11 S.
- AUER I., BOHM R., DIRMHIRN I., MOHNL H., PUTZ E., RUDEL E. & SKODA G. 1992: *Klimareihen: Analyse und Interpretation*. In: ÖSTERREICHISCHE AKADEMIE DER WISSENSCHAFTEN: *Bestandsaufnahme anthropogene Klimaänderungen: Mögliche Auswirkungen auf Österreich*. Österreichische Akademie der Wissenschaften, Kommission für die Reinhaltung der Luft, Wien
- BALTENSEWEILER W. 1993: *Why the bud-moth cycle collapsed in the subalpine larch-cembra pine forest in the year 1990 for the first time since 1850*. Oecologia, 94:62-66.
- BARRON E.J. 1992: *Paleoclimatology*. In: BROWN G.C., HAWKSWORTH J. & WILSON R.C.L. (eds.): *Understanding the earth, a new synthesis*. Cambridge/Dakleigh, USA, Cambridge Univ.Press, 485-505.
- BEN-GAI T., BITAN A., MANES A. & ALPERT P. 1994: *Long-term changes in annual rainfall patterns in southern Israel*. Theor. Appl. Climatology, 49:59-67.
- BEERLING D.J. & WOODWARD F.I. 1993: *Ecophysiological responses of plants to global environmental change since the last Glacial Maximum*. New Phytologist, 125:641-648.
- BINGGELI P. & HAMILTON A.C. 1993: *Biological invasion by *Maesopsis eminii* in the Eastern Usambara forests, Tanzania*. Opera Botanica, 121:229-235.
- BODEN T.A., SEPANSKI R.J. & STOSS F.W. (eds.): *Trends 91: A compendium of data on global change*. ORNL/CDIAC Public. No. 49, 71 S.
- BOHM R. 1991: *Lufttemperaturschwankungen ostalpinen Stationen von 1775-1989*. Unveröffentlichtes Vortragsmanuskript, LAK-NÖ, Krems, 6 S.
- BOWEN M.D. & SEDJO R.A. 1993: *Towards an integrated impact assessment of climate change: The MINK Study: Impacts and responses to climate change in forests of the MINK region*. Climatic Change, 24:63-82.
- CHEN S.J. & KUO Y.H. 1994: *Cyclones and northern hemispheric temperature*. Theor. Appl. Climatology, 49:85-89.
- COOPS A.J. 1992: *Analysis of temperature series in Europe in relation to the detection of the enhanced greenhouse effect*. Theor. Appl. Climatology, 46:89-98.
- DALE V.H. & FRANKLIN J.F. 1989: *Potential effects of climatic change on stand development in the Pacific Northwest*. Can. J. For. Res. 19:1581-1590.
- DAVIS M.B. 1989: *Lags in vegetation response to greenhouse warming*. Climatic Change, 15:75-82.
- DIXON R.K. & KRANKINA O.N. 1993: *Forest fires in Russia: Carbon dioxide emissions to the atmosphere*. Can. J. For. Res. 23:700-705.
- FOLLAND C.K., KARL I.R. & VINNIKOV K.Y.A. 1990: *Observed climate variation and change*. In: HOUGHTON J.T., JENKINS G.J. & EPHRAUMS J.J. (eds.): *Climate change - The IPCC scientific assessment*. Cambridge, Cambridge Univ.Press, USA.
- FORD M.J. 1982: *The changing climate*. London, Boston, Sydney, G.Allen & Unwin, UK, 190 p.
- GAJIC-CAPKA M. 1993: *Fluctuations and trends of annual precipitation in different regions of Croatia*. Theor. Appl. Climatology, 47:215-221.
- GATES D.M. 1990: *Climate change and the response of forests*. Intern. J. of Remote Sensing, 11:1095-1107.
- GATES D.M. 1993: *Climate change and its biological consequences*. Sunderland, Sinauer Assoc. Mass., USA, 280 p.
- HAGER H., SCHUME H. & HUBER S. 1994: *Eichenschäden in den Donauländern*. Endbericht zum EG-INTERREG Projekt der GSF und des Bayer. Umweltministeriums (In Vorbereitung)
- HEDDEN R.L. 1989: *Global climate change: Implications for silviculture and pest management*. Proc. of the Fifth Biennial Southern Silvicultural Research Conference; Nov. 1-3, 1988; USDA Gen.Tech.Rep., 555-562.
- JONES P.D. & WIGLEY M.L. 1992: *Temperature; Global and hemispheric anomalies*. In: BODEN T.A., SEPANSKI R.J. & STOSS F.W. (eds.): *Trends 91: A compendium of data on global change*. ORNL/CDIAC Public. No. 49, 49-60.
- JOSLIN J.D. & WOLFE M.H. 1993: *Temperature increase accelerates nitrate release from high-elevation red spruce soils*. Can. J. For. Res. 23:756-759.
- KARL T.R., HEIM R.R. & QUAYLE R.G. 1991: *The greenhouse effect in Central North America: If not now, when?*. Science, 251:1058-1061.

- KEELING C.D. & WHORF T.P. 1992: Atmospheric CO₂. In: BODEN T.A., SEPANSKI R.J. & STOSS F.W. (eds.): *Trends 91: A compendium of data on global change*. ORNL/CDIAC Public. No. 49, 9-18.
- KRAUCHI N. 1993: *Potential impacts of a climate change on forest ecosystems*. Eur. J. For. Path., 23:28-50.
- LAYSER E.F. 1980: *Forestry and climatic change*. J. Forestry, 78:678-682.
- LUBIN D. 1994: *The role of the tropical super greenhouse effect in heating the ocean surface*. Science, 265:224-227.
- MILANKOVITCH M. 1930: *Mathematische Klimalehre und astronomische Theorie der Klimaschwankungen*. In: KÖPPEN W. & GEIGER R. (Hrsg.): *Handbuch der Klimatologie I*. Teil A, Berlin, Bornträger Verlag, Deutschland.
- MIRANDA A.I., COUTINHO M. & BORREGO C. 1994: *Forest fire emissions in Portugal: A contribution to global warming*. Environm. Pollution, 83:121-123.
- OZENDA P. 1989: *Le déplacement vertical des étages de végétation en fonction de la latitude: un model simple et ses limites*. Bulletin de la Societe Geologique de France, 8:535-540.
- PAYETTE S. 1993: *The range limit of boreal tree species in Quebec-Labrador: An ecological and paleoecological interpretation*. Rev. Paleobotany & Palynology, 79:7-30.
- PETERS R.L. 1990: *Effects of global warming on forests*. Proc. Symposium, Univ. of California; Davis 24-25 July 1988. Forest Ecology and Management, 35:13-33.
- PHILLIPS O.L. & GENTRY A.H. 1994: *Increasing turnover through time in tropical forests*. Science, 263:954-958.
- SWETNAM T.W. 1993: *Fire history and climate change in Sequoia groves*. Science, 262:885-889.
- TOL R.S.J. & VOS DE A.F. 1993: *Greenhouse statistics-time series analysis*. Theor. Appl. Climatology, 46:63-74.
- TOL R.S.J. 1994: *Greenhouse statistics-time series analysis: Part II*. Theor. Appl. Climatology, 49:91-102.
- WAGNER A. 1940: *Klimaänderungen und Klimaschwankungen*. Braunschweig, Verlag F. Vieweg & Sohn, Deutschland 221 S.
- WATER VAN DE P.K., LEAVITT S.W. & BETANCOURT J.L. 1994: *Trends in stomatal density and 13C/12C ratios of Pinus flexilis needles during last glacial-interglacial cycle*. Science, 264:239-242.
- WINSTANLEY D. 1973: *Rainfall patterns and general atmospheric circulation*. Nature, 245:190-194.
- ZAK D.R., GRIGAL D.F. & OHMANN L.F. 1993: *Kinetics of microbial respiration and nitrogen mineralization in Great Lakes forests*. Soil Sci. Soc. of America J., 57:1100-1106.

Verfasser: Ass.Prof. Univ.Doz. Dipl.-Ing. Dr. Herbert Hager, Msc.
 Universität für Bodenkultur
 Institut für Forstökologie
 Peter Jordan-Straße 82
 A-1190 Wien



Genetische Strategien für das forstwirtschaftliche Handeln angesichts klimatischer Änderungen

TH. GEBUREK

Institut für Forstgenetik, Forstliche Bundesversuchsanstalt

Kurzfassung

Es steht außer Frage, daß mit einer Klimaänderung in den nächsten Jahrzehnten in Österreich zu rechnen ist. In der Folge werden Verschiebungen der Vegetationszonen unvermeidlich sein. Da die klimatischen Änderungen lokal sehr schwer zu prognostizieren sind, wird als wichtigste genetische Maxime empfohlen, die Anpassungsfähigkeit der bestehenden und künftigen Waldbestände zu erhöhen. Populationsgenetische Faktoren, welche die genetische Anpassungsfähigkeit beeinflussen, werden vorgestellt. Basierend auf diesen Einflußgrößen werden Strategien abgeleitet, die bei verschiedenen forstlichen Maßnahmen, insbesondere bei der Natur- und Kunstverjüngung, in der forstlichen Praxis berücksichtigt werden sollten. Dies kann bedeuten, daß, entgegen forstlicher Tradition heute nicht optimal an den jeweiligen Standort angepaßte Herkünfte verwendet werden müssen. Dies schließt unter Umständen auch eine Vermischung verschiedener Herkünfte ein. Als weitere Maßnahme wird die Translokation von Herkünften aus tieferen in höhere Lagen genannt. Neben der vertikalen Verschiebung von Herkünften wird darüber hinaus auch die horizontale Verschiebung von Herkünften aus Gebieten immanenter hoher genetischer Anpassungspotentiale (genetische Zentren) diskutiert.

Stichworte: Anpassung, Anpassungspotential, evolutionäre Faktoren, Herkunftswahl, Klimaänderung, Verjüngung

Abstract

Genetic strategies for forest management in the view of climate change

In the next decennia global warming will, without doubt, materialize to a certain extent in Austria. In its course vegetation zones will change. Due to several reasons local predictions of climate models have to remain vague. Therefore, the best genetic strategy is to enlarge genetic adaptability of current and future forest stands. Population genetical factors which modify genetic adaptability are mentioned. Based on these controlling components genetic strategies for forest management, especially for natural and artificial regeneration, are described. An implementation of the means proposed can entail that in contrast to long practices in forest management today's adaptedness of seed source that were employed is lessened in favor of high genetic adaptation potentials. This might include the use of mixtures of different seed sources to enlarge genetic diversity and hence better adaptability. Broader deployment of non local seed sources might be a hedge against climate change. Additionally forest management should stress on vertical translocation of forest reproductive material. For certain forest tree species for which genetic hot spots are known also horizontal translocations are conceivable to be forearmed for an uncertain future.

Key words: adaptation, climate change, evolutionary factors, genetic potential, reforestation, translocations

1. Einleitung

Heute werden weltweit Klimaänderungen diskutiert, die durch anthropogene Emissionen von Treibhausgasen (u.a. Kohlendioxid (CO₂), Methan (CH₄) und Fluorchlorkohlenwasserstoffen (FCKW)) verursacht werden. Als Folge der Zunahme dieser klimawirksamen Gase in der Atmosphäre wird ein globaler Klimawandel eintreten (ROWNTREE 1990, ÖSTERREICHISCHE AKADEMIE DER WISSENSCHAFTEN 1992). Die den meisten Modellen unterstellte Verdoppelung des Anteils der Treibhausgase in der Atmosphäre im Vergleich zum Gehalt der vorindustriellen Zeit würde eine Erhöhung der globalen Durchschnittstemperatur um +2 bis +5° C zur Folge haben (SCHNEIDER ET AL. 1992). Wann dieses Szenario Realität wird, hängt vom Umfang der Emissionen und anderen Faktoren, wie z.B. vom Temperaturengleich der Weltmeere und von verstärkter Wolkenbildung ab. Derzeitig wird mit einer Temperaturerhöhung um einige Grad C im Laufe der nächsten 40 bis 100 Jahre gerechnet (HORN-BACHER 1993, KRÄUCH 1993). Selbst unter Berücksichtigung von Faktoren, die dem Treibhauseffekt entgegenwirken, muß mit einer erheblichen Klimaänderung gerechnet werden (KRAPPENBAUER 1993). Für einen bereits eingetretenen Wandel des Klimas in Österreich sind der globale Temperaturanstieg um 0,7° C seit 1890 und die auffallende Häufung sehr warmer Jahre im letzten Jahrzehnt deutliche Anzeichen, sie sind aber noch kein Beweis für eine globale Erwärmung infolge des anthropogen verursachten Treibhauseffektes (HORN-BACHER 1993). Langjährige Klimareihen zeigen, daß sich das derzeitige Temperaturenniveau in bodennahen Schichten noch innerhalb der natürlichen Schwankungen des Klimas bewegt (AUER ET AL. 1992). Demgegenüber konnte der globale, durch den Menschen verursachte Treibhauseffekt in der Troposphäre, d.h. in einem Höhenbereich von 1,5 bis 9 km über der Erdoberfläche, nachgewiesen werden (FLOHN ET AL. 1992).

Eine besondere Herausforderung an Politik, Wirtschaft und Wissenschaft ergibt sich aus der Unsicher-

heit der Klimamodelle. Diese Unsicherheit ist zwangsläufig umso größer, je stärker eine regionale Differenzierung angestrebt wird. Für Österreich erscheint folgende Annahme als sinnvolle Näherung zur Abschätzung einer künftigen Klimaentwicklung. Pro Jahrzehnt wird ein Temperaturanstieg von etwa $0,3^{\circ}\text{C}$ vorhergesagt; der Temperaturanstieg wird im Winter voraussichtlich größer sein als im Sommer. Hinsichtlich der Niederschläge wird vermutet, daß Gebiete wie das Wiener Becken, das Wein- und Waldviertel trockener und feuchte Gebiete wie die Kalkvor- und Hochalpen feuchter werden (HORNACHER 1993). Bei einem Anstieg der mittleren Jahrestemperatur um 1°C würden sich die Klimazonen in der Ebene um 200 km nach Norden und im Gebirge um 180 m gipfelwärts verschieben. Die dadurch gewandelten Standortbedingungen hätten in den einzelnen Regionen eine Veränderung der Vegetationszusammensetzung zur Folge (OZENDA 1989). Die Prognosen für Österreich erscheinen jedoch im Vergleich zu den in Nordamerika vorhergesagten Änderungen der Vegetationszonen noch als günstig. Dies wird anhand der

Veränderungen des natürlichen Areals der Amerikanischen Buche (*Fagus grandifolia*) deutlich. Basierend auf der von der NASA (National Aeronautics and Space Agency) für die nächsten 100 Jahre prognostizierten Klimaerwärmung verschiebt sich das Areal um 700 bis 900 km nordwärts (Abb. 1).

Der Wechsel der Pflanzenarten in den einzelnen Vegetationszonen erfolgt nicht simultan mit dem Wandel der klimatischen Bedingungen, sondern zeitverzögert (WEBB 1992). Ältere Bäume können im Gegensatz zu Sämlingen auch noch unter ungünstigen Bedingungen gedeihen. Für einzelne Bestände wird sich das Ausmaß der Fruktifikation jedoch mit ungünstiger werdenden Klimabedingungen verringern. Eine Temperaturerhöhung wird zuerst am südlichen Arealrand der einzelnen Arten bzw. im unteren Bereich ihrer vertikalen Verbreitung bemerkbar sein. Vor allem das Ausbleiben der Naturverjüngung dieser Arten unter sonst gleichbleibenden Bedingungen (waldbauliche Behandlung, Wildbestände) kann ein erstes Anzeichen für die Verschiebung der Vegetationszonen sein (DAVIS & ZABINSKI 1992).

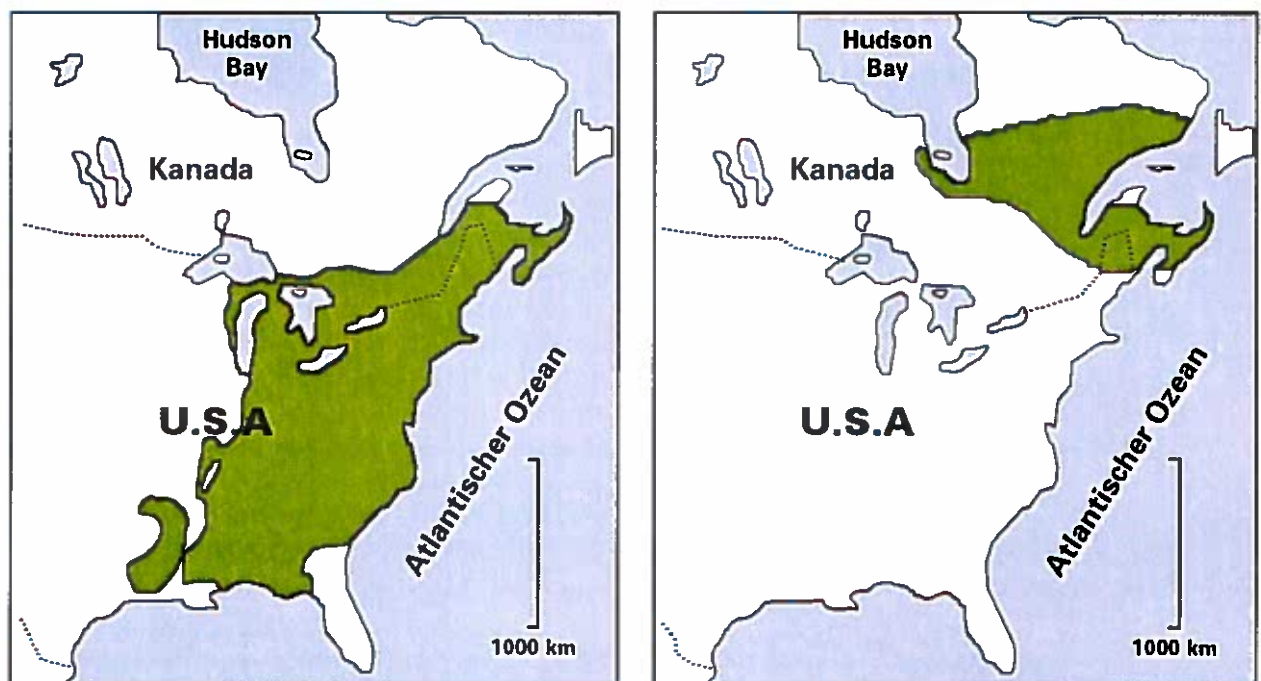


Abb. 1: Areal der Amerikanischen Buche (*Fagus grandifolia*). Gegenwärtiges Areal (Abb. 1a) und das für das Jahr 2090 prognostizierte natürliche Verbreitungsgebiet (Abb. 1b). Die Arealveränderungen basieren auf den erwarteten Klimawerten der National Aeronautics and Space Agency (NASA) (nach DAVIS und ZABINSKI 1992).

2. Mögliche negative Auswirkungen des Klimawandels auf die Vegetation

Lokale Waldbaumpopulationen, welche sich unter den heutigen Klimaverhältnissen im Zentrum bzw. am kühl-feuchten Rand des natürlichen, artspezifischen Verbreitungsgebietes befinden, werden vermutlich kaum durch die prognostizierten Klimaänderungen in ihrer Existenz bedroht. Ungünstiger sind jedoch die Überlebenschancen von endemischen Pflanzenarten oder Populationen des hochsubalpinen und

alpinen Raumes. In den einzelnen Höhenstufen wird eine Temperaturerhöhung Pflanzengesellschaften verändern. Baumarten aus tieferliegenden Regionen werden in höher gelegene Zonen abwandern. Selbst wenn die Besiedelung über die derzeitige Waldgrenze hinweg aufgrund von klimatischen Änderungen möglich wäre, muß in vielen Gebieten mit Arealverlusten hochsubalpiner Arten gerechnet werden (Abb. 2) (WEBB 1992). Konkurrenz Nachteile gegenüber Baumarten, welche aus tieferen Lagen vordringen, werden lokal zum Ausscheiden einzelner Arten führen, da Aus-

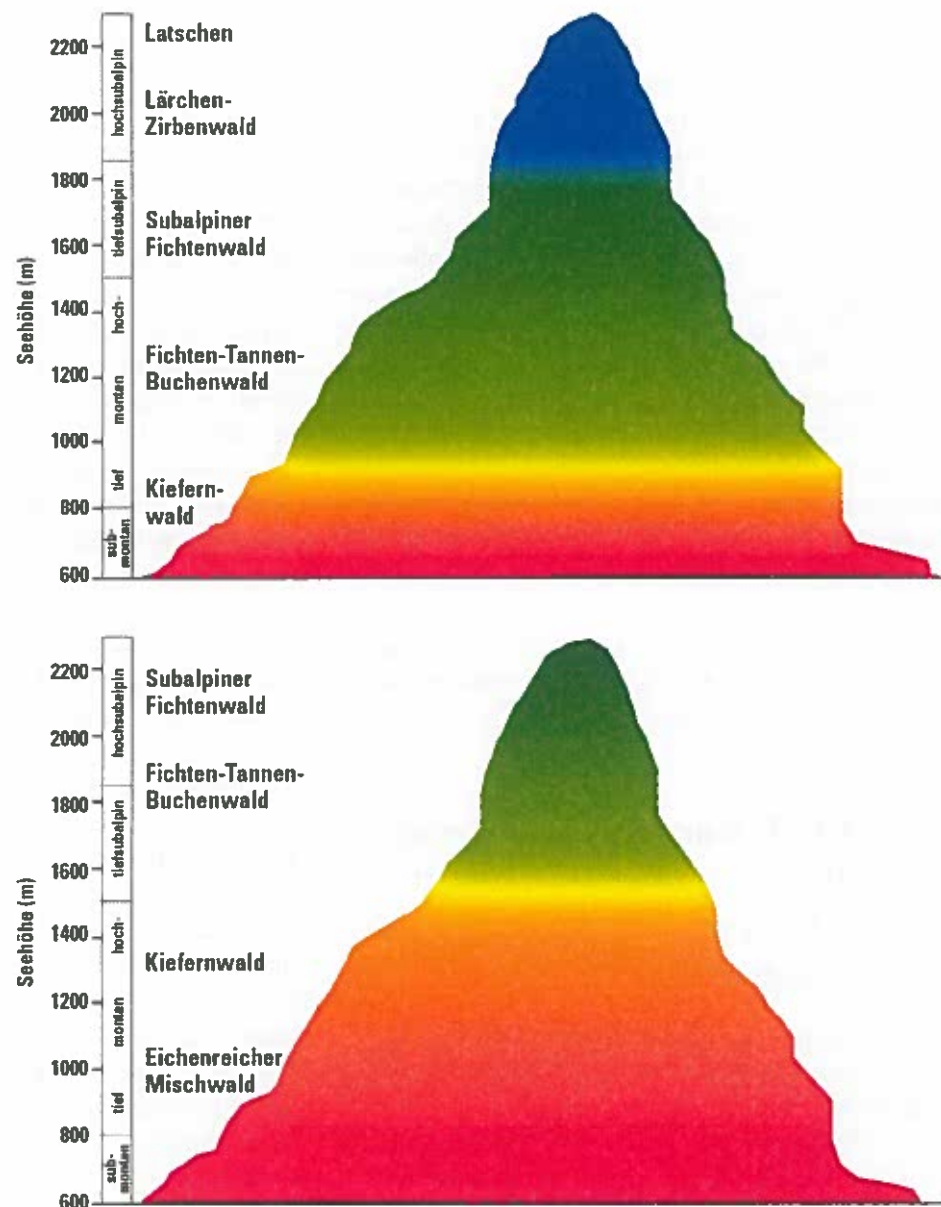


Abb. 2: Potentieller Verlust von lokalen Waldgesellschaften infolge klimatischer Erwärmung und eingeschränkter vertikaler Ausbreitungsmöglichkeit. Aufgrund mangelnder Höhengröße der Bergmassive, exemplarisch dargestellt anhand der süd-innenalpinen Waldgesellschaften, ist die Existenz bestimmter Waldgesellschaften potentiell gefährdet: (a) gegenwärtige Situation und (b) unter der Annahme einer Klimaerwärmung von 3° C.

weichstandorte in höheren Lagen aufgrund unzureichender Bodendecke nicht immer vorhanden sind. Dies kann exemplarisch anhand der Arealverluste der Zirbe (*Pinus cembra*) während des Atlantikums im Rax- und Schneeberggebiet verdeutlicht werden. Durch die postglaziale Klimaerwärmung wurde diese Kiefernart von der aus tieferen Lagen vorstoßenden Fichte (*Picea abies*) und Lärche (*Larix decidua*) verdrängt. Aufgrund der geringen Höhe von Rax und Schneeberg konnte sich die Zirbe nicht in Bereiche mit rauherem Klima zurückziehen, wo sie Vorteile gegenüber den konkurrierenden Baumarten gehabt hätte (PITTERLE, pers. Mittlg.).

Die Besiedelung neuer ökologischer Nischen durch Änderungen der Umwelt ist in der Evolutionsgeschichte von Waldbaumarten die Regel gewesen. Im Verlauf ihrer Artbildung haben sie Mechanismen erworben und bewahrt, die es ihnen ermöglichen, zu "wandern" und damit neue Areale zu besiedeln. Dies setzt jedoch eine Anpassung an die neuen Umweltbedingungen voraus. Ferner muß die Änderung der Standortsbedingungen in einem zeitlichen Abschnitt erfolgen, der auch im Hinblick auf die langen Generationsfolgen von Waldbaumarten natürliche Anpassung ermöglicht. Die Schnelligkeit der globalen Temperaturänderungen übersteigt aber alle bisherigen natürlichen, d.h. durch Erd- und Himmelsmechanik bedingten Änderungen des Klimas. Der prognostizierte Temperaturanstieg erfolgt etwa 15- bis 40mal rascher als unter einer nicht vom Menschen beeinflussten Umwelt. Dieser Aspekt stellt die Anpassung und damit die Erhaltung lokaler, besonders exponierter Populationen in Frage (PETERS 1990).

3. Welche Faktoren bestimmen maßgeblich die genetische Diversität und damit die Anpassungsfähigkeit der Waldbestände?

Waldbestände setzen sich aus einer Vielzahl genetisch unterschiedlicher Bäume zusammen. In einer sich ständig verändernden Umwelt unterliegen diese Bestände einem andauernden Anpassungsprozeß. Durch die unterschiedliche genetische Information der einzelnen Bestandesmitglieder bestehen individuelle Unterschiede in der Angepaßtheit an die jeweilige Umwelt. Besser an die jeweils herrschenden Umweltbedingungen angepaßte Bäume weisen eine höhere

Vitalität auf und fruktifizieren reichlicher als kümmernde Individuen. In natürlich verjüngten Beständen werden die spezifischen genetischen Informationen angepaßter Bäume aufgrund zahlreicher Nachkommen in höherem Maße an die Folgegeneration weitergegeben als dies bei weniger angepaßten Bäumen der Fall ist. Die von Generation zu Generation stattfindende Häufigkeitsänderung von Erbfaktoren (= Genen) in den Beständen ist Ausdruck der natürlichen Selektion (und anderer evolutionärer Faktoren) und damit Folge einer Anpassung an sich verändernden Umweltbedingungen. Voraussetzung der Anpassungsvorgänge ist eine ausreichend große genetische Diversität innerhalb der Bestände. Ist die genetische Diversität gering, kann bei einer Änderung der Umweltbedingungen aus einer vormals angepaßten Population eine nicht angepaßte werden. Angepaßtheit und Anpassungsfähigkeit sind demnach getrennt zu behandelnde Begriffe. Eine Population kann heute eine hohe Angepaßtheit aufweisen ohne notwendigerweise auch in der Zukunft sehr anpassungsfähig zu sein. So ist beispielsweise die Amerikanische Rotkiefer (*Pinus resinosa*) eine Art, die in ihrem heutigen natürlichen Areal gut angepaßt ist. Aufgrund ihrer geringen genetischen Variation und damit geringen genetischen Anpassungsfähigkeit wird diese Art aber sehr wahrscheinlich bei einer Klimaänderung größere Arealverluste hinnehmen müssen als andere im Osten Nordamerikas beheimatete Baumarten.

Während eine in Raum und Zeit gleichbleibende Umwelt zur Ausbildung weniger, aber angepaßter Genotypen führen würde, fordert eine sich ändernde Umwelt einen steten Wechsel relativ angepaßter Individuen. Zu einem gegebenen Zeitpunkt ist nur ein bestimmter Teil der Gene für das Überleben der Population notwendig. Nur dieser Anteil, d.h. die jeweils anpassungsrelevanten Gene, ist unmittelbar bedeutsam (operierendes genetisches Potential). Genetische Informationen, die in einer bestimmten Umweltsituation nicht unmittelbar für die Stabilität eines Bestandes notwendig sind, werden als latentes genetisches Potential bezeichnet (BERGMANN ET AL. 1990). Dieser derzeit nicht effektiv genutzte Teil der genetischen Informationen ist aber für das langfristige Überleben bei u.U. sich drastisch verändernden Umweltbedingungen besonders bedeutsam (GREGORIUS 1991). Im Zusammenhang mit klimatischen Änderungen muß daher diesem latenten genetischen Potential große Beachtung geschenkt werden. Aus genetischer Sicht spiegelt, vereinfacht ausgedrückt, die-

[1] Im folgenden wird genetische Diversität als Sammelbegriff für verschiedene genetische Variationsmaße verwendet.

ses genetische Potential die Chance des Bestandes wider, langfristig zu überleben.

Eine Berücksichtigung dieser genetischen Kenngrößen in der forstlichen Praxis ist aus genetischer Sicht erforderlich, da damit ein Beitrag zur nachhaltigen Stabilität der Bestände geleistet würde. Eine Quantifizierung von Kenngrößen wird jedoch nur im Ausnahmefall, etwa im Rahmen der Genetischen Inventur Österreichs (GIO) in Waldbeständen erfolgen können. Dennoch kann jeder Forstbetrieb die genetische Anpassungsfähigkeit seiner Bestände erhöhen, wenn bestimmte Prinzipien bei der Bewirtschaftung berücksichtigt werden. Denn mit der Wahl der Verjüngungsart und der Bestandesbehandlung bis hin zur Wiederverjüngung werden genetische Eigenschaften und damit die Anpassungsfähigkeit bewußt oder auch unbewußt maßgeblich beeinflußt. Verschiedene evolutionäre Faktoren, wie Selektion, genetische Drift, Genfluß und Mutation bestimmen die genetische Diversität und damit die Anpassungsfähigkeit der Bestände. Diese Faktoren wirken einzeln oder in Kombination und können oftmals in ihrer Wirkung nicht differenziert werden. So wird beispielsweise durch die Befruchtungsverhältnisse die genetische Diversität des Saatgutes maßgeblich beeinflußt, wobei o.g. evolutionäre Faktoren ineinandergreifen können.

3.1 Befruchtungsverhältnisse

Die meisten Waldbäume vermehren sich in der Natur durch eine geschlechtliche Fortpflanzung, d.h. durch Samen. Die ungeschlechtliche Vermehrungsart spielt nur lokal (z.B. die asexuell entstandenen Rottenstrukturen der Fichte im alpinen Raum) oder bei bestimmten einheimischen Baumarten eine Rolle [z.B. Aspe (*Populus tremula*)]. Gegenüber der ungeschlechtlichen Fortpflanzung bietet die geschlechtliche die Möglichkeit der genetischen Neukombination und stellt damit die wichtigste Quelle neuer genetischer Informationen dar. Diese Tatsache wird sofort ersichtlich, wenn die potentielle Nachkommenschaft von zwei Bäumen betrachtet wird. Selbst wenn diese beiden Bäume sich nur an 40 Genen unterscheiden, können theoretisch mehr als $1,2 \times 10^{19}$ genetisch verschiedene Nachkommen entstehen. Theoretisch ließe sich mit dieser Anzahl die globale Festlandsfläche 274.000mal mit jeweils 3000 genetisch unterschiedlichen Pflanzen pro Hektar aufforsten. Die genetische Neukombination der Gene ist bei weitem die bedeutsamste Quelle der

genetischen Diversität und stellt somit eine sehr effiziente Sicherungsstrategie der Natur dar.

Das Paarungssystem unserer Waldbäume ist sehr unterschiedlich. Alle bedeutsamen Wirtschaftsbaumarten sind einhäusig. Der einzelne, voll entwickelte Baum trägt sowohl weibliche als auch männliche Blüten. Daher besteht die Möglichkeit, daß sich solche Bäume mit sich selbst paaren.

Bei reproduktiv isolierten Einzelindividuen werden daher in Ermangelung anderer Pollenspender alle Samen durch Selbstbefruchtung entstehen. Aber auch wenn andere Pollenspender zur Verfügung stehen, wird innerhalb eines Bestandes ein bestimmter Anteil der Samenanlagen nicht durch Fremdpollen bestäubt werden, obwohl verschiedene biologische Mechanismen vorhanden sind, welche die Selbstbefruchtung unterdrücken, z.B. unterschiedlicher Blühtermin männlicher und weiblicher Blüten eines Baumes, unterschiedliche Anordnung männlicher und weiblicher Blüten in der Baumkrone.

Der Anteil der aus Selbstbefruchtung hervorgegangenen Samen eines Baumes, d.h. die Selbstbefruchtungsrate im Saatgut², ist maßgeblich von der Konzentration der baumeigenen Pollen in der Umgebung der weiblichen Blüten abhängig. Je höher der Anteil baumeigener Pollen in der Umgebungsluft der weiblichen Blüten ist, desto größer ist die Wahrscheinlichkeit einer Selbstbefruchtung (KÄRKKÄINEN & SAVOLAINEN 1993). Daher ist die Selbstbefruchtungsrate auch von der Bestandesdichte abhängig, welche in *Pinus ponderosa*-Beständen bei 230 Bäumen/ha 6 %, bei 13 Bäumen/ha jedoch 29 % betrug (FARRIS & MITTON 1984). Ähnliche Ergebnisse liegen auch für *Larix laricina* vor (KNOWLES ET AL. 1987). Obwohl Befunde aus europäischen Untersuchungen noch nicht vorliegen, werden vermutlich relativ hohe Selbstbefruchtungsraten bei solitären Bäumen z.B. im Überhaltsbetrieb unvermeidbar sein. Niedrige Fremdbefruchtungsraten können aber möglicherweise auch in Mischbeständen bei einzeln eingesprengten Baumarten auftreten.

Neben der Bestandesdichte ist auch die Kronenarchitektur, d.h. Position und Anzahl der weiblichen und männlichen Blüten, für die Befruchtungsverhältnisse bedeutsam. Untersuchungen in natürlichen Douglasienbeständen ergaben eine signifikant höhere Selbstbefruchtungsrate von Saatgut aus dem unteren Drittel der Krone im Vergleich zu Saatgut aus dem oberen Drittel (SHAW & ALLARD 1982). Da die männ-

[2] Die Selbstbefruchtungsrate im Saatgut ist von der tatsächlichen Selbstbefruchtungsrate, d.h. welcher Anteil der Samenanlagen von Eigen- oder Fremdpollen bestäubt worden ist, zu unterscheiden.

lichen Blüten vorwiegend im unteren und die weiblichen Blüten im oberen Kronenbereich zu finden sind, sind o.g. Befunde nicht überraschend. Wahrscheinlich liegen ähnliche Verhältnisse auch bei unseren einheimischen Baumarten vor. Experimentelle Untersuchungen, deren Ergebnisse diese Vermutung bestätigen oder widerlegen, wurden bisher jedoch noch nicht durchgeführt.

Jüngere, bereits mannbare Bäume haben im Mittel eher mehr männliche als weibliche Blüten. Mit zunehmendem Alter werden dann im Durchschnitt jedoch relativ mehr weibliche Blüten ausgebildet. Bäume mit höheren Anteilen männlicher Blüten haben höhere Selbstbefruchtungsanteile, als solche, die nur relativ wenig männliche Blüten ausbilden (SHEA 1987). Daher ist der Anteil des aus Selbstbefruchtung hervorgegangenen Saatgutes auch vom Alter des beernteten Bestandes abhängig.

Welche Auswirkungen hat eine hohe Selbstbefruchtungsrate auf die genetische Diversität und damit auf die Anpassung? Selbstbefruchtung ist die ausgeprägteste Form der Verwandtenpaarung mit der Folge, daß nach einer Generation mindestens 50 % aller Gene der Selbstbefruchtungsnachkommen durch Abstammung identisch und funktionsgleich sind. Der Inzuchtkoeffizient F beträgt nach einer Generation mindestens 0,5. Unabhängig, welche genetische Vielfalt (Heterozygotie) der Ausgangsbaum aufweist, seine durch Selbstbefruchtung entstandenen Nachkommen weisen mindestens 50 % aller Erbfaktoren in reinerbiger Form auf. Mindestens die Hälfte aller Gene sind daher homozygot. Als Folge davon können ungünstige rezessive Erbanlagen (letale oder semiletale Gene) wirksam werden und daraus Inzuchtdepressionen resultieren (GEBUREK 1985, LIBBY ET AL. 1981).

Derartige Erbanlagen eliminieren bereits während der Embryoentwicklung einen Großteil der Embryonen, welche aus Selbstbefruchtung hervorgegangen sind (KÄRKKÄINEN & SAVOLAINEN 1993). Trotz dieser Selektion gegen Selbstbefruchtungsnachkommen in einem sehr frühen Entwicklungsstadium, ist ein nicht geringer Anteil von lebensfähigen, durch Selbstbefruchtung entstandenen Samen im Saatgut vorhanden. Bis zu etwa 30 % selbstbefruchtete Samenanlagen treten bei heimischen Waldbaumarten auf (siehe Literaturübersicht in MUONA 1990).

3.2 Selektion

Zahlreiche Beispiele belegen, daß Pflanzenarten auch nach gravierenden Änderungen der Umwelt überleben können. Dies belegen eindrucksvoll die Anpassungsvorgänge bei verschiedenen Gräsern an hohe Schwermetallkonzentrationen (BRADSHAW & MCNEILLY 1981) oder die erfolgreiche Verfrachtung von Baumarten auf andere Kontinente (siehe GEBUREK & MUHS 1987 sowie die dort genannte Literatur). Da Waldbaumarten im Vergleich zu anderen Organismen über eine hohe genetische Diversität verfügen, sollten sie auch in der Lage sein, erhebliche Umweltänderungen zu überleben. Paradoxe Weise haben aber wahrscheinlich solche Waldbaumpopulationen, die an heutige Umweltbedingungen in hohem Maße angepaßt sind, eine geringe Anpassungsfähigkeit. Dies ist dadurch bedingt, daß die Realisierung hoher latenter genetischer Anpassungspotentiale eine genetische Belastung gegenwärtiger Populationen darstellt. Die heutige von einer Population zu bewältigende genetische Last kann aber entscheidend für die Anpassung von morgen sein.

Selektion greift stets am Phänotyp an und führt über eine reduzierte Fitness oder durch Eliminierung wenig angepaßter Individuen zu einer Änderung der Häufigkeit solcher Gene, die adaptive Merkmale kodieren. Zusätzlich kann Selektion auch die Häufigkeiten nicht adaptiver Gene aufgrund vorliegender Genkopplung oder auch Pleiotropie verändern. So werden beispielsweise solche Gene, welche auf den Chromosomen mit einem adaptiven Gen dicht benachbart sind, durch Selektion desselben ebenfalls in ihrer Häufigkeit geändert, selbst wenn u.U. eine Fitnessreduktion durch Frequenzänderung dieser sog. "Hitchhiking-Gene" die Folge ist.

Unter natürlichen, eher heterogenen Bedingungen, wie sie beispielsweise im Verlauf der Naturverjüngung auftreten, ist die Intensität der Selektion gegen inzuchtbelastete Sämlinge wesentlich höher als unter den eher homogenen Anzuchtbedingungen im Forstpflanzgarten (MUONA ET AL. 1988). Im Altbestand hingegen sind weniger reinerbige (= homozygote) Individuen vorhanden als theoretisch nach den HARDY-WEINBERG-Proportionen erwartet werden. Daher weisen Saatgut und sehr junge Waldbaumpopulationen i.d.R. positive, ältere Bestände hingegen negative

Wright'sche Fixationsindizes auf. So zeigten beispielsweise bei der Baumart Fichte (*Picea abies*) alle bisher im Rahmen der Genetischen Inventur Österreichs (GIO) durchgeführten genetischen Vergleiche zwischen Altbestand und Naturverjüngung, daß der Jungwuchs höhere Anteile homozygoter Individuen aufweist, als der jeweilige Altbestand (Abb. 3). Erwartungsgemäß ist der Überschuß an homozygoten Individuen im Saatgut besonders ausgeprägt, wie bei verschiedenen Baumarten gezeigt werden konnte (Abb. 4). Heterogene Umweltbedingungen führen demnach unter natürlichen Bedingungen bei den meisten Baumarten zur Eliminierung von Nachkommen, welche aus einer Verwandtenpaarung hervorgegangen sind und erhöhen so die Angepaßtheit des verbleibenden Bestandes am jeweiligen Standort.

3.3 Genetische Drift

Werden bestimmte Bäume aufgrund ihrer genetischen Ausstattung (Genotypen) aus einem Bestand selektiv eliminiert, ist eine veränderte genetische Zusammensetzung der verbleibenden Individuen die Folge. Die von Genotyp zu Genotyp variierende, d.h. genetisch kontrollierte individuelle Überlebenschance ist daher die Ursache dieser genetischen Veränderungen. Auch die genetische Drift ändert die genetische Zusammensetzung eines Baumkollektivs. Die Ursache ist aber eine gänzlich andere. Angenommen in einer Population treten an einem Gen nur zwei verschiedene Formen (= Allele) mit derselben Häufigkeit auf. Die beiden Allele, die der Einfachheit halber hier als A und a bezeichnet werden, sind demnach zu

Abb. 3:
Wright'sche Fixationsindizes (F -Werte) bei Fichte (*Picea abies*). F -Werte dienen als Indikator für die genetische Diversität in Abhängigkeit des Entwicklungsstadiums: Vergleich der Naturverjüngung und des jeweiligen Altbestandes auf vier Probestellen der Genetischen Inventur Österreichs (GIO). Für die Schätzung der Wright'schen Fixationsindizes wurden pro Probestelle ca. 200 Bäume an 17 Isoenzym-Genen untersucht.

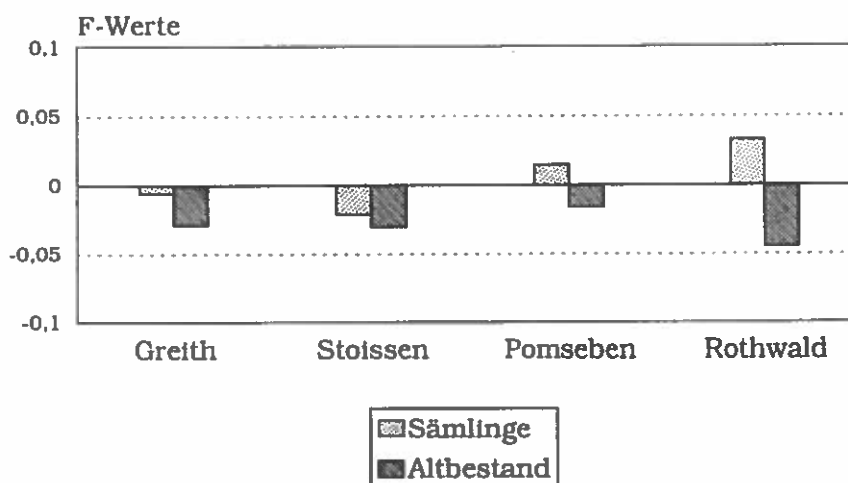
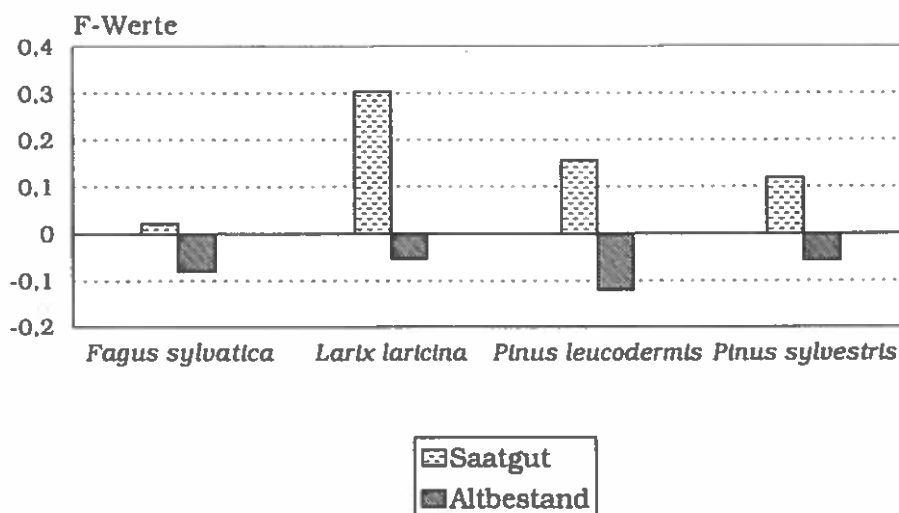


Abb. 4:
Wright'sche Fixationsindizes (F -Werte) bei verschiedenen Baumarten. F -Werte dienen als Indikator für die genetische Diversität in Abhängigkeit des Entwicklungsstadiums: Vergleich Saatgut (Embryonen) und Altbestand bei verschiedenen Baumarten [*Fagus sylvatica* (RADDI 1993), *Larix laricina* (LEWANDOWSKI ET AL. 1991), *Pinus leucodermis* (MORGANTE ET AL. 1993), *Pinus sylvestris* (YAZDANI ET AL. 1985, BURCZYK 1991), *Juglans regia* (RINK ET AL. 1989)]



je 50 % in der Population zu finden. Wird nun diese Population z. B. durch eine abiotische Katastrophe, etwa einen Waldbrand, in ihrem Umfang stark reduziert, so sind zufallsbedingte genetische Änderungen der verbleibenden Bäume sehr häufig. Dies wird sofort ersichtlich, wenn man sich vorstellt, daß nach dieser Katastrophe nur sehr wenige, z.B. 10 Bäume überlebt haben sollen. Die Wahrscheinlichkeit, daß diese 10 Bäume die ursprüngliche Häufigkeit der Allele von je 50 % aufweisen ist geringer, als die Wahrscheinlichkeit einer Änderung der Ausgangshäufigkeiten der beiden Allele. Die genetische Drift verändert demnach aufgrund zufallsbedingter Vorgänge die Häufigkeit der Gene in Abhängigkeit von der verbleibenden Populationsgröße. Je kleiner die Restpopulation ist, desto ausgeprägter werden Drifteffekte sein. Damit ist dieser evolutionäre Faktor immer dann ein sehr bedeutsamer, wenn die Größe der Population maßgeblich verkleinert wird. Verluste an genetischer Diversität treten dann häufig auf. Approximativ läßt sich die Reduktion heterozygoter Individuen bei einer auf N verringerten Populationsgröße schätzen als $(2N)^{-1}$.

3.4 Genfluß

Vereinfacht ausgedrückt "verwischt" Genfluß (Migration) durch Pollen- und Samentransport oder durch künstliche Verfrachtung von Populationen und deren anschließende genetische Vermischung mit autochthonen Populationen die durch Selektion bedingten Differenzierungsmuster. Migration kann daher die Anpassungsvorgänge verlangsamen, aber auch durch eine erhöhte genetische Diversität höhere Angepaßtheit ermöglichen. Ist Migration zwischen mehreren Populationen innerhalb eines größeren Gebietes gleicher Selektionswirkung begrenzt, kann es zur Ausbildung verschiedener Maxima der Angepaßtheit in Abhängigkeit der genetischen Ausgangssituation und der Mutationsrate kommen. Für Waldbaumarten wird sich aber meist eine andere Situation ergeben. Entlang eines ökologischen Gradienten (z.B. zunehmender Seehöhe) werden verschiedene lokale Teilpopulationen (Topodeme) unterschiedliche Selektionsbedingungen aufweisen. Durch Überlappung dieser Gebiete mit jeweils ähnlichen Selektionsbedingungen ("Selection Environment Neighborhoods" nach BRANDON 1991) mit Zonen des Genaustausches erge-

ben sich die für Waldbaumarten oftmals typischen Ökokline.

Da genetische Diversität eine äußerst wichtige Bedingung der Anpassung ist, liegt die Vermutung nahe, daß durch eine künstliche Vermischung von Populationen die genetische Anpassungsfähigkeit zu Lasten der gegenwärtigen Angepaßtheit erhöht werden kann. Für die Anpassung sind aber nicht nur einzelne anpassungsrelevante Gene, sondern auch sogenannte koadaptierte Genkomplexe (mehrere Gene wirken hinsichtlich adaptiver Merkmale zusammen) bedeutsam. BROWN (1978) hat verschiedene Konzeptionen über die Koadaptation, welche auf verschiedenen genetischen Mechanismen (u.a. Supergene, Epistasie, Kopplungsungleichgewicht, *cis*- und *trans*-Heterozygotie) basieren, zusammengestellt. Werden künstlich Populationen gemischt, können derartige Genkomplexe zerstört werden und im ungünstigen Fall zum Zusammenbruch der Population führen. Viele populationsgenetische Experimente aus der Tiergenetik belegen die Bedeutung der Koadaptation. Hier sei nur ein Beispiel des Europäischen Steinbocks (*Capra ibex ibex*) genannt. Diese Tierart war in der Hohen Tatra ausgestorben, und eine Population wurde dort erfolgreich mit österreichischen Tieren wieder eingebürgert. Als jedoch einige Jahre später diese Population mit zwei Unterarten des Steinbocks, *Capra ibex aegagrus* aus der Türkei und *Capra ibex nubiana* aus Ägypten ergänzt wurde, kam es durch Zerstörung koadaptierter Genkomplexe zu veränderten Setzzeiten im Winter und damit zum Zusammenbruch der Population (GREIG 1979). Dieses Beispiel zeigt, daß nicht jede Erhöhung der genetischen Diversität auch notwendigerweise die Anpassungsfähigkeit steigert.

3.5 Mutation

Mutation ist eine Quelle der genetischen Diversität. Es ist sehr schwer abzuschätzen, inwiefern durch eine gravierende klimatische Änderung auch die Mutationsrate und damit die inhärente Fähigkeit der Population zur Anpassung verändert wird. Während durch starke radioaktive Belastung die spontane Mutationsrate um ein mehrfaches bei *Pinus sylvestris* gesteigert wurde (KAL'CHENKO ET AL. 1993), wird vermutlich durch eine klimatische Änderung prognostizierten Ausmaßes die Mutationsrate nicht oder nur gering beeinflusst.

4. Welche genetischen Strategien ergeben sich für die forstliche Praxis?

In Anbetracht der globalen Klimaänderungen und der nicht genau vorhersagbaren Umweltbedingungen ist insbesondere eine hohe Anpassungsfähigkeit der Waldbaumpopulationen zu fordern. Neben der Verwendung von forstlichem Vermehrungsgut, welches eine hohe genetische Anpassungsfähigkeit aufweist, können auch Saat- und Pflanzgut verwendet werden, welche bereits heute die Angepaßtheit an prognostizierte Umweltbedingungen aufweisen. Dies kann u.U. bedeuten, daß Waldbestände zu begründen sind, die derzeitig suboptimal an die gegenwärtigen Umweltbedingungen angepaßt sind.

4.1 Naturverjüngung

Besonders die Art und Weise wie künftige Waldbestände begründet werden ist aus genetischer Sicht bedeutsam. Die Naturverjüngung ermöglicht ohne Zweifel besser als alle anderen Verfahren, daß die genetische Information des Altbestandes auch in der nächsten Baumgeneration qualitativ vorhanden ist. Da die Naturverjüngung im Gegensatz zur Kunstverjüngung evolutionäre Prozesse in geringerem Maße stört, ist diese Verjüngungsart wo und wann immer möglich zu fördern. Es wurde bereits darauf hingewiesen, daß unter natürlichen Bedingungen bestimmte (meist ingezüchtete) Individuen selektiv eliminiert werden. Anpassungsprozesse in verschiedenen Phasen der Naturverjüngung hat bei der Baumart Fichte (*Picea abies*) KONNERT (1991) aufgezeigt. Auch Ergebnisse aus Untersuchungen der Forstlichen Bundesversuchsanstalt (FBVA) zeigen, daß sich Häufigkeiten bestimmter Gene zwischen Altbestand und Naturverjüngung unterscheiden können (Tab. 1).

Genlocus	Bestand			
	Greith	Stoissen	Pommseben	Rothwald
<i>Aat-1</i>				
<i>Aat-1</i>				
<i>Aat-1</i>				
<i>Aco</i>				..
<i>Dia</i>				
<i>Fle-1</i>				
<i>Fle-2</i>				
<i>Gdh</i>				
<i>Hex</i>		***		
<i>Idh-1</i>				
<i>Idh-2</i>				
<i>Nadhuh</i>	***	**		
<i>Pepca</i>	***		*	
<i>Pgi</i>				
<i>Pgm-1</i>				
<i>Pgm-2</i>				
<i>Sod</i>				

Wiederholt wurde darauf hingewiesen, daß durch lange Verjüngungszeiträume möglichst viele Bäume ihre genetische Information an die nächsten Generation weitergeben können und damit i.d.R. eine hohe genetische Vielfalt in der nächsten Generation gewährleistet wird (GEBUREK & THURNER 1993, VON LÖPKE 1993, MÖLLER 1993). Tragen nachweislich nur wenige Bäume, wie etwa beim Überhaltsbetrieb, ihre genetischen Informationen zur nächsten Generation bei, so sind zusätzliche künstliche Maßnahmen zur Erhöhung der genetischen Diversität der nachfolgenden Generation erforderlich. Künstliche Saat oder Pflanzung mit Vermehrungsgut hoher Anpassungsfähigkeit sollten dann die natürliche Verjüngung ergänzen. Da Vollmasten eine besonders hohe genetische Diversität im Vermehrungsgut erwarten lassen, sind sie bevorzugt für Verjüngungen zu nutzen. Dies ist auch aus waldbaulicher Sicht vorteilhaft, da sich die Verjüngung nach Vollmasten stammzahlreich und geschlossen entwickelt. Leider verleiten Vollmasten den Praktiker dazu, die Verjüngung sehr großflächig vorzunehmen. Aus genetischer Sicht sind daher Plenterung und Femelschlag besonders günstige Verfahren.

Die Verjüngung sollte daher bevorzugt durch Gruppenschirmstellung eingeleitet werden, und nur nach Auflaufen der ersten Verjüngung sollten stärkere Auflichtungen behutsam erfolgen. So können Keim- und Anwuchsbedingungen erheblich durch Fehlen der Konkurrenzvegetation verbessert werden. Ferner ermöglicht eine hohe Anzahl von Mutterbäumen und Pollenspendern eine hohe genetische Diversität in der Verjüngung. Bestimmte Baumarten, wie beispielsweise die Weißtanne (*Abies alba*), lassen sich zudem über lange Zeiträume besonders gut verjüngen. Über spezielle Aspekte der Naturverjüngung bei den wichtigsten Baumarten angesichts der Erhaltung hoher genetischer Diversität hat VON LÖPKE (1993) berichtet.

4.2 Kunstverjüngung

Nicht immer wird eine natürliche Verjüngung möglich sein, sei es, daß ein Wechsel der Baumart erforderlich oder aufgrund anderer Faktoren eine natürliche Verjüngung nicht möglich oder unerwünscht ist. So erfolgt in Österreich noch zu 47 % die Endnutzung mittels Kahlschlag mit entsprechender künstlicher Verjüngung der nachfolgenden Bestände.

„Ich halte die Samenfrage für die wichtigste in der Forstwirtschaft!“ Dieser vom Forstpolitiker Prof. Dr. M. Endres anlässlich der Forstvereinstagung in Danzig im Jahre 1910 geprägte Satz hat auch heute - nach

mehr als acht Jahrzehnten - nicht an Aktualität verloren. Angesichts der globalen klimatischen Veränderungen ist man eher geneigt zu sagen, daß *die genetische Qualität von forstlichem Vermehrungsgut noch nie so bedeutsam war wie heute*. Der Erfolg der Waldverjüngung, die Bestandesstabilität und damit letztlich auch der Ertrag sind vom standörtlich geeigneten Vermehrungsgut hoher Anpassungsfähigkeit in entscheidendem Maße abhängig.

4.2.1 Beerntung

Die Art und Weise, wie eine Saatguternte vorgenommen wird, hat Einfluß auf die Anpassungsfähigkeit des neu begründeten Bestandes an veränderte klimatische Bedingungen. Prinzipiell sollen die genetischen Informationen des Saatgutes und des beernteten Bestandes nicht nur in qualitativer, sondern auch in quantitativer Hinsicht, d.h. in ihren genetischen Strukturen übereinstimmen. Da sich die Paarungsverhältnisse von Jahr zu Jahr ändern, ist allein aus diesem Grund genetische Identität zwischen Altbestand und Saatgut eines Erntejahres kaum erreichbar (MÜLLER-STARCK 1991). Werden nur wenige Bäume beerntet, sind darüber hinaus unterschiedliche genetische Informationen durch Zufallseffekte (genetische Drift) wahrscheinlich. Die notwendige Anzahl der zu beerntenden Bäume ist von verschiedenen Faktoren abhängig: Abstand der sich erfolgreich paarenden Bäume (Pollenflug und -dichte), mikrogeographisches genetisches Differenzierungsmuster, Häufigkeiten der Gene, noch zu akzeptierende genetische Verlustwahrscheinlichkeiten im Vermehrungsgut, Menge der geernteten Samen pro Baum, etc.. Aus dieser Aufstellung wird bereits ersichtlich, daß es eine allgemein gültige, optimale Mindestanzahl nicht geben kann. Eine vorgeschlagene Mindestanzahl zu beerntender Bäume wird fallweise genetische Minimalforderungen erfüllen oder übertreffen, in anderen Fällen wird eine hohe genetische Diversität im Vermehrungsgut nur ungenügend realisiert sein. Für die Bereitstellung von Saatgut für Aufforstungen des *USDA Forest Service* werden im Rahmen des *Base-Level-Programs* in Kalifornien 20 Bäume gleichmäßig verteilt über einem Gebiet beerntet, welches sich etwa über 50 Meilen in Nordsüdrichtung in einem Höhengürtel von

152 m erstreckt (LEDIG & KITZMILLER 1992). In Österreich umfassen die Saatguterntebestände zumeist nur wenige Hektar. Es ist daher fraglich, ob 20 zu beerntende Bäume angesichts der notwendigen hohen genetischen Anpassungsfähigkeit neu zu begründender Waldbestände ausreichend sind. Es wird daher vorgeschlagen, für Vermehrungsgut, welches besondere genetische Anforderungen³ erfüllen soll, mindestens 50 Bäume zu beernten (vergl. hierzu auch CALLAHAM 1964 sowie BROWN 1992). In der Praxis wird sich jedoch diese Anzahl nicht immer innerhalb eines Erntejahres realisieren lassen. Nicht notwendigerweise muß aber die Beerntung innerhalb eines Jahres erfolgen. So kann Saatgut im Forstbetrieb über mehrere Jahre im Zuge der Holznutzung gewonnen, und Pflanzgut aus Saatgut verschiedener Reifejahre angezogen werden. Entgegen allen wissenschaftlichen Erkenntnissen darf aber derartiges, genetisch hochwertiges Vermehrungsgut aufgrund nationaler und internationaler Rechtsnormen nicht in den Handel gelangen. Hier besteht dringender Handlungsbedarf, veraltete internationale Rechtsnormen wie die EEC-DIRECTIVE 66/404 (1966) (Europäisches Rahmengesetz) oder nationales Recht [Abschnitt XI des FORSTGESETZES (1975)] zu novellieren (HATTEMER 1987).

Bei Beerntungen in ehemals naturverjüngten Beständen ist auch zu berücksichtigen, daß beerntete Bäume miteinander verwandt sein können. In generativ entstandenen Fichtenbeständen scheinen allerdings räumliche Anhäufungen von Bäumen mit gleicher genetischer Informationen wenig ausgeprägt zu sein (BRUNEL & RODOLPHE 1985, MORGANTE ET AL. 1991).

4.2.2 Pflanzenanzucht

Die Kosten und die äußere Beschaffenheit des Vermehrungsgutes sind für viele Wirtschaftsführer alleinige Kriterien beim Ankauf. Die nicht sichtbaren genetischen Merkmale des Vermehrungsgutes werden leider nicht immer entsprechend berücksichtigt, obwohl sie für den Forstbetrieb gerade angesichts des Klimawandels von entscheidender Bedeutung wären. Homogen erscheinendes Pflanzgut, so wünschenswert es vielleicht hinsichtlich Pflanzung und späterer Pflege erscheinen mag, ist in vielen Fällen aus geneti-

[3] Neben den zwei EU-Kategorien ("ausgewählt" und "geprüft") für forstliches Vermehrungsgut, wird angeregt, eine dritte Kategorie in Österreich zu unterscheiden. Da aufgrund der vielfältigen Standortbedingungen besondere genetische Anforderungen an das forstliche Vermehrungsgut zu stellen sind, könnte eine neue Kategorie "genetisch hochwertig" eingeführt werden. Die zu erlassenden rechtlichen Bestimmungen über die Gewinnung und den Vertrieb von Vermehrungsgut dieser neuen Kategorie müßten dann populationsgenetische Befunde bei der Auswahl der Erntebestände, Anzahl der zu beerntenden Bäume, Aufzucht, Pflanzgutsortierung, etc. in besonderer Weise berücksichtigen. Diese neue Kategorie von forstlichem Vermehrungsgut könnte bei Begründungen von Beständen Verwendung finden, an die besondere Anforderungen hinsichtlich ihrer genetischen Ausstattung (Schutzwälder, Genreservate) gestellt werden.

scher Sicht eher negativ zu beurteilen. Durch Saatgut- und Pflanzensortierung kann Selektion möglicherweise negative Auswirkungen auf genetische Potentiale haben. Experimentelle Untersuchungen haben gezeigt, daß homogene und wachstumsfördernde Anzuchtbedingungen von forstlichem Vermehrungsgut als negativ zu beurteilen sind (KONNERT, pers. Mittlg.). Aufgrund fehlender heterogener Umweltbedingungen im Forstgarten wird inzuchtbelastetes Pflanzenmaterial im Vergleich zur Naturverjüngung in geringerem Umfang eliminiert (SHAW & ALLARD 1982, YAZDANI ET AL. 1985, MUONA ET AL. 1987). Zwar ist auch im Forstpflanzgarten Selektion nachzuweisen, die Reduktion inzuchtbelasteter Pflanzen ist aber entscheidend geringer als bei der Naturverjüngung (MUONA ET AL. 1988). Es muß daher aus genetischer Sicht bedenklich stimmen, wenn die Pflanzenausbeute (verkaufsfähige Pflanzen/ausgesäte Samen) in der Vergangenheit optimiert worden ist. Eher wünschenswert wäre im Pflanzgarten eine starke, den natürlichen Verhältnissen nahekommende Eliminierung von inzuchtbelasteten Individuen, ohne daß diese Auslese zur Reduktion genetischer Potentiale führt. Seit langem ist aber der Forstgenetik bekannt, daß eine Inzuchtbelastung nicht nur die Anpassungsfähigkeit negativ beeinträchtigt, sondern auch zu Zuwachsverlusten führt. So wurde beispielsweise bei *Sequoia sempervirens* (LIBBY ET AL. 1981) und *Picea omorika* (GEBUREK 1985) über deutliche durch Inzucht bedingte Leistungseinbußen berichtet.

4.2.3 Mischung von Vermehrungsgut

Mit dem Ziel, einer anthropogenen Einengung der genetischen Diversität im forstlichen Vermehrungsgut entgegenzuwirken bzw. die genetische Diversität zu steigern, kann vor oder im Rahmen der Bestandesbegründung, Vermehrungsgut aus verschiedenen Bestandeseinheiten vermischt werden. Diese Mischung darf aber - wie bereits ausgeführt - nicht wahllos erfolgen. Experimentelle Befunde über die veränderte Anpassungsfähigkeit von Saatgutmischungen liegen dem Autor nicht vor. Es sei aber darauf hingewiesen, daß bei der "genetischen Vermischung" von Baumarten nicht nur positive Effekte, sondern auch Hybridschwäche nachweisbar sind (u.a. GEBUREK & KRUSCHE 1985). Da eine Zerstörung der koadaptierten Genkomplexe nur bei der genetischen Neukombination im Zuge des Generationswechsels erfolgt, könnten Mischungen verschiedener Herkunft auch nur auf die Begründung bestimmter Bestände beschränkt werden. Wenn diese weder natürlich verjüngt, noch eine spätere Saatguternte in ihnen erfol-

gen würde, ließen sich mögliche negative Folgen einer Saatgutvermischung vermeiden und eine hohe Anpassungsfähigkeit des Bestandes während der Umtriebszeit erreichen.

Die Sinnhaftigkeit einer Mischung von Vermehrungsgut innerhalb einer Höhenstufe ist von der räumlichen Distanz der Saatgutbestände abhängig. Im kleinräumlichen Areal, etwa dem Bereich einer Forstverwaltung, kann das Vermischen von Saatgut einer Baumart aus Beständen einer Höhenstufe unabhängig vom Grad der Autochthonie erfolgen. Bei den meisten Baumarten unserer Wälder erfolgt der Pollentransport und somit auch ein Transfer von genetischer Information durch den Wind. Da der Pollen über relativ große Distanzen vom Wind transportiert wird, kommt es auch unter natürlichen Bedingungen zur Mischung der genetischen Information einzelner Bestände. Dies bedeutet, daß in Waldgebieten mit kleinräumlicher Waldstruktur ein allerdings begrenzter Austausch von genetischer Information zwischen den einzelnen Beständen erfolgt. Die künstliche Mischung von Vermehrungsgut kann in diesem Fall sicher gefahrlos erfolgen, vielmehr wird eher die Erhöhung der genetischen Diversität mit einer Erhöhung der Anpassungsfähigkeit einhergehen. Auch über größere Distanzen, beispielsweise auf Wuchsgebietebene, kann eine Mischung von Vermehrungsgut aus genetischer Sicht durchaus sinnvoll sein. So ist bei vorwiegend autochthonen Beständen, wie z.B. bei der Rotbuche (*Fagus sylvatica*) eine Vermischung von Saatgut aus verschiedenen Beständen eines Wuchsgebietes vermutlich als positiv zu beurteilen.

Treten die prognostizierten Klimaveränderungen tatsächlich ein, so werden sich die Umweltbedingungen rasch ändern. Es ist fraglich, ob eine natürliche Wanderung der heute angepaßten Populationen mit dem Vegetationszonenwandel Schritt halten kann. Durch die künstliche Beimischung von Tieflagenherkünften bei Bestandesbegründungen in höheren Lagen, kann die Anpassungsfähigkeit von Waldbeständen unter Minderung der heutigen Angepaßtheit verbessert werden. Ein anthropogener Transfer von genetischer Information muß aber vorsichtig erfolgen. Bisherige Ergebnisse über die Verfrachtung von Saatgut aus tieferen in höhere Regionen belegen, daß Tieflagenherkünften in der Jugendphase den lokal angepaßten Herkunftsorten oftmals überlegen sind und erst nach 20-30 Jahren in ihrer Leistung abfallen (MIROV ET AL. 1952). Aus Tieflagen verfrachtete Fichtenpopulationen wiesen beispielsweise in höheren Lagen in der Vergangenheit häufig nach anfänglichem guten Wachstum Schneedruck und -bruchschäden auf

(ROHMEDER 1972, *loc. cit.* S. 137). Werden aber möglichst schmalkronige Bestände ausgewählt, deren Höhenlage 200 bis 300 m niedriger ist als die Seehöhe des neu zu begründenden Bestandes, so wird diese Verfrachtung hinsichtlich Ökologie und Ökonomie eher positiv als negativ zu beurteilen sein. Darüber hinaus sollten vereinzelt Bestände mit einer Mischung von Vermehrungsgut begründet werden, welches aus Seehöhen zwischen 200 bis 500 m unter der aktuellen gewonnen wurde. Eine vergleichsweise hohe Pflanzenanzahl pro Flächeneinheit in diesen Beständen würde ferner das genetische Anpassungspotential erhöhen. Diese Bestände sollten aufmerksam in ihrer Entwicklung verfolgt werden und dazu beitragen, künftiges forstwirtschaftliches Handeln zu optimieren. Diese vereinzelt im Forstbetrieb vorkommenden "genetischen Pionierbestände" könnten eine wichtige Grundlage bilden, um einen raschen Genaustausch zwischen verschiedenen Höhenstufen zu ermöglichen und so die Anpassungsfähigkeit zu verbessern.

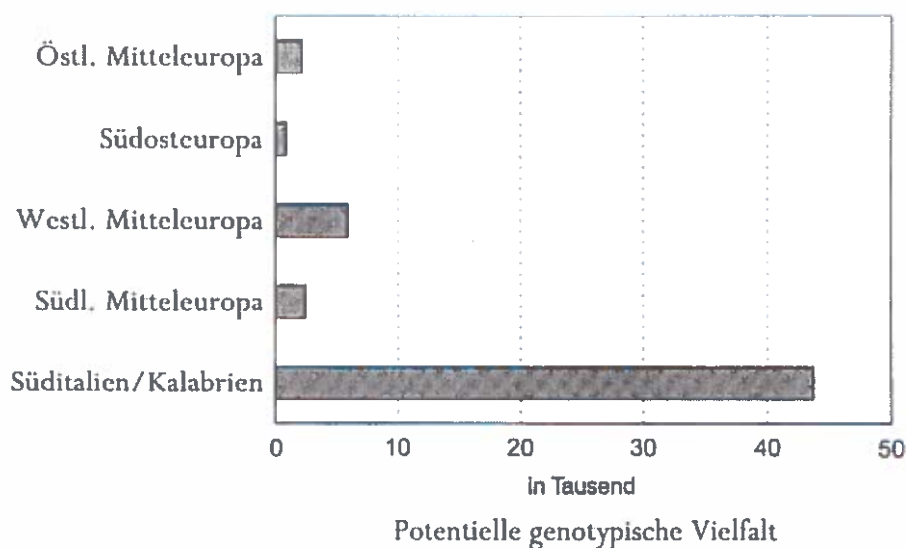
Werden forstliches Saat- oder Pflanzgut aus südlichen (wärmeren) Gebieten in nördlichere verfrachtet und verwendet, so ist dieses Vermehrungsgut an prognostizierte Temperaturen besser angepaßt als lokale Herkünfte. Bei diesem horizontalen Transfer muß aber beachtet werden, daß Herkünfte verschiedener geographischer Breiten an unterschiedliche Tageslängen (Photoperioden) angepaßt sind.

4.2.4 Herkunftswahl

Ist die Auswahl einer geeigneten Herkunft in der Vergangenheit bereits nicht immer leicht gewesen, so wird in Zukunft angesichts der ungewissen kleinräumlichen klimatischen Veränderungen eine Entscheidung noch schwieriger sein. Wie bereits ausgeführt muß bei der Herkunftswahl darauf geachtet werden, daß möglichst anpassungsfähige Populationen verwendet werden. Die Anpassungsfähigkeit ist nur anhand von genetischen Untersuchungen quantifizierbar. In der Regel liegen jedoch keine Befunde über diese Eigenschaft der Populationen vor. Daher wird meist die Wahl auf autochthone oder lokal bewährte Bestände fallen. Nicht immer haben jedoch diese Bestände auch eine hohe Anpassungsfähigkeit. Wenn diese Waldbestände anthropogen oder durch andere Gründe genetisch eingengt sind, ist es nicht sinnvoll, lokale Populationen als Ausgangsmaterial für das Vermehrungsgut zu verwenden. Dies soll beispielsweise anhand von zwei bedeutsamen Baumarten näher ausgeführt werden.

Die Herkünfte der Weißtanne (*Abies alba*) aus West-, Mittel- und Osteuropa weisen im Vergleich zu südost- und vor allem südeuropäischen Populationen nur eine geringe Vitalität und Variabilität vieler adaptiver Merkmale auf. Dies konnte nicht nur in Herkunftsversuchen (LARSEN 1981), sondern auch in ökophysiologischen Experimenten (u.a. LARSEN ET AL.

Abb. 5:
Potentielle genotypische Vielfalt in verschiedenen Regionen der Weißtanne (*Abies alba*) (nach Daten aus BERGMANN ET AL. 1990).

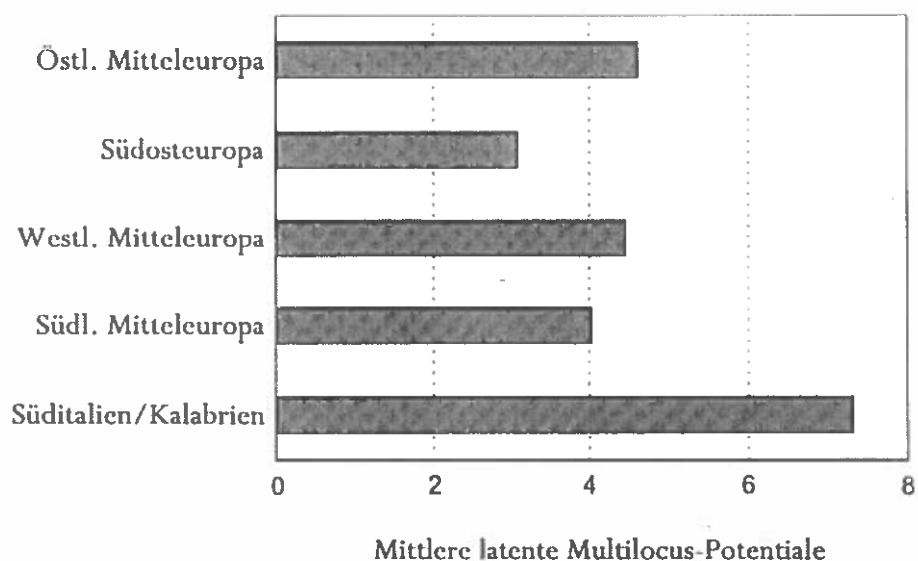


1988) gezeigt werden. Auch Untersuchungen bezüglich der Trockenresistenz alpiner Tannenprovenienzen stehen im Einklang mit der genetischen Differenzierung (ROTACH 1990). Soll die Weißtanne künstlich in den Bestand eingebracht werden, so sind anpassungsfähige Populationen zu berücksichtigen. Weißtannen aus Süditalien (Kalabrien) weisen nicht nur eine hohe genetische Diversität, sondern auch bedeutend höhere latente genetische Potentiale auf als österreichische Provenienzen (BERGMANN ET AL. 1990) (Abb. 5, Abb. 6). Jedoch sind im Vergleich zu österreichischen Tannenherkünften kalabrische an die Tageslänge vermutlich nur suboptimal angepaßt. Folgende Vorgangsweise erscheint daher als sinnvoll: Sind die neu zu begründenden Tannenbestände mindestens 500 m von heimischen autochthonen Weißtannenbeständen entfernt, sollte die künstliche Begründung mit einem Gemisch aus alpinen und südeuropäischen Herkünften erfolgen. Selbst bei einem nicht zu erwartenden Totalausfall kalabrischer Herkünfte, ist die Bestandesstabilität aufgrund der Mischung des Vermehrungsgutes nicht gefährdet. Als eine mögliche Beimischung erscheint ein zehn- bis zwanzigprozentiger Anteil von kalabrischen Herkünften aus entsprechender (physiologischer) Höhenlage geeignet. Der Beimischungsanteil kalabrischer Weißtannen sollte bei Neubegründungen von Tannen-zwangsstandorten niedrig und auf Standorten, welche nur bedingt für die Weißtanne geeignet sind, hoch gewählt werden. Theoretisch denkbare Verluste an genetischer Anpassungsfähigkeit der kommenden

Tannengenerationen durch Störung koadaptierter Genkomplexe werden als sehr unwahrscheinlich angesehen. Genetisch interessierte Wirtschaftsführer könnten die kalabrischen Weißtannen auf der Verjüngungsfläche kennzeichnen, um den Entwicklungsverlauf der italienischen im Vergleich zu den lokalen Tannen verfolgen zu können. Eine Kennzeichnung hätte ferner den Vorteil, die kalabrischen bzw. lokalen Weißtannenherkünfte räumlich gleichmäßig über die Fläche zu verteilen. An dieser Stelle sei der Hinweis erlaubt, daß der oftmals gehörte Einwand, die Weißtanne verjünge sich bei reduziertem Wildbestand ausgezeichnet und daher sei eine künstliche Einbringung kalabrischer Herkünfte nicht notwendig, nicht zutreffend ist. Eine heute erfolgreiche Tannenverjüngung alpiner Provenienzen ändert nicht die Tatsache einer geringen genetischen Diversität dieser Baumart im Alpenraum und ist hinsichtlich der langfristigen Anpassungsfähigkeit alpiner Weißtannenprovenienzen ohne Relevanz.

Großräumige Gebiete mit stark reduzierter genetischer Variation sind bei Fichte im Gegensatz zur Weißtanne nicht bekannt. Aber auch bei dieser Baumart existieren innerhalb des sehr großen Areals Herkünfte mit unterschiedlicher Standorttoleranz. So haben sich in vielen internationalen Feldversuchen besonders Provenienzen aus den Ostkarpaten, dem Bihorergebirge sowie dem Bergland zwischen dem Slowakischen Erzgebirge und den Beskiden bewährt. Die hohe Standorttoleranz dieser Herkünfte wurde auch in österreichischen Testanbauten bestätigt (GÜNZL

Abb. 6:
Latente genetische Potentiale
in verschiedenen Regionen
der Weißtanne (*Abies alba*)
(nach Daten aus BERGMANN
ET AL. 1990).



1990, SCHULTZE 1990). Eine andere Region, in der besonders anpassungsfähige Provenienzen zu finden sind wird durch den nacheiszeitlichen Vorstoß der Fichte aus dem russischen Refugium in westlicher Richtung bis zu einem fichtenfreien Streifen in Mitteleuropa entlang der Weichsel- und Bugniederung (Mittelpolnische Disjunktion) abgegrenzt (SCHMIDT-VOGT 1977). Isoenzymatische Untersuchungen zeigen, daß in diesem Gebiet, welches das Baltikum, Nordostpolen und Nordweißrußland umfaßt, die genetische Diversität um 50 % höher ist als in Fichtenpopulationen des Alpenraumes (LAGERCRANTZ & RYMAN 1990) (Abb. 7).

4.3 Durchforstungen

Eine Auslesedurchforstung kann nachweislich die genetische Zusammensetzung des verbleibenden Bestandes verändern. Der Einfluß dieser forstwirtschaftlichen Maßnahme auf die genetische Diversität muß aber nach gegenwärtigem Kenntnisstand als gering beurteilt werden (HOSIUS 1993). Soll ein selektiver Effekt der Durchforstung vermieden werden, so sind Stammzahlreduktionen systematisch durchzuführen, wie dies z.B. bei Durchforstungen von Generhaltungsbeständen vorgeschlagen wird (FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION 1992, *loc. cit.* S. 7-10).

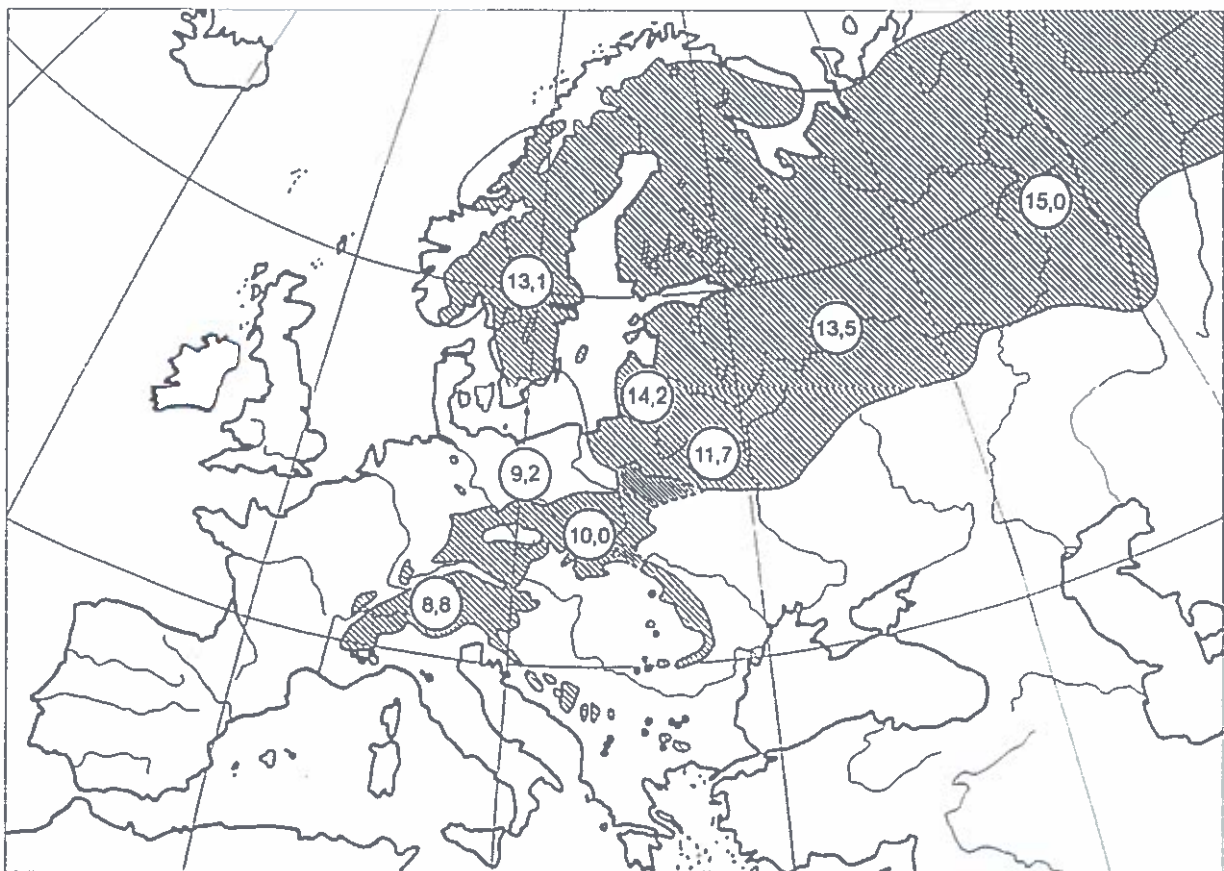


Abb. 7: Genetische Diversität [%] in verschiedenen Regionen der Fichte (*Picea abies*) ermittelt an 22 Isoenzym-Genen (nach Daten aus LAGERCRANTZ & RYMAN 1990).

5. Schlußfolgerungen

Waldökosysteme werden sich in den nächsten Jahrzehnten durch klimatische Veränderungen beträchtlich umgestalten. Um den künftigen Entwicklungen nicht unvorbereitet gegenüberzustehen, bedarf es schon jetzt intensiver Bemühungen. Die zu treffenden nationalen und internationalen Maßnahmen überragen alle historischen Dimensionen. Mißlingen politische, wirtschaftliche und wissenschaftliche Anstrengungen, so reichen die Folgen weit über den forstwirtschaftlichen Sektor hinaus. Die Chancen, negative Folgen des Klimawandels abzuwenden, werden aber in dem Maße gesteigert, wie Kenntnisse über die Anpassungsfähigkeit verbessert und in der forstlichen Praxis angewendet werden. Das Verständnis über die Funktion von Waldökosystemen sollte über die bisher besonders intensiv untersuchten Stoff- und Energieflüsse hinausgehen und durch die Berücksichtigung genetischer Informationen in Raum und Zeit verbessert werden (SCHOLZ 1993). Der derzeitige genetische Kenntnisstand macht es aber bereits heute zwingend notwendig, bestehende Rechtsnormen über die künstliche Bestandesbegründung entsprechend anzupassen.

Strategien, welche die Maximierung der genetischen Anpassungsfähigkeit oder die Realisierung einer bereits heute großen Angepaßtheit an ein wärmeres Klima verfolgen, sind in einer zukunftsorientierten Forstwirtschaft anzuwenden. Einer hohen genetischen Anpassungsfähigkeit der Waldbestände muß jedoch die größere Bedeutung zukommen, da sich das Klima auch in den kommenden Dezennien verändern wird. Damit muß die Schaffung und langfristige Erhaltung einer hohen genetischen Diversität der Waldbaumpopulationen zur Maxime erhoben und auch in der forstlichen Praxis beachtet werden. Eine nachhaltige Nutzung der Wälder ist ohne eine genetische Nachhaltigkeit nicht realisierbar.

Vor allem durch die vorhergesagte Rasanze des Klimawechsels werden einige Baumarten vermutlich nicht fähig sein, der raschen Verschiebung der für sie geeigneten ökologischen Nischen räumlich auch zu folgen. Unter der Prämisse, heimische Baumarten auch zukünftig in Österreich zu erhalten, kann ein künstlicher Transfer von Saat- bzw. Pflanzgut sowohl horizontal als auch vertikal über die Grenzen der Provenienzbereiche stabilitätsfördernd sein. In der Forstwirtschaft sollten die lange angewandten Praktiken kritisch hinterfragt und die Voraussetzungen für zukünftig notwendige Änderungen geschaffen werden. Wenn die Anzeichen für die prognostizierte Kli-

maänderung in den nächsten Jahren lokal deutlicher erkennbar werden, sollten bereits ausgearbeitete Handlungsgrundlagen vorliegen, um rasch reagieren zu können (LEDIG & KITZMILLER 1992).

“Es ist nicht genug zu wissen,
man muß es auch anwenden;
es ist nicht genug zu wollen,
man muß es auch tun.”

J.W. Goethe

Danksagung

Herrn Dipl.-Ing. Gerald Thurner wird für seine wertvollen Diskussionsbeiträge und für seine Mithilfe bei der Erstellung der Abbildungen herzlich gedankt. Die isoenzymatischen Laboruntersuchungen wurden vorbildlich von Forstadjunkt Wilfried Nebenführ durchgeführt. Frau Renate Slunsky hat sorgfältig das Manuskript redigiert.

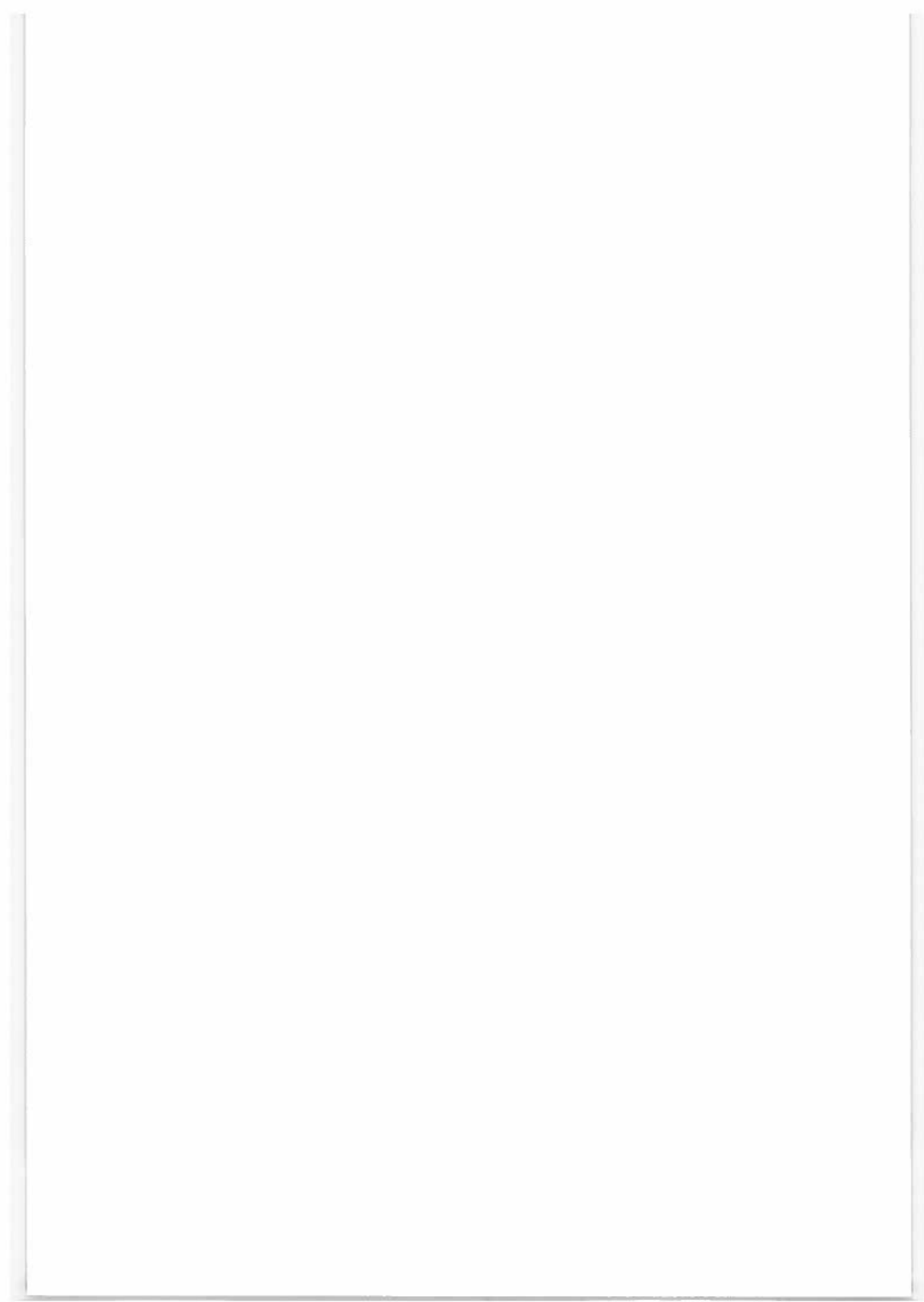
7. Literatur

- AUER I., BOHM R., DIRMHIRN I., MOHNL H., PUTZ E., RUDEL E. & SKODA G. 1992: *Klimareihen: Analyse und Interpretation von Klimadaten*. In: ÖSTERREICHISCHE AKADEMIE DER WISSENSCHAFTEN. *Bestandsaufnahme anthropogene Klimaänderungen: Mögliche Auswirkungen auf Österreich - Mögliche Maßnahmen in Österreich*. Österreichische Akademie der Wissenschaften, Kommission für die Reinhaltung der Luft, Wien.
- BERGMANN F., GREGORIUS H.-R. & LARSEN J.B. 1990: *Levels of genetic variation in European silver fir (Abies alba)*. *Genetica*, 82:1-10.
- BRADSHAW A.D. & MCNEILLY T. 1981: *Evolution and Pollution*. London, Edward Arnold Publishing, UK, 76 p.
- BRANDON R.N. 1991: *Adaptation and Environment*. New York, Princeton University Press, USA, 214 p.
- BROWN A.H.D. 1978: *Isozymes, plant population genetic structure and genetic conservation*. *Theor. Appl. Genet.*, 52:145-157.
- BROWN A.H.D. 1992: *Human impact on plant gene pools and sampling for their conservation*. *Oikos*, 63:109-118.
- BRUNEL D. & RODOLPHE F. 1985: *Genetic neighbourhood structure in a population of Picea abies L.*. *Theor. Appl. Genet.*, 71:101-110.
- BURCZYK J. 1991: *The mating system in a Scots pine clonal seed orchard in Poland*. *Ann. Sci. For.*, 48:443-451.
- CALLAHAN R.Z. 1964: *Provenance research: investigation of genetic diversity associated with geography*. *Unasylva*, 18:40-50.

- DAVIS M.B. & ZABINSKI C. 1992: *Changes in geographical range resulting from greenhouse warming: effects on biodiversity in forests*. In: PETERS R.L. & LOVEJOY T.E. (eds.): *Global Warming and Biological Diversity*. New Haven und London, Yale Univ. Press, USA, 297-308.
- EEC-DIRECTIVE 66/404 1966: *Council Directive of 14 June 1966 on the marketing of forest reproductive material (66/404/EEC)*. Off. J. Eur. Comm. 2326/66, 161-167.
- FARRIS M.A. & MITTON J.B. 1984: *Population density, outcrossing rate, and heterozygote superiority in ponderosa pine*. *Evolution*, 38:1151-1154.
- FLOHN H., KAPALA A., KNOCH H.R. & MÄCHEL H. 1992: *Recent changes of the tropical water and energy budget of midlatitude circulations*. *Clim. Dynam.*, 4:237-252.
- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION 1992: *Forest Genetic Resources, Information No. 20*. Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), Rome, 78 p.
- FORSTGESETZ 1975: *Bundesgesetz vom 3. Juli 1975, mit dem das Forstwesen geregelt wird* (Forstgesetz 1975).
- GEBUREK TH. 1985: *Some results of inbreeding depression in Serbian spruce (Picea omorika (Panc.) Purk.)*. *Silvae Genet.*, 35:169-172.
- GEBUREK TH. & KRUSCHE D. 1985: *Wachstum von Hybriden zwischen Picea omorika und P. sitchensis im Vergleich zu den Elternarten*. *Allg. Forst- Jagdztg.*, 156:47-54.
- GEBUREK TH. & MUHS H.J. 1987: *Evacuation as a means of conserving forest gene resources for fir and beech*. *Natural Resources and Development*, 25:49-61.
- GEBUREK TH. & THURNER G. 1993: *Verändert sich der Genpool von Waldbeständen durch forstwirtschaftliche Maßnahmen?* Cbl. f. d. ges. Forstwesen, 110:49-62.
- GREGORIUS H.-R. 1991: *Gene conservation and the preservation of adaptability*. In: SEITZ A. & LOESCHKE V. (eds.): *Species Conservation: A Population-Biological Approach*. Basel, Birkhäuser Verlag, Schweiz, 31-47.
- GREIG J.C. 1979: *Principles of genetic conservation in relation to wildlife management in Southern Africa*. *S. African J. Wildlife Res.*, 9:57-78.
- GUNZL L. 1990: *Forstgenetik in Österreich*. *Österr. Forstztg.*, 101:10-11.
- HATTEMER H.H. 1987: *Are the EEC directives on forest reproductive material genetically adequate?* *Silvae Genet.*, 36:94-102.
- HORNBACHER D. 1993: *Der anthropogene Treibhauseffekt*. *Greenpeace Österreich*, Wien, 58 S.
- HOSIUS B. 1993: *Wird die genetische Struktur eines Fichtenbestandes von Durchforstungseingriffen beeinflusst?* *Forst und Holz*, 48:306-308.
- KÄRKÄINEN K. & SAVOLAINEN O. 1993: *The degree of early inbreeding depression determines the selfing rate at the seed stage: model and results from Pinus sylvestris (Scots pine)*. *Heredity*, 71:160-166.
- KAL'CHENKO V.A., RUBANOVICH A.V., FEDOTOV I.S. & ARKHIPOV, N.P. 1993: *Genetic effects induced by the Chernobyl accident in the gametes of Scots pine (Pinus sylvestris L.)*. *Genetica*, 29:1205-1212.
- KNOWLES P., FURNIER G.R., ALEKSUIK M.A. & PERRY D.J. 1987: *Significant levels of self-fertilization in natural populations of tamarack*. *Can. J. Bot.*, 65:1087-1091.
- KONNERT M. 1991: *Vergleich der genetischen Struktur verschiedener Generationen zweier natürlich verjüngter Fichtenbestände des Schwarzwaldes*. *Silvae Genet.*, 40:60-65.
- KRAPFENBAUER A. 1993: *Globale Veränderungen - Erd- und himmelsmechanisch vorgegebene Funktionalitäten - Übersteuerung durch menschliche Aktivitäten*. Cbl. f. d. ges. Forstwesen, 110:115-134.
- KRAUCHI N. 1993: *Potential impacts of a climate change on forest ecosystems*. *Eur. J. For. Path.*, 23:28-50.
- LAGERCRANTZ U. & RYMAN N. 1990: *Genetic structure of Norway spruce (Picea abies): concordance of morphological and allozymic variation*. *Evolution*, 44:38-53.
- LARSEN J.B. 1981: *Waldbauliche und ertragskundliche Erfahrungen mit verschiedenen Provenienzen der Weißtanne (Abies alba Mill.) in Dänemark*. *Forstw. Cbl.*, 100:275-287.
- LARSEN J.B., QUIAN X.M., SCHOLZ F. & WAGNER I. 1988: *Ecophysiological reactions of different provenances of European silver fir (Abies alba Mill.) to SO₂ exposure during winter*. *Eur. J. For. Path.*, 18: 44-50.
- LEDIG T.F. & KITZMILLER J.H. 1992: *Genetic strategies for reforestation in the face of global climate change*. *For. Ecol. Manage.*, 50:153-169.
- LEWANDOWSKI A., BURCZYK J. & MEJNARTOWICZ L. 1991: *Genetic structure and the mating system in an old stand of Polish larch*. *Silvae Genet.*, 40:75-79.
- LIBBY W.J., MCCUTCHAN B.G. & MILLAR C.I. 1981: *Inbreeding depression in selfs of redwood*. *Silvae Genet.*, 30:15-25.
- LÜPKE B. VON 1993: *In situ-Erhaltung: Möglichkeiten der Integration in den praktischen Forstbetrieb*. *Forstarchiv*, 64:73-78.
- MIROV N.T., DUFFIELD J.W. & LIDDICOET A.R. 1952: *Altitudinal races of Pinus ponderosa, 12-year progress report*. *J. Forestry*, 50:825-831.
- ORGANTE M., VENDRAMIN G.G. & ROSSI P. 1991: *Effects of stand density on outcrossing rate of two Norway spruce (Picea abies) populations*. *Can. J. Bot.*, 69:2704-2708.
- MORGANTE M., VENDRAMIN G.G., ROSSI P. & OLIVIERI A.M. 1993: *Selection against inbreds in early life-cycle phases in Pinus leucodermis Ant.*. *Heredity*, 70:622-627.
- MÜLLER, F. 1993: *Auswahl und waldbauliche Behandlung von Gen-Erhaltungsbeständen*. FBVA-Berichte, Nr.73, 22 S.
- MÜLLER-STARCK G. 1991: *Genetic processes in seed orchards*. In: GIERTYCH M. & MATYÁS Cs. (eds.): *Genetics of Scots Pine*. Amsterdam, Elsevier, The Netherlands, 147-162.
- MUONA, O. 1990: *Population genetics in forest tree improvement*. In: BROWN A.H.D., CLEGG M.T., KAHLER A.L. & WEIR B.S. (eds.): *Plant Population Genetics, Breeding, and Genetic Resources*. Sunderland, Sinauer Associates Inc., Mass., USA, 282-298.
- MUONA O., YAZDANI R. & RUDIN D. 1987: *Genetic change between life stages in Pinus sylvestris: allozyme variation in seeds and planted seedlings*. *Silvae Genet.*, 36:39-42.

- MUONA O., HARJU A. & KÄRKKÄINEN K. 1988: *Genetic comparison of natural and nursery grown seedlings of Pinus sylvestris using allozymes*. Scand. J. For. Res., 3:37-46.
- ÖSTERREICHISCHE AKADEMIE DER WISSENSCHAFTEN 1992: *Bestandsaufnahme anthropogene Klimaänderungen: Mögliche Auswirkungen auf Österreich - Mögliche Maßnahmen in Österreich*. Österreichische Akademie der Wissenschaften, Kommission für die Reinhaltung der Luft, Wien.
- OZENDA P. 1989: *Le déplacement vertical des étages de végétation en fonction de la latitude: un modèle simple et ses limites*. Bulletin de la Société Géologique de France, 8:535-540.
- PETERS R. L. 1990: *Effects of global warming on forests*. For. Ecol. Manage., 35:13-33.
- RADDI S. 1993: *Genetic studies on beech populations in Italy*. In: MUHS H.-J. & VON WUEHLISCH G. (eds.): *The Scientific Basis for the Evaluation of Forest Genetic Resources of Beech*. Proceedings of an EC Workshop, Ahrensburg 1993, working document of the EC, DG VI, Brussels, 209-213.
- RINK G., CARROLL E.R. & KUNG F.H. 1989: *Estimation of Juglans nigra L. mating system parameters*. For. Sci., 35:623-627.
- ROHMEDER E. 1972: *Das Saatgut in der Forstwirtschaft*. Hamburg, Paul Parey, Deutschland, 273 S.
- ROTACH P. 1990: *Trockenresistenz und Immissionshärte bei Weißtanne*. In: HATTEMER H.H. (Hrg.): *Erhaltung forstlicher Genressourcen*. Schriften der Forstlichen Fakultät der Univ. Göttingen und der Niedersächsischen Forstlichen Versuchsanstalt, 98:58-74.
- ROWNTREE P.R. 1990: *Predicted climate changes under 'greenhouse-gas' warming*. In: JACKSON M.T., FORD-LLOYD B.V. & PARRY M.L. (eds.): *Climate Changes and Plant Genetic Resources*. London/New York, Belhaven Press, UK, 18-33.
- SCHMIDT-VOGT H. 1977: *Die Fichte*. Hamburg, Paul Parey, Deutschland, Bd I, 647 S.
- SCHNEIDER S.H., MEARNES L. & GLEICK P.H. 1992: *Climate-change scenarios for impact assessment*. In: PETERS R.L. & LOVEJOY T.E. (eds.): *Global Warming and Biological Diversity*. New Haven, Yale Univ. Press, USA, 38-55.
- SCHOLZ F. 1993: *Anforderungen an die forstliche Forschung aufgrund der prognostizierten Klimaänderungen*. Allg. Forstz. München, 48:592-595.
- SCHULTZE U. 1990: *Polnische Fichtenherkünfte in Österreich*. Österr. Forstztg., 101:21-23.
- SHAW D.V. & ALLARD R.W. 1982: *Isozyme heterozygosity in adult and open-pollinated embryo samples of Douglas-fir*. Silva Fennica, 16:115-121.
- SHEA K.L. 1987: *Effects of population structure and cone production on outcrossing rates in Engelmann spruce and subalpine fir*. Evolution, 41:124-136.
- WEBB T. 1992: *Past changes in vegetation and climate: lessons for the future*. In: PETERS R.L. & LOVEJOY T.E. (eds.): *Global Warming and Biological Diversity*. New Haven, Yale Univ. Press, USA, 59-75.
- YAZDANI R., MUONA O., RUDIN D. & SZMIDT A.E. 1985: *Genetic structure of a Pinus sylvestris L. seed-tree stand and naturally regenerated understory*. Forest Sci., 31:430-436.

Verfasser: DDr. habil. Thomas Geburek
Forstliche Bundesversuchsanstalt
Institut für Forstgenetik
Hauptstraße 7
A-1140 Wien



Klimaänderung - neue Kriterien für Herkunftsempfehlungen

U. SCHULTZE

Institut für Forstgenetik, Forstliche Bundesversuchsanstalt

Kurzfassung

Angesichts vorhergesagter Klimaänderung ist die richtige Herkunftswahl bei Bestandesbegründungen von entscheidender Bedeutung für die Stabilität zukünftiger Bestände, oft auch für deren langfristiges Überleben. War bisher das Kriterium der Angepaßtheit an jeweilige Standorte maßgebend für eine solche Wahl, muß zukünftig ein besonderes Gewicht auf Anpassungsfähigkeit gelegt werden. Voraussetzung dafür ist eine möglichst hohe genetische Variation innerhalb von Populationen. Anhand von Beispielen aus der Fichten- und Douglasienforschung wird dargestellt, daß Herkunftsversuche erst der jüngsten Vergangenheit das geographisch-genetische Verteilungsmuster von Populationen einer Art erkennen lassen. Solange nicht durch andere Verfahren bessere oder ergänzende Kenntnisse von Herkunftseigenschaften erlangt werden können, stellen Ergebnisse aus Herkunftsversuchen derzeit die wichtigste, oft auch die einzige Grundlage für Herkunftsempfehlungen dar. Das Ergreifen von forstlichen Maßnahmen, die zu einer Erhöhung der genetischen Variation und damit der Anpassungsfähigkeit führen (z.B. ausreichende Bestandesbeerntungen, Saatgutmischung mehrerer Erntejahre, Herkunftstransfer usw.), wird als unbedingt notwendig erachtet.

Stichworte: Angepaßtheit, Anpassung, Herkunftsempfehlungen, Klimaänderung, Provenienz, Provenienzversuche,

Abstract

Climatic change - a new criteria for provenance recommendations

With view to the projected climatic change the correct selection of provenances will in the future be of vital importance in respect of the stability, sometimes also for the long-term survival, of newly established stands. While, thus far, the degree of adaptation of a species to the conditions of the respective sites has been decisive in this connection, future selections will require that special importance be attached to adaptability, the potential to adapt to new, or changing, conditions. The condition is maximum genetic variation among populations. Examples from research studies with spruce and Douglas fir show that the results of recent provenance trials provide information about the geographical-genetic distribution pattern of populations of species. As long as there are no other procedures available with which to obtain better or additional knowledge about provenance-related properties, the results achieved in provenance trials will remain the most important, sometimes only, basis of provenance recommendations. The author considers it an absolute necessity to take forestry measures which enhance genetic variation and, consequently, ad-

aptability (e.g. sufficient stand harvesting, mixing of seeds from several harvesting years, provenance transfer, etc.).

Key words: adaptability, adaptation, climatic change, provenance, provenance trial, provenance recommendation.

1. Einleitung

Umweltveränderungen hatten in der Vergangenheit ausschließlich natürliche Ursachen. Sie liefen auch meist über Zeiträume von mehreren hunderttausend Jahren ab, zumindest erstreckten sie sich über mehrere Baumgenerationen. Immer häufiger treten nun anthropogen bedingte Umweltveränderungen (z.B. saurer Regen, Luftverunreinigungen und zuletzt Treibhauseffekt) in einem Ausmaß und Geschwindigkeit auf, welche das natürliche Anpassungsvermögen von Baumpopulationen bis aufs äußerste beanspruchen, wenn nicht sogar übersteigen. Der landläufige Spruch: "Wie gut hat es die Forstpartie, der Wald der wächst auch ohne sie" verliert seine einstige Gültigkeit zusehend. Die Mehrzahl unserer Wälder, deren ursprüngliche, genetisch vielfältige Zusammensetzung durch menschliche Eingriffe vielfach gestört und in manchen Fällen auch zerstört wurde, ist immer mehr auf helfende forstliche Eingriffe angewiesen, um ihre Existenz langfristig zu sichern.

Die Wahl der richtigen Herkunft ist eine grundlegende Entscheidung und wird bei der Begründung neuer Bestände, nicht nur aus genetischer Sicht, als die entscheidende Frage überhaupt erachtet. Es wird damit sowohl die Basis für das Erreichen wirtschaftlicher Zielvorgaben festgelegt als auch das genetische Potential zukünftiger Populationen abgegrenzt. Umfang und Ausmaß des Reagierens von Beständen auf Umwelteinflüsse kann, wenn man vom Zufließen genetischer Information von außen (Genfluß und Migration) absieht, nur im Rahmen der so vorgegebenen genetischen Ausstattung erfolgen.

2. Möglichkeiten der Anpassung von Bäumen

Aufgrund ihrer Ortsfestigkeit und Langlebigkeit sind Bäume in ihrem Leben äußerst heterogenen Umweltbedingungen ausgesetzt. Sie weisen im Vergleich zu anderen Lebewesen deshalb einen sehr hohen Grad an Heterozygotie und genetischen Polymorphismus auf, (STETTLER 1986) um darauf ausreichend reagieren zu können. Durch zahlreiche Untersuchungen ist belegt, daß heterozygote Individuen homozygoten an phänotypischer Stabilität überlegen sind (MÜLLER-STARCK & HATTEMER 1989). Populationen, die sich aus Individuen mit heterogenen genetischen Informationen zusammensetzen, können aufgrund der so vorhandenen genetischen Vielfalt umfangreiche Selektionsprozesse ertragen, ohne in ihrem Bestand auf lange Sicht gefährdet zu sein. Fehler in der Herkunftswahl können sich fatal auswirken.

Die Fähigkeit des einzelnen Baumes, Veränderungen seines Habitats zu überdauern, beruht auf seiner genetischen Ausstattung und den physiologischen Reaktionen, die diese gestattet. Populationen, die sich aus Einzelindividuen mit unterschiedlichen genetischen Merkmalen zusammensetzen, können nur aufgrund der Summe der vorhandenen verschiedenen Genotypen agieren. Dieses Potential bestimmt deren ökophysiologische Anpassungsmöglichkeiten (SCHOLZ 1993). Innerhalb dieser Möglichkeiten können als Antwort auf modifizierende Umwelteinflüsse verschiedene Phänotypen ausgebildet werden.

2.1 Vorgänge natürlicher Auslese

Waldbaumpopulationen unterliegen einem ständigem Selektionsprozeß, der am Phänotyp der einzelnen Bäume angreift. Über die Veränderung der Phänotypenverteilung einer Population durch Ausscheiden oder Verdrängen nicht angepaßter Individuen durch erfolgreichere kommt es zu einer Änderung der Häufigkeitsverteilung der Genotypen. In der Folge nehmen solche gut angepaßten Bäume vermehrt an der Fortpflanzung teil und tragen im verstärkten Maß zu der genetischen Ausstattung der Folgegeneration bei. Entscheidend für den Fortbestand einer Population ist also eine umfangreiche Überlieferung "erfolgreicher" genetischer Information und deren Verteilung auf die einzelnen Nachkommen (genetische Struktur). An den geänderten genetischen Strukturen der Nachfolgenerpopulation setzen nun erneut umweltbedingte Selektionsprozesse an. Anpassungsprozesse laufen über viele Baumgenerationen hinweg ab.

Da die einzelnen Umweltfaktoren in einem ständigen Wandel begriffen sind, kann immer nur ein relatives Maß an Angepaßtheit an diese erreicht werden. Die jeweiligen Wuchsbedingungen zeigen also auf, ob die zeitlich früher stattgefundenen Anpassungsprozesse für den Weiterbestand einer Population förderlich verlaufen sind. Die "Güte" der Angepaßtheit an Standortbedingungen wird retrospektiv beurteilt. Generationsdauer der Bäume einerseits und Umfang und Geschwindigkeit von Umweltveränderungen andererseits spielen eine entscheidende Rolle.

2.2 Anpassungsfähigkeit

Eine ausreichende Angepaßtheit an gegebene Umweltbedingungen kann zwar das Erreichen eines hohen Alters und damit auch der Fortpflanzungsfähigkeit ermöglichen, ist aber für das langfristige Bestehen einer Population in der Regel allein nicht ausreichend. Weil Umweltveränderungen stetig stattfinden, ist erst durch das Vorhandensein einer genügenden Zahl unterschiedlicher Genotypen (genetische Variation), die eine ausreichende Anpassung an solche Veränderungen erlauben, der Weiterbestand einer Population über einen Generationswechsel hinaus abgesichert. Die Erhaltung der Anpassungsfähigkeit sichert den langfristigen Fortbestand von Populationen einer Art und ist somit eine unentbehrliche Voraussetzung für ökologisch-genetische Stabilität (MÜLLER-STARCK 1993).

Je größer die genetische Variation einer Population ist, das heißt je heterogener sie zusammengesetzt ist, desto größer ist auch ihre Anpassungsfähigkeit. Prozesse der Anpassung vermindern in der Regel die genetische Variation einer Population und damit auch deren Anpassungsfähigkeit. Angepaßtheit und Anpassungsfähigkeit stehen miteinander in einem dynamischen Gleichgewicht (Abb. 1).

Durch Anpassung an extreme, sehr selektiv wirkende Umweltbedingungen kann die Anpassungsfähigkeit von Populationen eingeschränkt werden.

Neben Anpassungsprozessen kann auch eine drastische Reduktion der Größe von Populationen und deren Isolation (kein Zufließen genetischer Information aus anderen Populationen) zu verminderter Genhäufigkeit führen und unter Umständen die genetische Variation reduzieren (Flaschenhalseffekt) (GREGORIUS ET AL. 1985). Nachfolgebestände solcher Populationen können eine mehr oder weniger herabgesetzte genetische Vielfalt aufweisen.

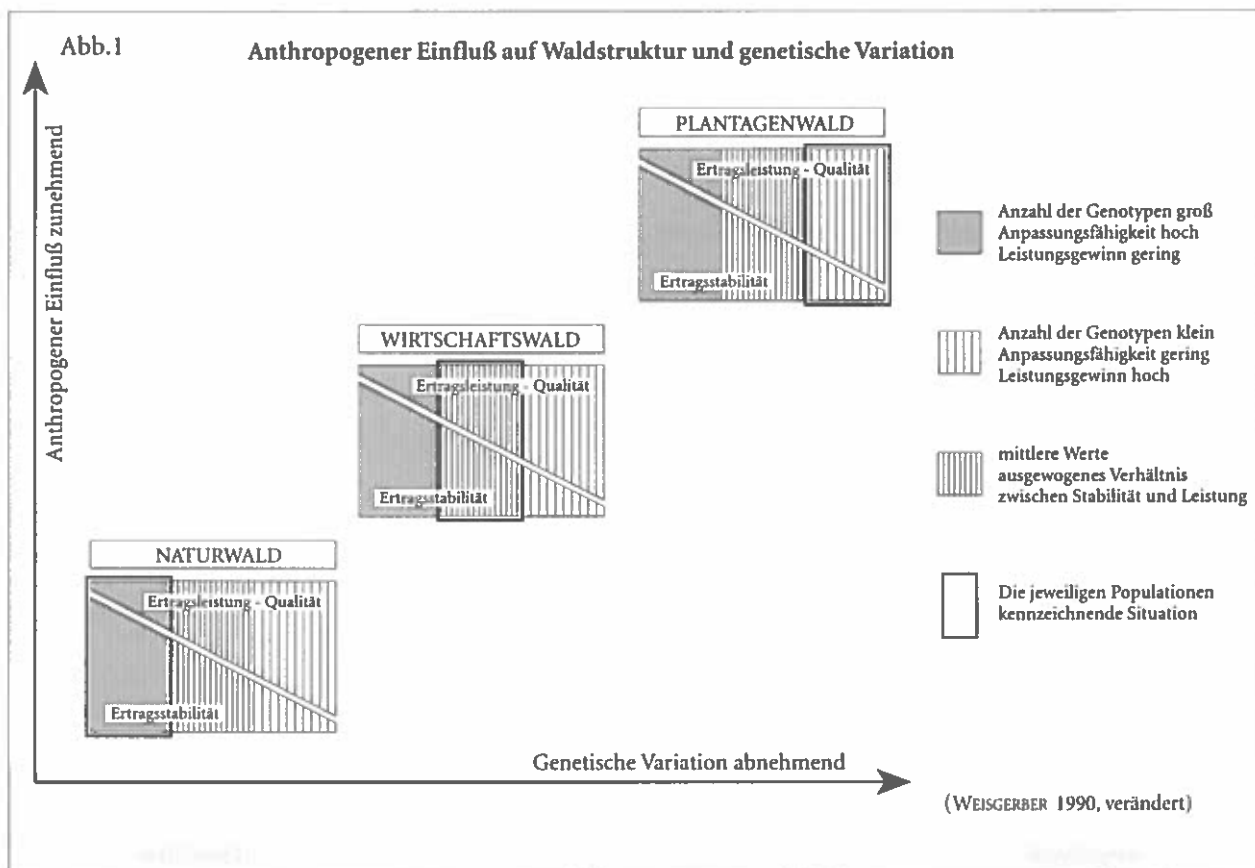
2.3 Arealveränderungen

Baumpopulationen konnten sich, bedingt durch ihr Adaptationsvermögen, an die in der Vergangenheit stattgefundenen Klimaänderungen anpassen und so überleben. Durch die Verbreitungsmöglichkeit ihrer Samen sind Populationen auch in der Lage, durch Klimaänderung neu entstandene zusagende Areale, sogenannte ökologische Nischen, zu besiedeln. Die "Wandergeschwindigkeit" beträgt, je nach Samenverbreitungsmedium wie zum Beispiel Wind oder Wasser, auch bei leichtsamigen Baumarten nur etwa 50 bis 100 km in 100 Jahren (SCHMIDT-VOGT 1977, THOMAS 1991). Bei der vorhergesagten Klimaänderung muß mit einer Nordverschiebung der Isothermen um 400 - 600 km in 100 Jahren gerechnet werden (THOMAS 1991). Es ist daher für eine erfolgreiche Anpassung die Geschwindigkeit, mit der eine Klimaveränderung eintreten wird, neben dem Ausmaß der Veränderung äußerst bedeutsam, wenn nicht am wichtigsten überhaupt.

3. Provenienz und Herkunft

Um die Frage der Gültigkeit bisheriger Herkunftsempfehlungen ausreichend diskutieren zu können, soll im Folgenden auf den Begriff der Herkunft, auf die Entstehung autochthoner forstlicher Baumpopulationen und die Interpretation von Provenienzversuchsergebnissen näher eingegangen werden.

Im forstlichen Sprachgebrauch wird das Wort Herkunft vielfach auch synonym für Provenienz verwendet. Man meint dabei eine bestimmte lokale Population von Bäumen. Das Forstgesetz versteht unter Herkunft aber nur den Wuchsort eines bodenständigen oder nicht bodenständigen Bestandes. Der Name des Wuchsortes wird dann auf den dort stockenden Bestand übertragen. Als autochthon oder bodenständig wird eine Population dann angesehen, wenn sie auf ihrem natürlichen Standort stockt und man daher von ihr annehmen kann, daß sie sich infolge durchlaufener Evolutionsprozesse an die dort vorhandenen Umweltbedingungen angepaßt hat (HATTEMER ET AL.



1993). Bei nicht autochthonen Populationen kommt nun noch der Begriff Ursprung hinzu, unter dem jener Wuchsort zu verstehen ist, vom dem diese ursprünglich stammen. Der Begriff Provenienz ist enger gefaßt als jener der Herkunft und bezeichnet eigentlich nur eine autochthone Population oder eine Stichprobe daraus (KÖNIG 1986, HATTEMER & MÜLLER-STARCK 1988). Diese unterschiedlichen Begriffsbezeichnungen werden allerdings in der einschlägigen Fachliteratur nicht immer korrekt angewendet. Auch bei den in der Vergangenheit durchgeführten Versuchen und der daraus hervorgegangenen Literatur wurden sie vielfach nicht berücksichtigt.

3.1 Entstehung autochthoner Populationen

Die heutigen Populationen haben sich in unserem Raum erst nach Abklingen der letzten Eiszeit ausgebildet. Die Wiederbesiedelung erfolgte je nach Baumart unterschiedlich aus einem oder mehreren Refugialgebieten und über einen oder mehrere Einwanderungswege. Die durch Rückzug und Wiederinbesitznahme der ehemaligen Verbreitungsgebiete durchgemachten evolutionären Ausleseprozesse haben zur Folge, daß Populationen derselben Art unterschiedliche genetische Ausstattungen aufweisen können. Aufgrund der Größe und der standörtlichen Vielfalt des Areals, das eine Baumart wie zum Beispiel die Fichte wieder besiedelt hat, kam es zur Ausbildung geographischer bzw. ökologischer Rassen. Geographische und ökologische Differenzierungen greifen meist eng ineinander (SCHMIDT-VOGT 1977).

3.2 Entstehung der derzeitigen Verteilung der Herkünfte

Das steigende Interesse des Menschen am Produkt Holz und der damit verbundene immer stärker werdende Eingriff in die bis dahin natürlichen Waldpopulationen, brachte eine zum Teil sehr ausgeprägte Einflußnahme auf deren Gesamtbestand an genetischer Information (Genpools) mit sich. Es kam zur künstlichen Erweiterung der Verbreitung forstlich wichtiger Baumarten und zu einer wahllosen Verschiebung von "Herkünften" durch Saat- und Pflanzguttransfer. Dies führte in der Folge in der Forstwirtschaft zu schweren Verlusten. Durch Genfluß (z.B. Pollenflug) aus solchen nicht passenden Beständen besteht die Gefahr, daß auch noch die übrig gebliebenen autochthonen Bestände in ihrer genetischen Zusammensetzung beeinflußt werden. Das Ausmaß dieser Veränderungen und die Konsequenzen daraus

für die Anpassungsfähigkeit ist je nach Baumart verschieden.

Der Mensch hat auch durch Auswahl von Erntebeständen allein nach forstlich-wirtschaftlichen Vorstellungen und der ausschließlichen Verwendung von Vermehrungsgut solcher Bestände in das Gefüge natürlicher Populationen modifizierend eingegriffen. Trotz solcher züchterischen Maßnahmen entspricht der mitteleuropäische Wirtschaftswald aber, im Gegensatz zu landwirtschaftlichen Kulturpflanzen, immer noch in weiten Bereichen einer Population mit Wildpflanzen (SCHMITT 1993).

4. Herkunftsempfehlungen

Herkunftsempfehlungen hatten früher in erster Linie das Ziel, Wälder mit einem möglichst hohen wirtschaftlichen Ertrag zu erhalten. Doch war im Gebirgsland Österreich, im Unterschied zu anderen Ländern, immer auch die Frage der Bestandesstabilität ein wichtiges Moment, das bei Herkunftsempfehlungen zusätzlich berücksichtigt wurde. Je mehr die Wälder in höheren Lagen erschlossen wurden, desto größer wurde die Bedeutung einer ausreichenden Standortsangepaßtheit. Wirtschaftliche Rückschläge nach wahlloser Verwendung unqualifizierten Saatgutes noch in der ersten Hälfte dieses Jahrhunderts und späterhin die neu auftretenden Waldschäden ließen die Bedeutung der Herkunftswahl für die Stabilität von Beständen als eine sehr wichtige erkennen.

Quellen für Herkunftsempfehlungen waren früher ausschließlich langjährige Erfahrungen von Forstleuten. Später wurden dann im Laufe der Zeit immer zahlreicher und gezielter Provenienzversuche für viele Baumarten angelegt, um daraus Empfehlungen ableiten zu können. Gerade bei Transfer von Provenienzen über größere Entfernungen oder bei Einbürgerung fremdländischer Baumarten, waren solche Versuche die einzige zuverlässige Erkenntnisquelle. Sie sind es vielfach auch heute noch, da noch so genaue Vergleiche von Boden- und Klimaverhältnissen vom Ursprungsort einer in Betracht gezogenen Herkunft mit denen des vorgesehenen Anbauortes nur unbefriedigende Ergebnisse ergaben. Allerdings ist der Zeitfaktor von Herkunftsversuchen, so diese einigermaßen abgesicherte Ergebnisse liefern sollen, ein erheblicher. Kurztestmethoden verschiedenster Art wurden entwickelt, einerseits um Herkunftsunterschiede in einem frühen Entwicklungsstadium zu erkennen, andererseits um bestimmte Auswahlkriterien für Herkünfte möglichst rasch zu erhalten (z.B. Er-

mittlung des Knospenbildungsindex in Klimakammern des Institutes bei Sämlingen von Fichtenherkünften und Rückschluß auf deren Seehöhenanpassung). Es können aber daraus nur generelle Herkunftsempfehlungen abgeleitet werden, da lokale Standortbedingungen naturgemäß unberücksichtigt bleiben müssen.

Die in den letzten 10 Jahren neu entwickelten biochemischen Verfahren zur genetischen Charakterisierung von Populationen, wie die Isoenzymuntersuchung und in neuester Zeit die DNA-Analysentechnik, sind noch zu jung, um schon jetzt genügend detaillierte Empfehlungen abgeben zu können. Die Genetische Inventur Österreichs (GIO), zunächst einmal bei Fichte, Lärche und Buche, ist erst seit 1993 angelaufen.

Als umfangreiche und noch genaueste Grundlage von Herkunftsempfehlungen stehen derzeit also nur Ergebnisse von Provenienzversuchen zur Verfügung.

Herkunftsversuche schließen von einem erfolgreichen Anbau in der Vergangenheit auf einen ebensolchen in der Zukunft. Dabei wird impliziert, daß alle Standortsfaktoren gleichbleiben. Tatsächlich haben sich die klimatischen Verhältnisse in den letzten 100 Jahren nicht wesentlich verändert (THOMASIU 1991), weshalb bisherige Herkunftsempfehlungen aus Versuchsanbauten einigermaßen zutrafen.

Die Abschätzung möglicher Auswirkungen einer Änderung der mittleren Jahrestemperatur auf die mitteleuropäischen Waldökosysteme ist derzeit mit großen Unsicherheiten behaftet. Es wird auch eine mehrere Jahrzehnte andauernde Periode klimatischer Instabilität erwartet, bevor sich ein neues Gleichgewicht einstellen wird (KRIEBITZSCH 1991). Die Stabilität von Waldökosystemen beruht auf der Fähigkeit, auf Störungen von außen reagieren zu können und diese dadurch bis zu einem gewissen Grad abzuf puffern. Die Größe dieses Puffervermögens hängt, wie schon mehrfach ausgeführt, von der genetischen Vielfalt sowohl des Einzelbaumes (Heterozygotie) als auch von jener der Population (genetische Variation) entscheidend ab. Die Größe der beiden genannten Kriterien ist derzeit aber von der überwiegenden Zahl der Waldbestände nicht bekannt.

Modelluntersuchungen ergaben, daß Verminderungen an genetischer Variation durch anthropogene Störungen, wie zum Beispiel Luftverunreinigungen, erst nach einer Zeitspanne von mehreren Baumgenerationen von Natur aus wieder ausgeglichen werden können (GEBUREK & SCHOLZ 1985). Es gilt daher, dafür Sorge zu tragen, daß die Anpassungsfähigkeit von Populationen, als eine der wichtigsten Faktoren

forstlicher Vorsorgekonzepte, auf breiter Basis erhalten bleibt und durch begleitende geeignete Maßnahmen möglichst erhöht wird.

Derzeit neu zu begründende Bestände müssen in die Lage versetzt werden, auch das notwendige Alter für eine generative Fortpflanzung zu erreichen, damit die bis dahin durch Prozesse der Anpassung (natürliche Selektion) und Fruktifikation (Rekombination) entstandene, neue genetische Variation an ihre Nachkommen weitergeben werden kann. Das bedeutet, daß die einzelnen Genotypen einer Population auch an die jetzigen Umweltverhältnisse angepaßt sein müssen, um diesen Zeitpunkt zu erleben. Nicht angepaßte Herkünfte würden unter Umständen schon eher ausscheiden.

4.1 Ältere Provenienzversuche

Die Anfänge der Provenienzforschung reichen bis in das 18. Jahrhundert zurück. Ein ausgedehnter Handel mit forstlichem Saatgut, oft über weite Entfernungen, ergab in der Folge, daß Pflanzen verschiedener Herkunft und vor allem aus unterschiedlichen Höhenlagen auffallende Wuchsunterschiede erkennen ließen (WEISGERBER ET AL. 1976).

Provenienzversuche wurden u.a. mit dem Ziel angelegt, die für die praktische Forstwirtschaft am geeignetsten erscheinenden Herkünfte zu eruieren. Zu den frühesten Provenienzversuchen gehörten wegen ihrer wirtschaftlichen Bedeutung solche mit den Baumarten Kiefer und Fichte. Bereits im Jahre 1896 erfolgte die Anlage eines Feldversuches in Klausenleopoldsdorf mit Fichte, Kiefer und Lärche durch CIESLAR.

Allerdings weisen diese älteren Versuche nach heutiger Sicht Mängel auf - wie zum Beispiel ungenaue Definition der Herkünfte, keine Wiederholungen, zu wenig Individuen und stark unterschiedliche Wuchsbedingungen -, die es unmöglich machen, beobachtete Unterschiede exakt auszuwerten und statistisch abzusichern (WEISGERBER ET AL. 1976, RAU 1980). Es wurden vielfach nur wenige autochthone Provenienzen, meist aus geographisch weit entfernten Ursprungsorten, in solchen Feldversuchen vergleichend untersucht.

Die in Herkunftsversuchen erhobenen hauptsächlich wirtschaftlich wichtigen Merkmale sind meist die Ertragsleistung betreffende Eigenschaften wie Wuchsleistung, Wuchsform, bestimmte Qualitätseigenschaften und Gesundheitszustand. Anhand dieser Merkmale kann aber, wenn auch indirekt, der Grad der Angepaßtheit der Versuchsglieder an den Versuchsort abgeschätzt werden (HATTEMER & MÜLLER-

STARCK 1988). Schon bei den ersten Interpretationen von Versuchsergebnissen versuchte man die herkunftsbedingten Wuchsunterschiede mit ökologischen Gegebenheiten der Ursprungsorte, vor allem mit denen des Klimas, in Beziehung zu setzen.

4.2 Neuere Herkunftsversuche

Erst durch Versuchsanlagen der letzten 40 Jahre, die versuchsmethodisch nach neuestem Wissenstand angelegt wurden, konnten und können weitere Erkenntnisse gewonnen werden. Durch inventierende Versuche aus Absaaten einer größeren Anzahl von Beständen, welche das Verbreitungsgebiet einer Baumart abdecken, ist es möglich, Einblick in das geographisch-genetische Verteilungsmuster der Populationen einer Art zu erhalten. Voraussetzung dabei ist, daß es sich um Stichproben aus autochthonen Provenienzen handelt und die Freilandversuchsflächen auf mehrere, standörtlich unterschiedliche Anbauorte verteilt sind. In dieser Versuchsanordnung werden die verschiedenen Herkünfte miteinander verglichen, die in einer von ihrem Ursprungsort anderen Umgebung (Versuchsflächenort) aufwachsen müssen. Aufgrund der Verhaltensweise unter diesen geänderten Standortbedingungen, kann auf das Anpassungsvermögen der Herkünfte geschlossen werden.

Aus Ergebnissen solcher Herkunftsversuche können somit nicht nur Erkenntnisse über Merkmalsvariation unter den jeweiligen Anbaubedingungen erhalten werden, sondern auch über Provenienzen, die sich durch Wuchsverhalten, Vitalität und Anpassungsfähigkeit auszeichnen. Auch das Reaktionsverhalten von Herkünften aus künstlichen Anbaubereichen kann so erfaßt werden. Angepaßtheit und Anpassungsfähigkeit sind aber Grundvoraussetzungen um Umweltveränderungen zu er- und überleben. Einigmaßen fundierte Herkunftsempfehlungen können aus Herkunftsversuchen abgeleitet werden.

4.3 Einschränkungen der Ergebnisse

Um Ergebnisse von Herkunftsversuchen auch richtig einordnen zu können, muß man über eine Reihe von einschränkenden Bedingungen informiert sein:

- Die Ergebnisse gelten nur für die im Versuch enthaltene Stichprobe. Diese kann in ihrer genetischen Zusammensetzung von der Population, die sie repräsentieren soll mehr oder weniger abweichen. Dementsprechend sind auch die Versuchsergebnisse zu sehen.

- Auf den Versuchsflächen unterliegen die zu prüfenden Herkunftspflanzen Anpassungsprozessen an die dort gegebenen Umweltbedingungen, die von jenen des Ursprungsortes different sein können.
- Ergebnisse von Feldversuchen treffen streng genommen nur auf das Versuchsareal zu. Eine Aussage für andere Standorte, selbst wenn sie klimatisch ähnlich sein sollten, kann nur bedingt erfolgen. Es besteht die Gefahr, Versuchsergebnisse zu sehr zu verallgemeinern und eine "passende" Herkunft zu großflächig anzubauen.
- Es treten Genotyp-Umwelt-Interaktionen auf, deren Wechselwirkung in ihrer Art und Ausmaß schwer zu erfassen sind. Sie zeigen sich auf die Weise, daß Rangverschiebungen derselben Herkünfte auf verschiedenen Versuchsflächen in unterschiedlichen Größenordnungen auftreten. In vielen Fällen sind aber die Ursachen für Wechselwirkungen nicht erkennbar. Die Ableitung von Herkunftsempfehlungen kann dadurch sehr erschwert werden (KÖNIG 1986).
- Empfehlungen von Herkünften implizieren, daß sich die klimatischen Verhältnisse in der Vergangenheit von den zukünftigen nicht allzusehr unterscheiden.
- Je länger ein Versuch dauert, umso größer ist die Möglichkeit, daß die ursprüngliche Population inzwischen verschwunden ist und kein Saatgut davon mehr erhältlich ist.

Die oben angeführten Punkte lassen erkennen, daß genetisch bedingte Unterschiede zwischen Provenienzen durch Feldversuchsprüfungen allein nur bedingt erfaßt werden können. Trotzdem stellen diese, solange nicht durch andere Verfahren ergänzende oder bessere Ergebnisse erbracht werden können, derzeit immer noch bei vielen Baumarten eine der wichtigsten Erkenntnisquellen dar.

4.4 Gültigkeit von Herkunftsempfehlungen

Ergebnisse aus den meisten bisherigen Herkunftsversuchen machen es möglich, daß über die Angepaßtheit von Herkünften Aussagen getroffen werden können.

Für einige wenige, forstlich bedeutsame Baumarten gibt es weitgestreute Provenienzversuche, meist sind es internationale Versuche, die auch das geographische Variationsmuster der Art erkennen lassen. Aus dem Verhalten der Versuchsglieder auf den meist heterogenen Standorten, kann auf das Adaptationsverhalten der Populationen geschlossen werden.

Dazu zwei Beispiele:

4.4.1 Fichtenprovenienzversuche

Aus Ergebnissen von Versuchsanbauten weiß man, daß bei der Baumart Fichte Unterschiede im Verhalten zwischen großräumigen Herkunftsregionen gegeben sind. Auch daß das Wachstum mit steigender Seehöhe abnimmt wurde schon frühzeitig erkannt (CIESLAR 1899). Mit steigender Seehöhe wird jedoch ein ganzer Komplex von Umweltfaktoren wirksam, sodaß bei gleicher Höhenlage in den gleichen Gebirgszügen an verschiedenen Orten erhebliche Unterschiede in der Wuchsveranlagung möglich sein können (SCHMIDT-VOGT 1977).

Viele Herkunftse aus den alpinen Arealen zeigen häufig bereits bei relativ kleiner Distanz zwischen Ursprungs- und Anbauort geringere Fitness, Mattwüchsigkeit und mangelhafte Stabilität (WEISGERBER 1990). Beobachtungen bestätigen, daß, bedingt durch Selektionsdruck bei der Überdauerung der Eiszeit und

Wiedereinwanderung, eine Reduzierung des Genpool stattgefunden hat (u.a. HOLZER 1986, STETTLER 1986).

Provenienzen aus dem herzynisch-karpatischen Verbreitungsgebiet hingegen, die aus Refugien in Südwesteuropa stammen, weisen eine hohe Wüchsigkeit, relativ geringe Krankheitsanfälligkeit und eine große Standorttoleranz auf (WEISGERBER ET AL. 1976, SCHMIDT-VOGT 1977, GÄRTNER 1980, KÖNIG 1981, FOTTLAND & SKRØPPA 1989, WEISGERBER 1990). Als Beispiel einer solchen Herkunft aus diesen Regionen sei die Herkunft Istebna genannt, die auf Versuchsfeldern sowohl im südlichen Skandinavien und vielen anderen Ländern Europas als auch in Nordamerika das höchste Wuchspotential aufwies (GIERTYCH 1984). Auch in Österreich durchgeführte Fichtenherkunftsversuche - internationaler Fichtenherkunftsversuch 1964/68 und Fichtenherkunftsprüfung 1979 (Tab. 1) - haben die Vorzüge der Provenienzen aus den Beskiden, dem Tatragebirge und dem mittelpolnischen Hochland bestätigt (GÜNZL 1979, SCHULTZE 1990).

Tab.1

Fichtenherkunftsprüfung 1978 polnische Fichtenherkünfte verteilt auf Herkunftsregionen

Vers. Nr.	Region Name der Herkunft	geographische L B	Seehöhe in m	rel. Höhe in %	Austrieb
Bialowieza-Heide					
b 13	Zwierzyńiec	52°48' 23°47'	160	109	f-m
b 14	Zwierzyńiec	52°42' 23°46'	180	107	s.s
Masurische Seenplatte					
b 16	Przerwanki	54°10' 22°05'	180	108	m-s
b 17	Borki	54°06' 22°04'	180	109	s.s
Glatzer Bergland					
b 19	Miedzygorze	50°13' 16°45'	580	107	s
d 1	Stronie Śląskie	50°14' 16°50'	820	102	m-s
West-Beskiden					
d 2	Wisła	49°38' 18°58'	710	112	m-s
d 3	Istebna Bukowiec	49°34' 18°53'	630	103	s
d 4	Istebna Zapowiedz	49°32' 18°57'	600	113	m
d 5	Rycerka Zwardov	49°31' 19°01'	620	109	m
d 6	Rycerka Praszywka	49°29' 19°00'	700	100	s
d 7	Rycerka Praszywka	49°29' 19°00'	950	111	m-s
d 8	Orawa	49°34' 19°33'	1050	125	s
Ost-Beskiden					
d 10	Tarnawa	49°05' 22°52'	750	109	—
Mittelpoln. Hochland					
d 11	Zwierzyńiec Lubelski	50°34' 22°58'	260	117	s.s
d 12	Blizyn	51°04' 20°41'	310	119	s.s
Region westl. Danzig					
d 13	Kartuzy	54°23' 18°08'	200	107	m

Vers.Nr. = Herkunftsnummer der Fichtenherkunftsprüfung 1978

rel. Höhe = Höhenwuchsleistung der Herkunft angegeben in % des jeweiligen Flächendurchschnittes

Austrieb = f = früh, m = mittel, s = spät, s.s = sehr spät

Provenienzen aus dem nordisch-baltischen Verbreitungsgebiet der Fichte, die aus dem russischen Refugium stammen, weisen ebenso ein großes Wuchsvermögen und eine hohe Anpassungsfähigkeit auf. Insbesondere sind das Herkünfte aus Nordostpolen und den nördlichen Teilen Weißrusslands.

4.4.2 Douglasienprovenienzversuche

Ihrer stark gestiegenen Bedeutung entsprechend, bildet auch die Douglasie einen Schwerpunkt in der Provenienzforschung. Ergebnisse zahlreicher Herkunftsversuche zeigen, daß die einzelnen Herkünfte deutliche Unterschiede in der Anpassungsfähigkeit an die Verhältnisse der Anbauorte aufweisen. Trotz der großen Heterogenität der in den verschiedenen Ländern Europas gelegenen Versuchsflächenstandorte zeigte sich, daß in Wuchsleistung und Form die Küstenherkünfte und die Kaskadenherkünfte aus Washington und Herkünfte der südlichen Olympic Halbinsel überall an der Spitze liegen (RAU 1980, KENK & THREN 1984, LINES & SAMUEL 1987, MICHAUD 1987, KLEINSCHMIT ET AL. 1987 und 1991, WEISGERBER 1990). Auch österreichische Douglasienherkunftsversuche ergaben ähnliche Resultate (SCHULTZE & RASCHKA 1992). Diese beträchtliche Standorttoleranz in Zusammenhang mit der großen Wuchsleistung läßt auf eine hohe genetische Vielfalt der Herkünfte aus diesem Teil des Verbreitungsareals der Douglasie schließen.

Beide Beispiele belegen die Tatsache, daß die genetische Diversität im Zentrum des Verbreitungsareales einer Art am größten ist und daß sie zur Peripherie hin abnimmt (LI & ADAMS 1988). Weiträumig gestreute Provenienzversuche können diese Verteilungsmuster der genetischen Variation erkennen lassen.

5. Schlußfolgerungen

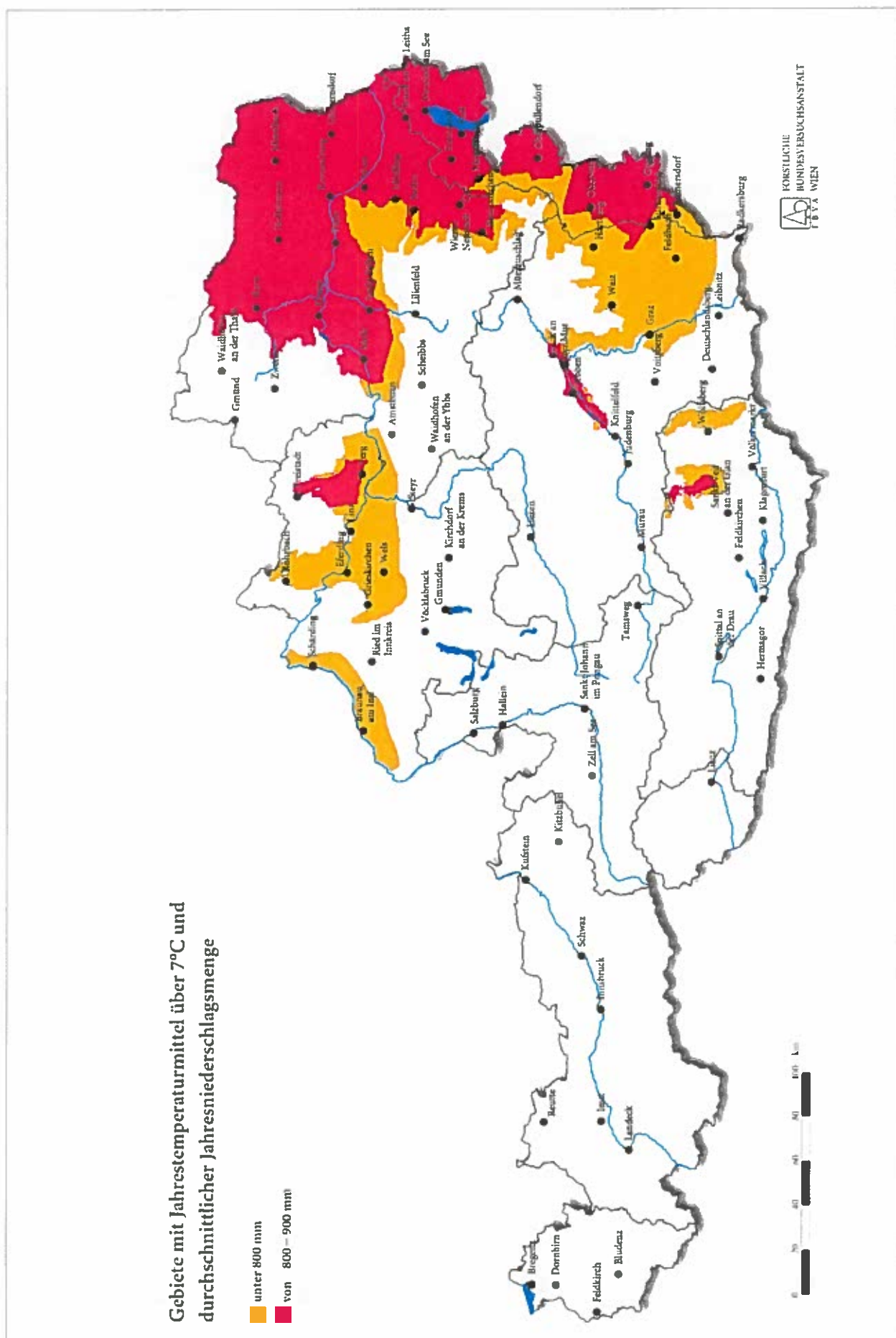
Klimaentwicklungsmodelle sowie Herkunftsversuche schließen von vergangener Entwicklung auf eine zukünftige. Beide sind auch mit den Unsicherheitsfaktoren einer angenommenen Stetigkeit eines dynamischen Systems behaftet. Die vorhergesagte Zeitspanne, in der die für die heutigen Waldbestände dramatische Klimaveränderungen eintreten sollen, beträgt 50 bis 100 Jahre. Das bedeutet, daß für eine Reihe jetzt schon existierender Wälder nur mehr zielgerichtete waldbauliche Maßnahmen Hilfestellung für ein mögliches Überleben leisten.

Für noch zu begründende Bestände mit jenen Baumarten, bei denen Herkunftsempfehlungen nach neuen genetischen Erkenntnissen schon vorliegen, gilt es, diese in die Tat umzusetzen. Für jene aber, für die aussagefähige Herkunftsversuche fehlen und es keine andere Möglichkeit gibt, Kenntnisse über Angepaßtheit und Anpassungsfähigkeit zu erlangen, müßten solche erst angelegt werden. Ein europaweiter internationaler Buchenprovenienzversuch ist derzeit in Vorbereitung, an dem sich auch das Institut für Forstgenetik beteiligt. Ergebnisse solcher Versuche können allerdings erst in einigen Jahren erwartet werden. Bis dahin gilt es, allgemeine populationsgenetische Grundsätze der Herkunftswahl bei Bestandesbegründungen zu beachten.

Vorhersagen einer Klimaänderung aufgrund von Modellrechnungen lassen Arealverschiebungen von Waldbaumarten, mit dem gebietsweisen Verlust ganzer Waldgesellschaften vermuten. Vor allem Populationen, die sich bereits bei heutigen Klimaverhältnissen am südlichen oder östlichen Rande des Verbreitungsgebietes der Art befinden, sind in ihrer Existenz ernsthaft gefährdet (SCHMIDT-VOGT 1991, KRÄUCHI 1993). So sind zum Beispiel nach THOMAS (1991) Fichtenbestände bei einer vorhergesagten Temperaturerhöhung von 2° C gefährdet, wenn sie sich schon heute auf Standorten befinden, die eine mittlere Jahrestemperatur von mehr als 7° C und einen mittleren Jahresniederschlag von weniger als 800 mm aufweisen. Damit dürfte in Österreich der Fichtenanbau im Burgenland, in weiten Gebieten des Alpenvorlandes und in Teilen des Waldviertels, aber auch in der südöstlichen Steiermark, in Teilen des Murtales und im Bereich des unteren Gurktales noch problematischer werden als bisher (Abb.2).

Wie schon mehrfach betont, lassen die bisherigen Prognosen einer Klimaänderung keine genauen Perspektiven zu, um Vorsorgeplanungen auch nur einigermaßen zu präzisieren. Weder Richtung noch Größenordnung einer Temperaturänderung können bindend festgelegt werden. So könnte es, entgegen anders lautenden Meinungen, nach Ansicht des Kieler Geomar-Forschungsinstitutes schon in den nächsten Jahrhunderten in Westeuropa eine Eiszeit geben, obwohl sich die Erdatmosphäre seit Mitte des 19. Jahrhunderts um 0,6° C erwärmt hat (DIE PRESSE 1994).

Es sollten daher von der Forstwirtschaft Lösungswege mit einem möglichst geringen Risiko, sowohl in ökologischer als auch in ökonomischer Hinsicht gesucht werden (THOMAS 1991). In diese Richtung gehen auch viele andere Autoren, die eine Erhöhung der genetischen Vielfalt, zumindest aber eine Erhal-



tung dieser, und damit auch der Anpassungsfähigkeit von Populationen als wichtigste zukunftsorientierte Maßnahme fordern (u.a. KRIEBITZSCH 1991, GEBUREK 1993, MÜLLER-STARCK 1993, SCHOLZ 1993, SINDELAR 1993, TRANCHET ET AL. 1993, ZUBER 1994).

Es wäre deshalb ein falsch verstandener Konservatismus, bisher gültige Konzepte der Baumarten- und Herkunftswahl unverändert beizubehalten. Es gilt, sich an den ökologischen Gesetzmäßigkeiten von Wäldern vermehrt zu orientieren - zum Beispiel an der Vitalität von Beständen - und wirtschaftliche Zielsetzungen erst in zweiter Linie zu berücksichtigen.

Da die natürliche Anpassungsfähigkeit von Waldbäumen begrenzt ist, speziell wenn komplexe, weitreichende und schnelle Umweltveränderungen stattfinden (FINKELDEY 1992), ist es unerlässlich vorbeugende Maßnahmen zu ergreifen.

Folgende Vorsorgestrategien, die zu einer Erhöhung der genetischen Variation beitragen können, werden beispielhaft angeführt, unter Berücksichtigung, daß forstliche Möglichkeiten beschränkt sind und auch ökonomische Überlegungen nicht all zu sehr vernachlässigt werden können:

- Beerntung möglichst vieler Bestände
- Beerntung möglichst vieler Bäume eines Bestandes
- Mischung von Saatgut mehrerer Reifejahre eines Bestandes
- Aufforstung mit großen Stückzahlen
- Im außeralpinen Verbreitungsgebiet der Fichte vermehrter Einsatz von Herkunftsfeldern aus dem herzynisch-karpatischen Verbreitungsgebiet (Beskiden, Tatragebirge, mittelpolnisches Hochland)
- Bei Aufforstungen in höheren Lagen Mitverwendung von Provenienzen auch aus etwas tiefer liegenden Ursprungsorten.
- Bei Anbau von Douglasie - die in vielen Bereichen die dort nicht mehr existenzfähige Fichte ersetzen könnte - Verwendung von Küsten- und Kaskadenherkunftsfeldern aus Washington und Herkunftsfeldern der südlichen Olympic Halbinsel.
- Im sommerwarmen Osten Verwendung ausländischer Baumarten, die sich nach heutigem Wissensstand als geeignet erwiesen haben. Hier ist als Beispiel die Griechische Tanne (*Abies cephalonica* Loud.) und die Große Küstentanne (*Abies grandis* (Dougl.) Lindl.) anzuführen.
- Für bestimmte Anbauggebiete Verwendung ausländischer Herkunftsfeldern einheimischer Baumarten die aufgrund von Versuchsergebnissen eine hohe Anpassungsfähigkeit erwarten lassen (z.B. Kalabrische Tanne).

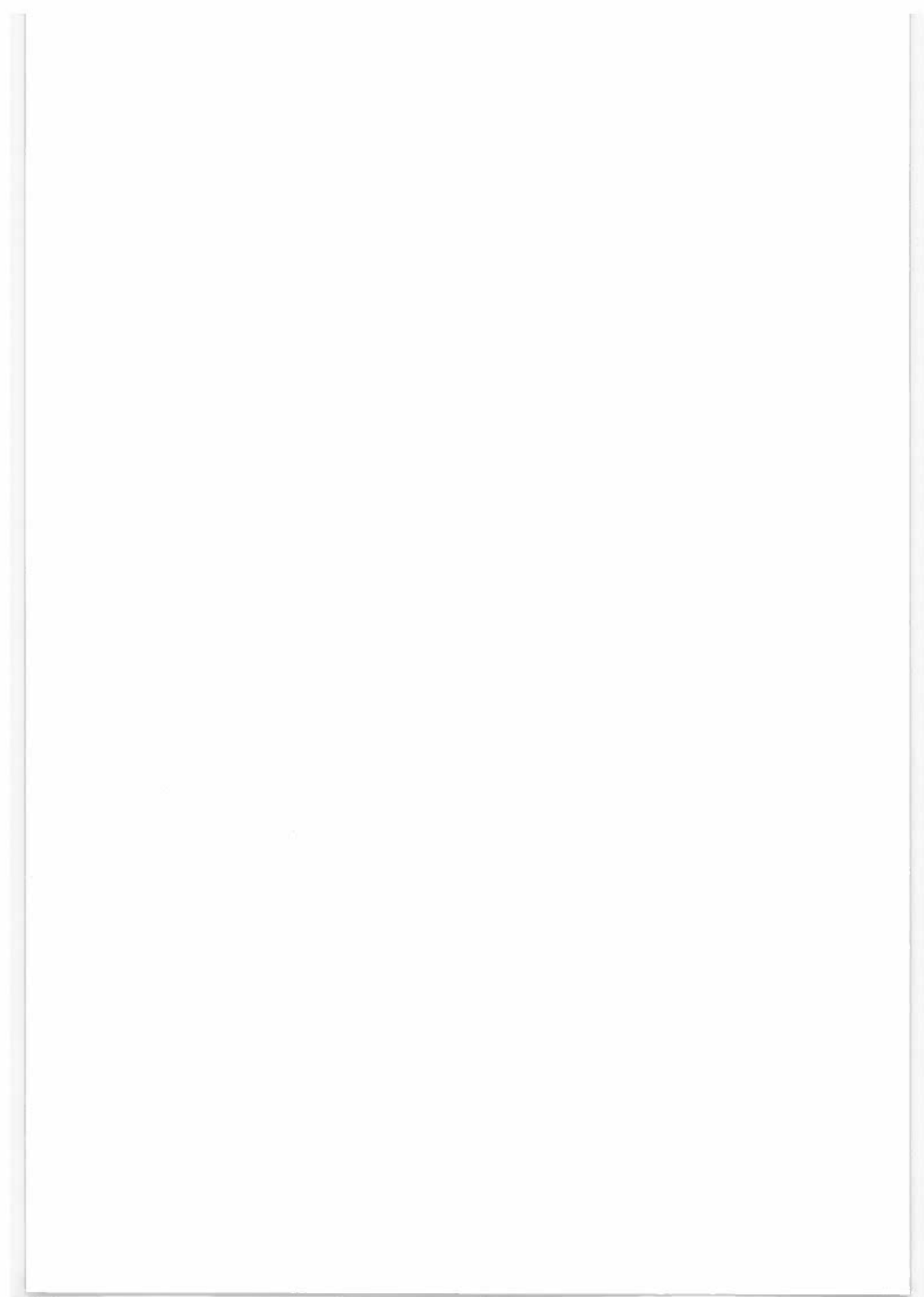
Die nach genetischen Gesichtspunkten richtige Baumarten- und Herkunftswahl bei der Bestandesbegründung ist eine grundlegende Weichenstellung für eine erfolgreiche Begegnung mit zukünftigen Umweltstressen. Angepaßtheit und im verstärkten Maß Anpassungsfähigkeit sind dafür ausschlaggebend. Bisherige Provenienzversuche können in ihrer Mehrzahl zumindest für eine dieser beiden Forderungen Hinweise liefern. Bei solchen Baumarten, über deren geographisch-genetische Verteilungsmuster schon einige Erkenntnisse vorliegen und damit auch über die Adaptationsfähigkeit ihrer Populationen, sollten diese verstärkt für Bestandesneugründungen herangezogen werden um die Flexibilität von Waldökosystemen auf ein Höchstmaß zu erhöhen.

Literatur

- CIESLAR A. 1899: *Neues aus dem Gebiete der forstlichen Zuchtwahl*. Cent.bl. gesamte Forstwes., Wien, Hofbuchhandlung W.Frick, 44 S.
- DIE PRESSE 1994: *Eine Eiszeit*. Die Presse vom 29.7.1994.
- FINKELDEY R. 1992: *Auswahlkriterien und Anlage genetischer Ressourcen bei der Fichte (Picea abies (L.) Karst.)*. Forstarchiv, 63:25-32.
- FOTTLAND H. & SKRØPPA T. 1989: *The IUFRO 1964/68 provenance experiment with Norway spruce (Picea abies) in Norway. Variation in mortality and height growth*. Medd. Nor. inst. skogforsk., 43:1-30.
- GARTNER J. 1980: *Ergebnisse der Fichten-Provenienzforschung*. Allg. Forstz. München, 35:684-686.
- GEBUREK TH. 1993: *Genetische Diversität ist lebenswichtig für die ökologische Stabilität der Wälder*. Die Presse vom 8.5., Seite 12.
- GEBUREK TH. & SCHOLZ F. 1985: *Über Selektionswirkungen bei Forstpflanzenpopulationen infolge von Luftverunreinigungen*. Forstarchiv, 56:234-238.
- GIERTYCH M. 1984: *Istebna spruce in the light of international provenance trials*. Sylwan, 128:27-42.
- GREGORIUS H.-R., HATTEMER H., BERGMANN F. & MÜLLER-STARCK G. 1985: *Umweltbelastung und Anbaufähigkeit von Baumpopulationen*. Silvae Genet., 34:230-241.
- GUNZL L. 1979: *Internationale Fichtenprovenienzversuche der IUFRO 1938 und 1964/68 sowie Versuche mit österreichischen Herkunftsfeldern*. Allg. Forstztg. Wien, 90:182-190.
- HATTEMER H. & MÜLLER-STARCK G. 1988: *Genetische Aspekte der künstlichen Bestandesbegründung*. Forstarchiv, 59:12-17.
- HATTEMER H., BERGMANN F. & ZIEHE M. 1993: *Einführung in die Genetik*. Frankfurt am Main, Sauerländer's, 492 S.

- HOLZER K. 1986: *Genetische Differenzierung im Gebirge; Konsequenzen für die Provenienzwahl*. Schweiz. Z. Forstwes., 137:739-746.
- KENK G. & THREN M. 1984: *Ergebnisse verschiedener Douglasienprovenienzversuche in Baden-Württemberg*. Allg. Forst- Jagdztg., 155:165-184.
- KLEINSCHMIT J., SVOLBA J., WEISGERBER H., DIMPFLEMEIER R., RUETZ W. & WIDMAIER TH. 1987: *Results of the IUFRO-Douglas-fir provenance experiment in the Federal Republic of Germany at the age 14*. In: RUETZ W. & NATHER J. (eds.): *Proceedings of the IUFRO Working Party on Breeding Strategy for Douglas-fir as an Introduced Species*. FBVA-Berichte, Nr. 21, 67-84.
- KLEINSCHMIT J., SVOLBA J., WEISGERBER H., RAU H.-M., DIMPFLEMEIER H., RUETZ W. & FRANKE A. 1991: *Ergebnisse des IUFRO-Douglasien- Herkunftversuches in West-Deutschland im Alter 20*. Forst und Holz, 46:238-242.
- KÖNIG A. 1981: *Einige Ergebnisse aus dem IUFRO-Fichtenprovenienzversuch von 1964/68 in der Bundesrepublik Deutschland*. Allg. Forstztg. Wien, 92:300-303.
- KÖNIG A. 1986: *Aufgaben und Probleme der Provenienzforschung*. Allg. Forstz. München, 41:1274-1277.
- KRAUCHI N. 1993: *Potential impacts of a climate change on forest ecosystems*. Eur. J. For. Pathol., 23:28-50.
- KRIEBITZSCH W.-U. 1991: *Der Treibhauseffekt: Ursachen, Wirkungen und Folgen für den Wald*. Forstarchiv, 62:179-182.
- LI P. & ADAMS W. 1988: *Range-wide patterns of allozyme variation in Douglas-fir (Pseudotsuga menziesii)*. Can. J. For. Res., 19:149-161.
- LINES R. & SAMUEL C. 1987: *Results of the IUFRO Douglas-fir experiments in Britain at 10 Years*. In: RUETZ W. & NATHER J. (eds.): *Proceedings of the IUFRO Working Party on Breeding Strategy for Douglas-fir as an Introduced Species*. FBVA-Berichte, Nr. 21, 31-48.
- MICHAUD D. 1987: *First results of the american Douglas-fir provenance trials in France*. In: RUETZ W. & NATHER J. (eds.): *Proceedings of the IUFRO Working Party on Breeding Strategy for Douglas-fir as an Introduced Species*. FBVA-Berichte, Nr. 21, 3-24.
- MÜLLER-STARCK G. 1993: *Anpassungsfähigkeit der Waldbestände bewahren*. Wald und Holz, 74:30-32.
- MÜLLER-STARCK G. & HATTEMER H.H. 1989: *Genetische Auswirkungen von Umweltstress auf Altbestände und Jungwuchs der Buche (Fagus sylvatica L.)*. Forstarchiv, 60:17-22.
- RAU H.-M. 1980: *Herkunftsempfehlungen für Hessen*. Allg. Forstz. München, 35:680-681.
- SCHMIDT-VOGT H. 1977: *Die Fichte*. Hamburg/Berlin, Paul Parey Verlag, Deutschland, Bd. 1, 647 S.
- SCHMIDT-VOGT H. 1991: *Die Fichte*. Hamburg/Berlin, Paul Parey Verlag, Deutschland, Bd. II/3, 781 S.
- SCHMITT H.P. 1993: *Zusammenarbeit Generhaltung-Waldbau-Naturschutz*. Forstarchiv, 64:66-69.
- SCHOLZ F. 1993: *Anforderungen an die forstliche Forschung aufgrund der prognostizierten Klimaänderung*. Allg. Forstz. München, 48:592-595.
- SCHULTZE U. 1990: *Polnische Fichtenherkünfte in Österreich*. Österr. Forstztg., 101:21-23.
- SCHULTZE U. & RASCHKA D. 1992: *Neues aus der Douglasienforschung*. Österr. Forstztg., 103:23.
- SINDELAR J. 1993: *Expected development of climatic conditions in Central Europe and responses of partial populations of some forest tree species to environmental changes*. Lesnictvi-Forestry, 39:433-444.
- STETTLER R.F. 1986: *Der Wald als Experiment*. Schweiz. Z. Forstwes., 137:205-220.
- THOMAS H. 1991: *Mögliche Auswirkungen einer Klimaveränderung auf die Wälder in Mitteleuropa*. Forstw.Cbl., 110:305-330.
- TRANCHET CH., FORST E., STADLER B., VOLZ R. & ZAHN CH. 1993: *Klimaänderung: Herausforderung zur Walderhaltung*. Schweiz. Z. Forstwes., 144:5-22.
- WEISGERBER H. 1990: *Beiträge zur genetischen Variation der Waldbäume und Gefahren der Genverarmung durch Pflanzenzüchtung*. Schriftenreihe der Forstwissenschaftlichen Fakultät der Universität München und der Bayer. Forstlichen Versuchs- und Forschungsanstalt, 107, 191 S.
- WEISGERBER H., DIETZE W., KLEINSCHMIT J., RACZ J., DIETERICH H. & DIMPFLEMEIER R. 1976: *Ergebnisse des internationalen Fichten-Provenienzversuches 1962*. Allg. Forst- Jagdztg., 147:227-235.
- ZUBER R. 1994: *Klimaveränderung - Auswirkungen auf den Bergwald*. Bündnerwald, 3:53-57.

Verfasser: HR Dipl.-Ing. Ulrich Schultze
Forstliche Bundesversuchsanstalt
Institut für Forstgenetik
Hauptstraße 7
A-1140 Wien



Genetische Marker zur Beurteilung der genetischen Variation von Waldbäumen

B. HEINZE

Institut für Forstgenetik, Forstliche Bundesversuchsanstalt

Kurzfassung

Es werden Typen von genetischen Markern vorgestellt, mit denen genetische Variation in Forstgehölzen festgestellt werden kann. Dazu gehören vor allem Isoenzyme und Polymorphismen in der DNA (dem eigentlichen Erbmateriale). Während Isoenzyme seit Jahren als genetische Marker analysiert werden, beginnt die Anwendung der DNA-Methoden, wie RFLP, RAPD, STS und Mikrosatelliten-DNA erst langsam im Forstwesen Fuß zu fassen. Die genetischen Grundlagen der verschiedenen Marker werden dargestellt. Rückschlüsse auf genetische Variation und damit Angepaßtheit, Anpassungsfähigkeit oder genetische Qualität von Vermehrungsgut können unter Umständen je nach verwendetem Markertyp unterschiedlich ausfallen. Gemeinsamkeiten und Unterschiede zwischen den Markern werden erläutert, und ihre Anwendung und Anwendbarkeit diskutiert. Stehen für eine Art genügend Marker zur Verfügung, können sie zu Genomkarten zusammengestellt werden. Sie stellen die Beziehungen der Marker zu den Chromosomen dar. Damit können auch genetische Faktoren lokalisiert werden, die forstwirtschaftlich relevante Merkmale beeinflussen.

Stichworte: genetische Marker, DNA, Isoenzyme, Genomkarten, Anpassung, Anpassungsfähigkeit

Abstract

Genetic markers to assess genetic variation in forest tree species

Types of genetic markers relevant to forestry are introduced. Emphasis is given on isozymes and DNA-polymorphisms, the latter ones reflecting the variation in the chemical substance carrying the inherited information. Isozymes have been used in forest genetics for a number of years. Methods based on variation in DNA, like RFLP, RAPD, STS, and microsatellites, are more recent additions to the forest geneticists' toolbox. Discussing the genetic basis of those different marker types, their common and specific properties are mentioned. The possibilities for assessing genetic variation, adaptation, and adaptedness depend on the marker used. Some of the causes and consequences will be shown. Genetic markers can be assembled to genomic maps for a given species. They illustrate the relationships between different markers and the chromosomes. They also allow for the location of factors in the genome which exert genetic influence on traits relevant to forestry.

Key words: genetic markers, DNA, isozymes, genomic maps, adaptation, adaptedness

1. Einleitung

In der vorliegenden Arbeit werden Wege vorgestellt, die zur Bewertung der genetischen Variation forstlich genutzter Baumarten geeignet sind. Bei Waldbaumarten wird genetische Variation an vielen einzelnen Merkmalen deutlich. Die genetischen Grundlagen dafür werden besprochen. Anschließend werden Methoden vorgestellt, mit denen - meist im Labor - genetische Unterschiede in einzelnen Genen auffindbar und quantifizierbar sind. Damit erfaßt man sogenannte genetische Marker, die Rückschlüsse auf die vorhandenen Erbinformationen zulassen.

Der Schwerpunkt liegt auf biochemischen Methoden wie Isoenzym- und DNA-Analysen. Es soll aufgezeigt werden, wie genetische Marker Entscheidungshilfen bieten können. Wie man anhand der Analyse solcher Marker Aussagen zur sinnvollen Verwendung von Vermehrungsgut angesichts erwarteter starker klimatischer Veränderungen machen kann, ist jedoch größtenteils wissenschaftliches Neuland.

2. Das Erbmateriale eines Waldbaumes

2.1 Aufbau der Zelle, Lokalisation des Erbmaterials

Alle Pflanzen sind aus den mikroskopisch kleinen Zellen als Grundeinheiten aufgebaut. Jede einzelne lebende Zelle besitzt im Zellkern eine vollständige Kopie der Erbinformation - also des kompletten Bauplanes der Pflanze plus Gebrauchsanweisung (Abb.1). Besonders anschaulich wird das bei Pflanzenarten deutlich, die aus kleinsten Gewebeteilen - auch einzelnen Zellen - ganze Pflanzen regenerieren können. Ein weitaus geringerer Anteil an Erbinformation befindet sich auch in weiteren Zellbestandteilen, den sogenannten Zellorganellen (Mitochondrien und Chloroplasten).

Abb. 1: Aufbau einer Pflanzenzelle (schematisch) mit den wichtigsten Zellorganellen und der Lokalisation der Erbinformation (DNA).

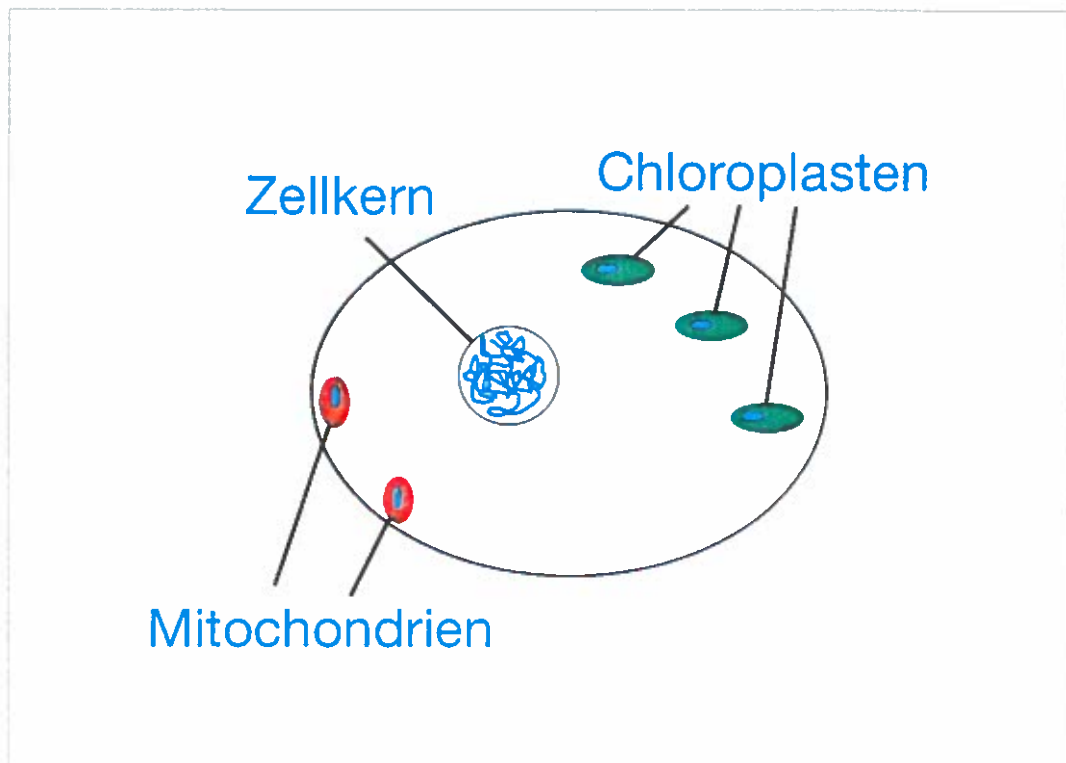
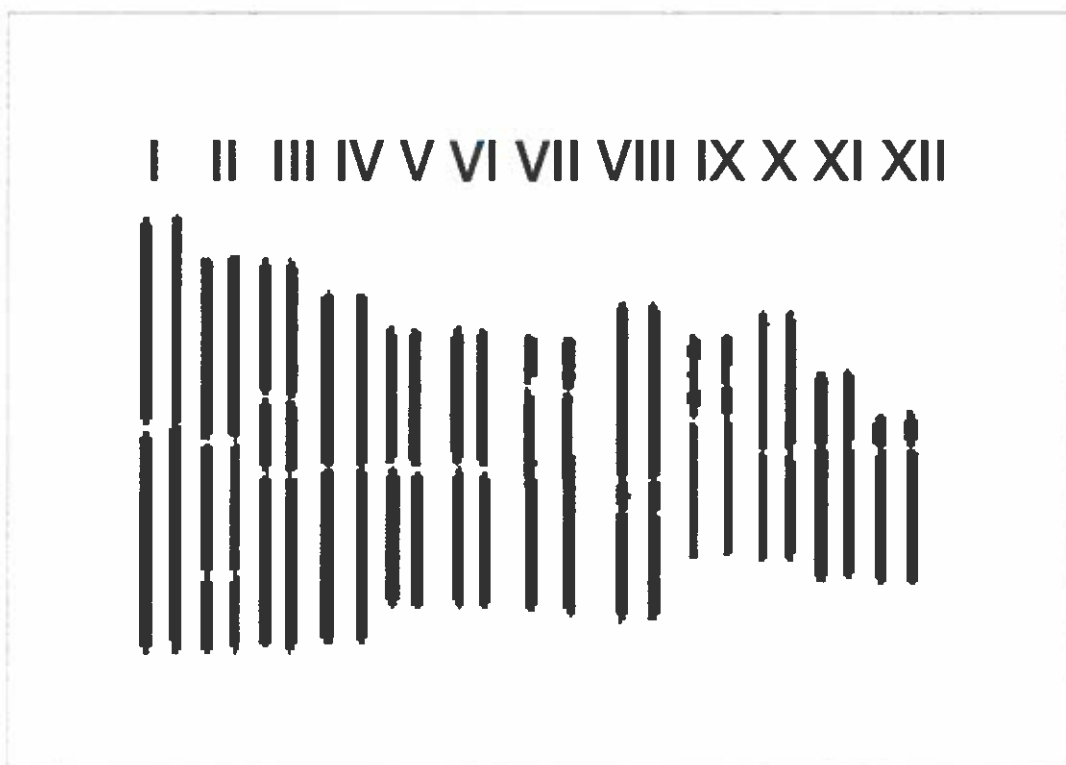


Abb. 2: Schematische Darstellung der Chromosomenpaare einer typischen Konifere (12 Paare).



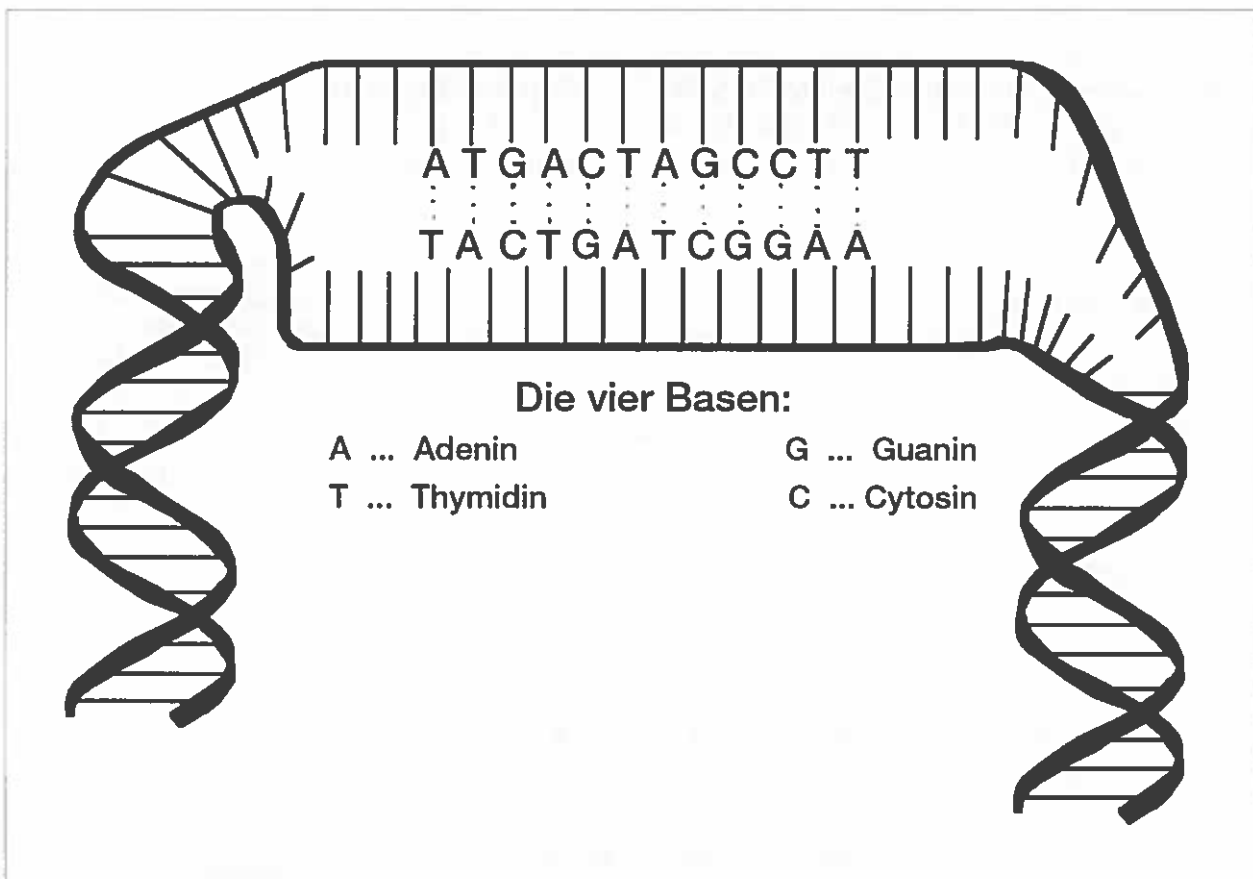
2.2 Zellkern und Chromosomen

Im Zellkern finden sich fäden- oder knäuelartige Gebilde, die sogenannten Chromosomen. Ihre Anzahl ist grundsätzlich in allen vegetativen Zellen einer Pflanze und in allen Pflanzen einer Art gleich. Im Regelfall findet sich eine gerade Anzahl von Chromosomen, von denen je die Hälfte von einem Elternteil der neuen Pflanze vererbt wurde. Bei genügender Größendifferenzierung der einzelnen Chromosomen einer Pflanzenart ist (in bestimmten Stadien der Zellteilung) das Vorhandensein von Paaren gleicher Größe im Lichtmikroskop erkennbar (Abb. 2).

Im Elektronenmikroskop sehen diese Chromosomen Perlenschnüren ähnlich: Ein langer "Faden" ist auf kugelartige Gebilde gewickelt. Biochemisch besteht der Faden aus Desoxy-Ribonukleinsäure (DNS oder DNA nach engl. deoxyribonucleic acid), während die "Perlen" aus Eiweißmolekülen aufgebaut

sind. Dabei ist die DNA der eigentliche Träger der Information, während die Proteine der Stabilisierung des "Fadens" und auch der Steuerung der Informationsverarbeitung dienen. Die DNA ist ein Riesenmolekül, das aus einem Zucker-Phosphat-Rückgrat und daran hängenden organischen Basenresten besteht. Es treten vier verschiedene Basenreste auf, die mit den Anfangsbuchstaben ihrer chemischen Namen A, T, G, und C abgekürzt werden. Jeweils zwei dieser Basenreste besitzen die Möglichkeit zur Aneinanderlagerung unter Ausbildung von Wasserstoffbrückenbindungen (sekundärer chemischer Wechselwirkungen). Durch diese Eigenschaft wird die Ausbildung von Doppelsträngen aus zwei gegengleichen Molekülketten ermöglicht, der bekannten DNA-Doppelhelix (Abb. 3). Jedes einzelne Chromosom besteht also aus zwei extrem langen, gegengleichen DNA-Molekülen, die mit Hilfe einer sehr großen Anzahl von Proteinen stabilisiert sind.

Abb. 3: Aufbau der DNA-Doppelhelix aus Zucker-Phosphat-Rückgrat und den 4 Basen.



2.3 Gene und Allele

Die Erbinformation ist auf den DNA-Molekülen in Genen strukturiert. Diese genetischen Funktionseinheiten bestehen aus der Abfolge von wenigen Hunderten bis vielen Tausenden einzelner Basen. Die genaue Abfolge der Basen bestimmt dabei den Aufbau der Proteine, die wiederum alle Lebensvorgänge bewirken und steuern. Die Basenreihenfolge wird als Matrize für das Aneinanderhängen von einzelnen Aminosäuren zu Eiweißmolekülen abgelesen. Jeweils drei Basen kodieren eine Aminosäure (genetischer Kode). Alle Proteine sind aus langen Ketten von bis zu 20 verschiedenen Aminosäuren aufgebaut. Deren Abfolge läßt sich direkt aus der Basensequenz des entsprechenden Gens ableiten (Abb. 4).

Die Proteine eines Gens haben dabei zwar eine festgelegte Funktion, es kann jedoch kleinere Unterschiede in ihrem Aminosäureaufbau geben, die ihre Ursache in der unterschiedlichen DNA-Sequenz haben. Diese verschiedenen Zustandsformen werden als Allele desselben Gens bezeichnet. Man kann sie mit verschiedenen Ausgaben eines Buches vergleichen. Im Extremfall können manche Allele sogar ganz funktionslos werden (Nullallele).

Da nun (bei den meisten Pflanzenarten) jedes Individuum in seinen vegetativen Zellen den doppelten Satz an Chromosomen trägt, kann jedes Gen in einer Pflanze entweder zwei gleiche oder zwei verschiedene Allele aufweisen (Abb. 5). Aus Gregor Mendels Versuchen sind die Begriffe reinerbig und mischerbig bekannt; in der wissenschaftlichen Literatur heißen die

Bezeichnungen homozygot und heterozygot. In anderen Pflanzen können noch weitere unterschiedliche Allele des Gens auftreten, ihre Gesamtanzahl ist keineswegs auf zwei beschränkt.

Angehörige einer Art, seien es nun Pflanzen, Tiere oder Einzeller, gleichen sich zwar in vielen, aber nicht allen genetischen Merkmalen. Die Unterschiede sind auf die unterschiedlichen Allelbesetzungen an den einzelnen Genen zurückzuführen. Hier findet man die genetische Variation, die für das Fortbestehen der Arten eine enorme Bedeutung hat. Im allgemeinen entstehen die unterschiedlichen Allele bei jeder Art aus einer Stammform durch Mutationen (Veränderungen in der Basenabfolge) unter Einfluß von chemischen, physikalischen oder biologischen Ursachen. Man kann die ganze Vielfalt des Lebens auf der Erde also auf die Abfolge von nur vier verschiedenen Basen in der DNA zurückführen.

Nach ihrer Wirkung unterscheidet man dominante Allele, die im heterozygoten Zustand die Wirkung des anderen Allels vollständig unterdrücken, rezessive Allele, die von dominanten unterdrückt werden, und kodominante Allele, deren Wirkung dem Durchschnitt der Wirkungen der beiden vorhandenen Allele entspricht (als Beispiel für kodominante Genwirkung seien gemischte Blütenfarben bei zwei verschiedenen Allelen angeführt; Abb. 6). Daneben gibt es auch Übergangsformen der Allelwirkung und Wechselwirkungen zwischen Allelen verschiedener Gene.

Die genetische Variation von Populationen zu erfassen heißt, geeignete meß- oder registrierbare Merkmale zu identifizieren, die Rückschlüsse auf die

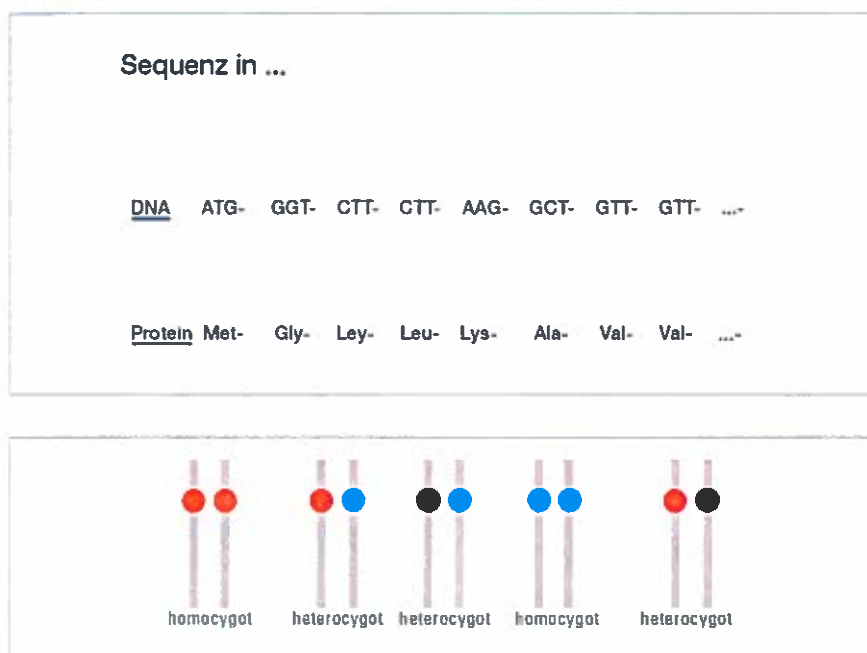


Abb. 4:

Ableitung der Eiweiß(Aminosäure)sequenz aus der Basensequenz der DNA: Übersetzung des "genetischen Kodes" (am Beispiel der Anfangsequenz einer CuZn-Superoxid-Dismutase aus *Pinus sylvestris* L. (KARPINSKI et al. 1992).

Abb. 5: Homo- und Heterozygotie. Trägt ein Individuum zwei gleiche Allele, ist es homozygot. Liegen zwei verschiedene Allele vor, ist es heterozygot.

vorliegenden Allele an bestimmten Genen zulassen. Durch Vergleich anhand dieser Merkmale ergeben sich quantifizierbare Größen, die Aussagen über die Variation innerhalb und zwischen Populationen erlauben.

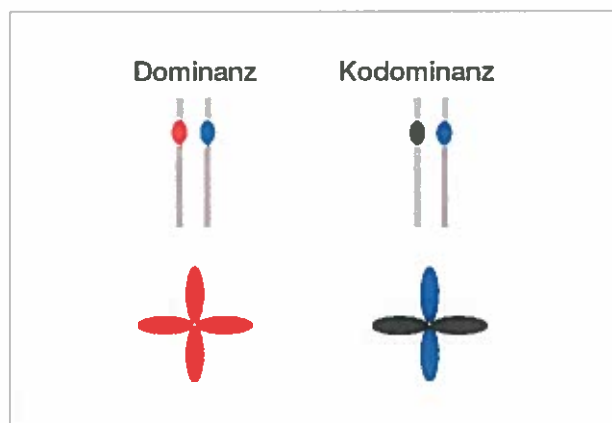


Abb. 6:
Genwirkung: Dominanz und Kodominanz. Dominante Allele unterdrücken bzw. verdecken rezessive Allele. Kodominante Allele haben eine intermediäre Wirkung. Das Beispiel zeigt Blütenfarben bei Dominanz (rot über blau) und Kodominanz (blau und schwarz).

3. Methoden zur Erfassung der genetischen Variation

In geeignet angelegten Feldversuchen lassen sich genetische Anteile an der Variation zwischen und innerhalb bestimmter genetischer Einheiten (z.B. Einzelbaumabsaaten oder Herkünfte) feststellen und quantifizieren. Da viele Wuchseigenschaften von sehr vielen verschiedenen Genen bestimmt werden, kann aber nicht auf die Allele bestimmter Gene geschlossen werden.

Dazu sind jedoch genetische Marker geeignet. Genetische Marker kann man allgemein als meß- oder registrierbare Merkmale definieren, die Rückschlüsse auf die vorliegenden Allele zulassen. Im folgenden sollen die wichtigsten genetischen Marker aufgezählt werden.

3.1 Morphologische Marker, Phenole und Monoterpene, Proteine

3.1.1 Morphologische Merkmale

Gregor Mendels klassische genetische Versuche basierten auf direkt an der Pflanze sichtbaren Merkmalen, die der Kontrolle einzelner Gene unterlagen. Bei-

spielsweise ist bei manchen Arten die Blütenfarbe ein solches Merkmal. Aus den Farben der Blüten kann dann auf die vorliegenden Allele geschlossen werden (Abb. 6). Im Falle der Holzpflanzen sind solche morphologischen Marker sehr selten.

Bei der Birke (*Betula pendula* ROTII.) zeigt die purpurrote Blattfärbung als einfacher genetischer Marker die Anwesenheit eines bestimmten Allels an (HATTEMER ET AL. 1990). Ähnliche Beobachtungen machte THOMPSON (1985) bei Haselnuß (*Corylus avellana* L.). Auch bei Walnuß, Buche und Ahorn kann die purpurrote Blattfärbung als genetischer Marker ausgewertet werden (HATTEMER 1991). Chlorophylldefektmutanten, die im heterozygoten Zustand an der Gelbfärbung der austreibenden Knospen erkennbar sind, treten z.B. bei der Fichte (LANGNER 1953) und anderen Koniferen auf (homozygote Träger dieser aurea- und albina-Allele sind reinweiß und überleben nur einige Tage). Bei Laubbäumen wie Buche, Birke, Ahorn und Walnuß finden sich vereinzelt lanzettartige Blätter (HATTEMER 1991). Manche besonderen Astformen sind als genetische Marker anzusehen (SAARNIJOIKI 1954).

Für einige Mitglieder der Betulaceen konnten Beobachtungen über Gene angestellt werden, die Inkompatibilitäten zwischen Pollen und Stempel kontrollieren (S-loci). Sie sind durch viele verschiedene Allele gekennzeichnet. Eine Analyse erfordert die Pollinierung mit Referenzgenotypen und ist dementsprechend aufwendig (THOMPSON 1979, HATTEMER 1991).

Im Gegensatz zu vielen landwirtschaftlich genutzten Pflanzen gibt es für einzelne Baumarten selten mehr als ein paar solcher morphologischer Marker. Meist treten sie in Baumpopulationen nur sporadisch auf, z.B. bedingt durch die rezessive Vererbung oder durch negative Einflüsse auf das Wachstum. Aus all diesen Gründen ist eine Ausnutzung dieser Marker für genetische Analysen in der forstlichen Populationsgenetik ungeeignet.

3.1.2 Phenolische Komponenten

Produkte des Sekundärstoffwechsels von Pflanzen können in manchen Fällen Aufschlüsse über die Zugehörigkeit zu taxonomischen Einheiten geben (Chemotaxonomie). In der Vergangenheit sind bei Bäumen phenolische Komponenten und Flavonoide aus dem Pflanzengewebe verwendet worden. Dabei treten genetische Varianten auf, die meist Unterscheidungen nur zwischen höheren taxonomischen Einheiten (Arten) zulassen. In ein paar Fällen wurde geographische Variation innerhalb von Arten festgestellt

(BANKS & HILLIS 1969, McDOUGAL & PARKS 1984 und 1985, LEBRETON ET AL. 1990, FORREST 1975; alle zitiert nach FORREST 1994); das läßt auf genetische Kontrolle schließen. Nähere Untersuchungen dazu liegen aber nicht vor. Diese Stoffe stehen am Ende von langen biochemischen Synthesewegen, an denen viele steuernde Enzyme und damit Gene mitwirken. Ihre Entstehung unterliegt auch dem Einfluß der Umwelt. Deshalb können sie zwar nicht als Marker für einzelne Gene verwendet werden, erlauben aber in einigen Arten die Identifizierung von Klonen (z.B. bei Pappeln und Lärchen, FORREST 1994) und Hybriden (z.B. bei Ulmen, HEIMLER ET AL. 1991, Fichten, Kiefern und Tannen, FORREST 1994).

3.1.3 Monoterpenmuster

Im Harz der Koniferen finden sich die Monoterpene als charakteristische Bausteine. Manche dieser Komponenten können als genetische Marker verwendet werden. Im Gegensatz zu den oben erwähnten Phenolen bereitet die Extraktion aus dem Pflanzengewebe wenig Schwierigkeiten, auch die Auftrennung in Einzelkomponenten mit modernen Analysegeräten ist Stand der Technik. Da jedoch eine Vielzahl chemisch leicht unterschiedlicher Komponenten vorliegt, stellt die Interpretation der Trennmuster hohe Anforderungen. Konzentration und Zusammensetzung hängen vom Entwicklungszustand ab und schwanken innerhalb des Jahres und mit dem Lebensalter. Verschiedene Gewebe desselben Baumes haben unterschiedliche Monoterpenmuster.

Bei standardisierten Bedingungen liefert die Analyse von Monoterpenen Aussagen über geographische Variation in weitverbreiteten Arten, wie bei vielen Kiefern (z.B. *Pinus sylvestris* L., WRIGHT 1976, loc. cit. S. 278), Fichten und Tannen, wo auch Introgression und Hybridisierung zwischen Arten nachweisbar sind. Im Ausnahmefall erlauben manche solcher Marker auch die Identifizierung von Individuen. Übersichten für diese Anwendungen finden sich bei FORREST (1994) und MÜLLER-STARCK ET AL. (1992).

Manche Monoterpene erlauben die Anwendung als genetische Marker für einzelne Allele, wenn ihr erhöhter Gehalt auf Dominanzwirkung zurückgeht. MÜLLER-STARCK ET AL. (1992) und BIRKS & KANOWSKI (1988) führen für die Fichte einen bzw. zwei Monoterpenmarker an. Bei *Pinus sylvestris* L. und *Pinus pinaster* AIT. finden sich nach MÜLLER-STARCK ET AL. (1992) jeweils fünf Marker.

Bei der Interpretation der Monoterpenmuster errechnet man Relativgehalte der einzelnen Komponenten, die strenggenommen nicht voneinander un-

abhängig sind (ihre Summe ergibt eins). Für die meisten der Monoterpene bestehen verzweigte Stoffwechselwege. Deshalb beeinflussen oft mehrere Gene den Relativgehalt einer Komponente (SQUILLACE 1977, ZAVERIN & SNAJBERG 1985; beide zitiert nach HATTEMER ET AL. 1993). Diese komplexen Zusammenhänge werden bei BIRKS & KANOWSKI (1988) ausführlich diskutiert.

3.1.4 Proteine

Proteine als primäre Genprodukte unterliegen direkter Kontrolle durch die Gene. Sie können aber nur in Ausnahmefällen als genetische Marker verwendet werden. Nicht jedes Protein ist in jeder Zelle einer Pflanze zu jeder Zeit vorhanden. Vielmehr geschieht die Steuerung der Lebensvorgänge und die funktionelle Differenzierung einzelner Gewebe und Zellen über das "An- und Abschalten" von Genen. Dadurch besitzt jede Zelle in jeder Entwicklungsphase einen charakteristischen Satz von Proteinen, der nur zum Teil durch die Allelbesetzungen festgelegt ist. Weiters sind biochemische Modifikationen der bereits vorhandenen Proteine möglich, um dadurch z.B. ihre Aktivität zu ändern. Meist ist diese Modifikation umweltbedingt (Stressreaktionen, Seneszenz usw.).

Für Proteine gibt es viele Trenn- und Färbetechniken. Da viele Proteine jedoch nur in geringen Konzentrationen vorliegen, muß man sich meist auf Speicherproteine beschränken. Genetische Varianten wurden z.B. bei Eichen und Kiefern gefunden (BORDACS & KORANYI 1993, ALLONA ET AL. 1994, GERBER ET AL. 1993). Die praktische Bedeutung solcher Methoden wird möglicherweise gering bleiben - Samenproteine können eben nur in Samen analysiert werden (nicht z.B. in Jungpflanzen), und die besser geeigneten Trennmethoden sind sehr aufwendig.

Eine spezielle Klasse von Proteinen jedoch, die Isoenzyme, die mit einfacheren Methoden aufgrund ihrer Stoffwechselleistungen detektiert werden können, haben für die Forstgenetik erhebliche Bedeutung.

3.2 Isoenzyme

Enzymproteine, die als Biokatalysatoren die Stoffwechselvorgänge bewirken, zeigen ebenfalls allelische Varianten. Von verschiedenen Allelen desselben Gens gebildete Enzyme unterscheiden sich geringfügig in manchen physikalisch-chemischen Eigenschaften. Dies ist auf die geänderte Aminosäuresequenz zurückzuführen, die die Nettoladung und/oder Molekülgröße verändern kann. Diese Unterschiede kann

man zur Auftrennung der Enzymmoleküle im elektrischen Feld - z.B. in Stärkegelelen - ausnutzen. Anschließend weist man sie mit spezifischen Färbemethoden, die auf ihren Stoffwechselreaktionen basieren, nach. Als Produkt der Analyse sieht man gefärbte Banden in einem Gelstreifen, die auf die Umsetzungsreaktion des Enzyms an diesen Stellen hinweisen (Abb. 7).

Dabei werden Enzyme des Grundstoffwechsels gewählt, die weitgehend stabil aus dem Pflanzengewebe extrahiert werden können. Ihr Vorkommen soll nicht vom Entwicklungszustand der Pflanze abhängen. Zumindest muß es geklärt sein, in welchen Geweben sie vorkommen und in welchen nicht. Es darf auch keine umweltbedingte Variation vorliegen. Treffen diese Grundvoraussetzungen zu, kann man die Banden genetisch interpretieren.

Jeder diploide Baum kann zwei gleiche oder zwei verschiedene Allele aufweisen. Bei anderen Exemplaren der Baumart können noch viele weitere verschiedene Allele auftreten. Um festzustellen, welche Banden im Gel welchen Allelen entsprechen, werden Kreuzungsnachkommen der fraglichen Bäume analysiert. Isoenzyme sind grundsätzlich kodominant

(Abb. 6), beide vorliegenden Allele treten also in Erscheinung. Eine Besonderheit bildet das Nährgewebe der Koniferensamen (Endosperm oder Megagametophyt). Es weist nur den einfachen Chromosomensatz auf, den der Mutterbaum an den Samen (Embryo) weitergegeben hat. In diesem Endosperm tritt daher nur ein Allel pro Gen auf. Im Fall von Heterozygotie (zwei verschiedene Allele im Mutterbaum) kann man durch Analyse des Endosperms aus mehreren Samen desselben Baumes feststellen, welche beiden Allele im Mutterbaum vorkommen und deshalb einzeln an die einzelnen Samen weitergegeben wurden.

Die Isoenzymanalytik hat erst die enormen Fortschritte der Forstgenetik in den letzten beiden Jahrzehnten ermöglicht. Dafür sind mehrere Vorteile der Methode maßgeblich. Isoenzyme erlauben die Analyse einer größeren Anzahl von Genen (z.B. 15-25 Gene bei der Fichte). Irgendwelche Allele dieser Gene treten in jedem Individuum auf, man ist also nicht auf seltene Merkmale wie bei den morphologischen Markern beschränkt. Damit kann man Individuen und Populationen im Bezug auf mehrere einzelne Gene vergleichen.

Die Kodominanz erlaubt es, beide im diploiden Baum vorhandenen Allele zu registrieren. Man kann

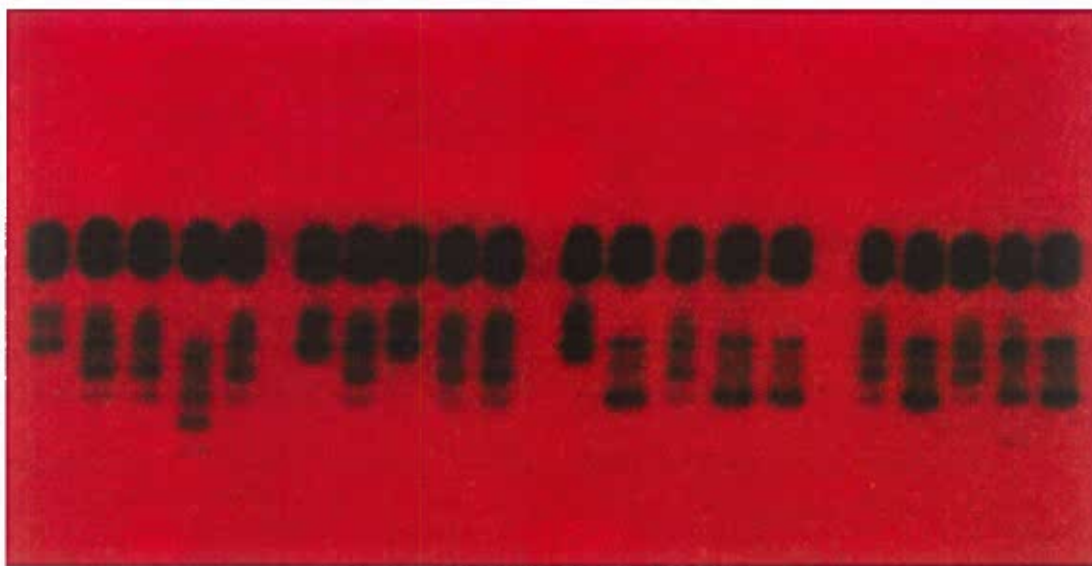


Abb. 7: Isoenzymanalyse. Das Foto zeigt die gelelektrophoretischen Bandenmuster von 20 verschiedenen Fichten beim Isoenzymsystem "AAT".

feststellen, ob ein Individuum homozygot (zwei gleiche Allele) oder heterozygot (zwei verschiedene Allele) im Bezug auf das untersuchte Gen ist. Das bedeutet, daß man für die ganze Population die Häufigkeiten einzelner Allele berechnen kann. Allelhäufigkeiten sind wichtige Parameter für die Populationsgenetik. Ausnahmen von der Kodominanz bestehen aber (Nullallele, s. unten).

Im allgemeinen geben die verschiedenen Isoenzym-Allele ihren Trägern keine unterschiedlichen Überlebensvorteile (sonst würden im Lauf der natürlichen Entwicklung die nachteiligen Allele allmählich verschwinden). Das erklärt die Vielfalt an unterschiedlichen Allelen, die besonders in Arten mit hoher genetischer Variation anzutreffen sind. Die Vielzahl an Allelen erlaubt es, Populationen sehr genau zu charakterisieren. In kleinen Baumpopulationen ist es unter Umständen möglich, alle Individuen anhand ihrer Allelbesetzungen zu unterscheiden. Natürlich gibt es aber auch Gene, die keine oder nur sehr geringe Variation aufweisen.

Die Färbetechniken sind größtenteils zwischen verschiedenen Organismen übertragbar, da die verwendeten Enzyme des Grundstoffwechsels in allen Organismen ähnliche Funktionen erfüllen. Oft können auch mit einer Färbetechnik verschiedene Gene analysiert werden, die als voneinander getrennte Zonen im Gel in Erscheinung treten.

In manchen Details können sich bei Isoenzymen Interpretationsprobleme ergeben (HATTEMER 1991):

- Manche Enzyme bestehen aus mehreren Untereinheiten, die sich aneinanderlagern müssen, damit das Enzym funktioniert. Dabei können sich "Hybridbanden" aus Untereinheiten verschiedener Allele bilden. Dadurch wird die genetische Interpretation der Bandenmuster erschwert.
- Zonen, die verschiedenen Genen zuzuordnen sind, können sich überlappen. Hybridbanden können sich in manchen Fällen auch zwischen verschiedenen Genen/Zonen bilden. Wieder wird die Interpretation erschwert. Hybriden zwischen verschiedenen Genen sind ein Hinweis auf Genfamilien mit ähnlicher DNA- und Aminosäuresequenz.
- Für manche Isoenzyme wurde eine genetisch bestimmte Modifikation nachgewiesen (HARRY 1983). In diesem Fall nimmt mehr als ein Gen auf die beobachteten Bande Einfluß.
- Mehrfachbanden können auch auf einzelne Allele zurückzuführen sein.
- Nullallele können auftreten. Diese hinterlassen keine Färbung am Gel. Man kann dann nicht erkennen, ob das andere (funktionsfähige) Allel ein- oder

zweimal im Individuum vorliegt. Damit wird die korrekte Klassifizierung Heterozygoter erschwert.

- Die Gen- und Allelbezeichnungen verschiedener Labors sind nicht immer einheitlich. Das erschwert den Vergleich von Untersuchungsergebnissen.

Vor weiterführenden Untersuchungen hat also eine hieb- und stichfeste genetische Interpretation zu erfolgen. Erst dann kann eine Anwendung auf Populationen erfolgen. Einander teilweise widersprechende Ergebnisse verschiedener Studien an denselben Baumarten sind deshalb genau auf die Vergleichbarkeit der Methoden zu hinterfragen (MÜLLER-STARCK ET AL. 1992).

3.3 Analyse der Variation der DNA

Für die folgenden Ausführungen wird auf Kapitel 2.2 (Aufbau der DNA) verwiesen. Zur Untersuchung von DNA muß man diese zuerst aus dem Pflanzengewebe extrahieren. Extraktion und Analyse haben viele Jahrzehnte lang erheblichen arbeitstechnischen und zeitlichen Aufwand erfordert. Mittlerweile sind jedoch Verfahren bekannt, die auch das Arbeiten mit größeren Probenanzahlen erlauben - Aufwand und Zeitbedarf haben sich verringert. Dabei wird die Entwicklung von der Humangenetik und der Mikrobiologie vorangetrieben. DNA stellt ein chemisch viel einheitlicheres Untersuchungsmaterial dar als z.B. Enzymproteine. Zwanzig chemisch heterogenen Aminosäuren als Bausteinen der Proteine stehen vier chemisch sehr ähnliche Bausteine der DNA gegenüber. Daher sind viele für andere Organismen erarbeitete DNA-Methoden auch für Pflanzen adaptierbar.

Das Werkzeug dafür liefern (meist aus Mikroorganismen gewonnene) hochgereinigte Enzyme. Ihre natürlichen Funktionen bestehen darin, z.B. die DNA an bestimmten Stellen zu spalten, von innen oder den Enden her abzubauen, anhand einer vorliegenden Matrize den zweiten Strang zu ergänzen, zwei Enden zusammenzuhängen usw. Diese Funktionen erfüllen sie auch im Reagenzglas an gereinigter DNA. Dabei spielt es im Prinzip keine Rolle, ob diese DNA aus Pflanzen, Mikroorganismen oder Menschen stammt.

3.3.1 Restriktionsfragment-Längenpolymorphismen (RFLPs) im Zellkern und in den Zellorganellen

Bei dieser Art von Analyse verwendet man Enzyme, die kurze, für sie spezifische Sequenzabschnitte in der DNA erkennen. An diesen Stellen spalten sie den Doppelstrang. Diese Enzyme werden Restriktionsnu-

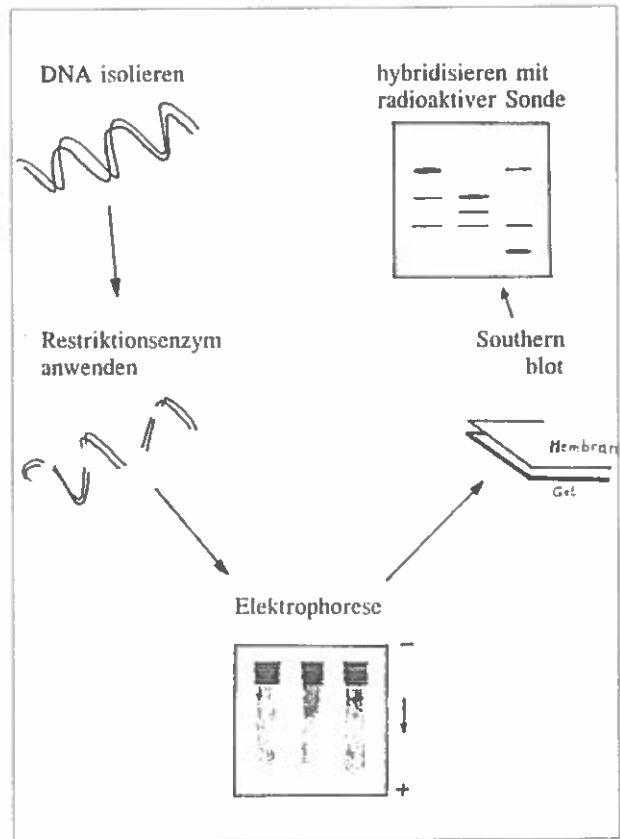
kleasen genannt. Aus DNA-Stücken derselben Sequenz entstehen nach Spaltung mit demselben Enzym immer dieselben Bruchstücke. Man kann also die vorliegende DNA reproduzierbar in definierte kleinere Fragmente zerlegen.

Bei wenig komplexer DNA, wie sie z.B. in den Zellorganellen vorliegt, entstehen nur wenige Bruchstücke. Diese werden gelelektrophoretisch nach ihrer Größe (= Länge des Fragmentes) getrennt und durch Färbung sichtbar gemacht. Im gefärbten Gel sind Muster aus einzelnen Banden erkennbar. Jede Bande entspricht einer Fragmentgröße. Tritt Variation in den Mustern auf, werden die Varianten als Restriktionsfragment-Längenpolymorphismen (RFLPs) bezeichnet. Chloroplasten und Mitochondrien einer Art sind im allgemeinen genetisch eher einheitlich. Da nur wenig Variation auftritt, sind die Anwendungsgebiete in der Praxis beschränkt. Zellorganellen werden im Regelfall von nur einem Elternteil ererbt. Wie schon einige der zuvor beschriebenen Marker werden sie für die Analyse von Hybriden und Introgressionszonen angewendet.

Doch auch die Zellkern-DNA läßt sich auf diese Weise analysieren, wenn auch einige Zusatztechniken erforderlich sind. Die Anzahl einzelner Bruchstücke nach Restriktionsnuklease-Behandlung ist hier so groß, daß eine Trennung in Einzelbanden nicht mehr möglich ist. Man muß mit sogenannten "Gensonden" nach bestimmten Fragmenten aus diesem Gemisch suchen (Abb. 8). Als Gensonde verwendet man ein Fragment aus der DNA desselben oder eines verwandten Organismus. Das Fragment wird in Bakterien oder Bakterienviren künstlich vermehrt. Diese Sonde markiert man z.B. durch den Einbau radioaktiven Phosphors in das Molekülrückgrat. Die gesamte Pflanzen-DNA wird nun mit einer Restriktionsnuklease behandelt und in einem Gel elektrophoretisch aufgetrennt. Von dem Gel wird ein "Abklatsch" auf Filterpapier oder Nylonmembran hergestellt, an dem die aufgetrennten DNA-Fragmente haften. Diese Membranen ("Southern blots") kann man nun in geeigneter Weise mit der radioaktiven Gensonde inkubieren. Aufgrund der Aneinanderlagerung gegenseitlicher DNA-Einzelstränge (Basenpaarung, s. 2.2) wird sich die Sonde an Stellen festsetzen, wo sie ihr Komplement findet. Diese Stellen weist man durch die Schwärzung eines photographischen Filmes (Autoradiographie) nach.

Wie auch schon bei allen anderen besprochenen Markern kann man mit dieser Methode genetische Varianten nachweisen. Das detektierte Fragment kann durch Einschieben von Basen länger, durch Wegfall

Abb. 8: Ablauf der Analyse von Restriktionsfragment-Längenpolymorphismen (RFLP), schematisch.



von Basen kürzer, oder durch Veränderungen in der Schnittstelle des Enzyms länger oder kürzer werden. Es wird daher im Gel verschieden weit wandern. Ähnlich wie bei den Isoenzymen entstehen also variable Bandenmuster. Bestehen die Muster nur aus wenigen Banden, ist die genetische Interpretation meist einfacher (Kodominanz ohne Hybridbanden zwischen verschiedenen Allelen). Man analysiert die Erbsubstanz selbst, deshalb kann es keine Wechselwirkungen mit anderen Komponenten oder Umwelteinflüssen geben. Manche Sonden detektieren aber eine größere Anzahl von Fragmenten. Eine eindeutige Interpretation ist dann meist nicht möglich.

Wie leicht ersichtlich ist, kommt deshalb der Wahl der Sonde und des Restriktionsenzym große Bedeutung zu. Die Auswahl geeigneter Sonden bedarf einiger Erfahrung. Die Auswahl des Enzyms ist empirisch (Versuch und Irrtum) vorzunehmen.

Die vielen Arbeitsschritte sind zeitaufwendig. Schon die Herstellung und Auswahl der Sonden beansprucht große Arbeitskapazitäten; zusätzlich ist die Radioaktivität ein Gesundheitsrisiko. Reihenanalysen an größeren Probenanzahlen verbieten sich meist. Der Einsatz von Automaten an kritischen Stellen im Analysenablauf ist kaum denkbar. Typische Probe-

nanzahlen, die im Rahmen einzelner Studien mit mehreren RFLP-Sonden analysiert wurden, bewegen sich zwischen einigen wenigen und 50 bis 100 Proben.

Um populationsgenetische Aussagen machen zu können, sind größere Probenanzahlen zu analysieren. Der Zeitbedarf dafür wäre sehr hoch. Da die Restriktionsenzyme empfindlich auf Verunreinigungen durch andere Zellkomponenten (Hemmstoffe) reagieren, muß die DNA-Lösung aufwendig gereinigt werden. Deshalb verhindert der Zeit- und Arbeitsaufwand den routinemäßigen Einsatz von RFLP-Analysen in der Forstgenetik.

3.3.2 Polymerase-Kettenreaktion (PCR) - Sequenzmarkierte Stellen (STS)

Viele dieser Nachteile vermeidet eine Neuentwicklung, die ihrem Entdecker 1993 den Nobelpreis für Chemie einbrachte (MULLIS 1990): die Polymerase-Kettenreaktion (PCR nach engl. "polymerase chain reaction"). Vor der Zellteilung muß im Zellkern die DNA jedes Chromosoms kopiert werden, um jeder der neu entstehenden Zellen einen vollständigen Satz weitergeben zu können. Das wird von spezialisierten Enzymen bewerkstelligt, den DNA-Polymerasen. Diese Enzyme können auch im Reagenzglas DNA ver-

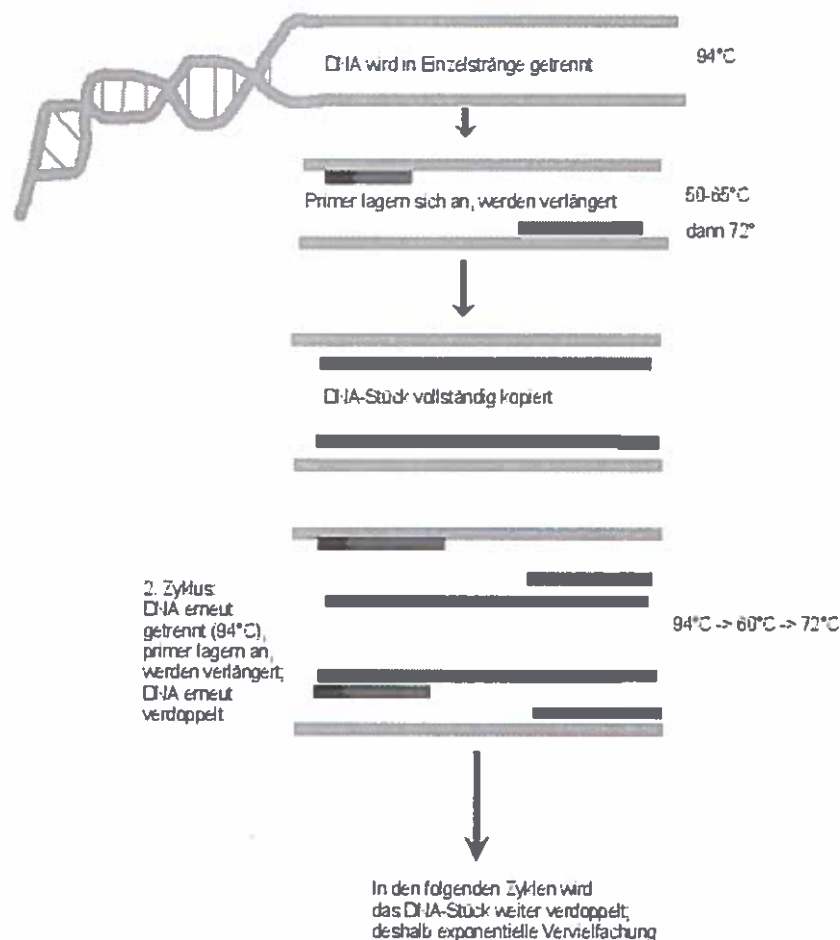


Abb. 9: Prinzip der Polymerase- Kettenreaktion (PCR), schematisch. Bei jedem Reaktionszyklus wird die Menge des DNA-Stückes (annähernd) verdoppelt.

doppeln, wenn man die Anfangsstücke vorgibt. Wiederholt man den Vorgang, dann verdoppelt sich in jeder Runde die Menge an DNA (Abb. 9). Die Reaktion verläuft annähernd exponentiell. Aus geringsten, noch nicht meßbaren Mengen an Ausgangs-DNA kann damit nach 25-40 Runden eine am Gel sichtbare Bande erzeugt werden. Welches DNA-Fragment dabei vervielfältigt wird, hängt von den vorgegebenen Anfangssequenzen (den "primern") ab.

Das kann man zur genetischen Analyse analog zu den RFLPs anwenden. Die Endsequenzen eines zu untersuchenden DNA-Abschnitts werden vorgegeben. Aus dem Gemisch der zellulären DNA wird dieser Abschnitt gezielt vervielfältigt. Treten Varianten verschiedener Länge auf, kann man diese wie Isoenzym- oder RFLP-Allele im Gel trennen und auswerten. Wenn keine Längenunterschiede bestehen, kann das DNA-Fragment wieder mit Restriktionsnukleasen, die Polymorphismen detektieren, geschnitten werden. Nach einer Gelelektrophorese liegen dann die variablen Bandenmuster vor. Man könnte die Methode "Analyse sequenzmarkierter Stellen" nennen, die englische Bezeichnung "sequence-tagged sites" (STS) ist gebräuchlicher. SCAR für "sequence-characterized amplified region" ist ein weiteres Synonym.

PCR ist so spezifisch, daß damit schon einzelne DNA-Moleküle nachgewiesen wurden. Für Routineanalysen genügen kleinste Probenmengen. Bei biologischem Material, das u.U. mühsam im Forst gesammelt werden muß, ist das ein bedeutender Vorteil. Im Gegensatz zur RFLP-Analyse eignet sich das PCR-Verfahren allgemein für große Probenanzahlen. Die Analyse ist bedeutend schneller als das RFLP-Verfahren. Unter Umständen können auch mehrere Marker in einem Gel analysiert werden.

Ganz wie bei der RFLP-Analyse muß jedoch Vorarbeit geleistet werden. Die Sequenz der Anfangsstücke (primer) muß bekannt sein. Dabei muß man auf bekannte DNA-Sequenzen aus der bearbeiteten Baumart zurückgreifen. Dazu kann man einerseits bei geeigneter Labor-Ausstattung die Basensequenz von DNA-Fragmenten der Baumart selbst bestimmen. Das ist aber relativ aufwendig. Die heute gängigen Methoden erfordern radioaktives Arbeiten. Der Arbeitsfortschritt ist nicht sehr schnell. Eine stetig steigende Anzahl von Basensequenzen steht bereits in internationalen Datenbanken zur Verfügung. Die Analyse kann auch bei Verwendung von Sequenzen aus verwandten Arten gelingen. So konnte kürzlich am USDA Institute of Forest Genetics in Berkeley, Kalifornien, gezeigt werden, daß aus *Pinus taeda* L. abgeleitete Gensequenzen auch in vielen anderen Konife-

ren, z.B. in der europäischen Fichte, Polymorphismen detektieren (D. HARRY, persönliche Mitteilung).

Eine weitere Möglichkeit besteht in der Verwendung konservierter Gensequenzen von weiter entfernt verwandten Arten. In den internationalen DNA-Sequenzdatenbanken finden sich viel mehr Basensequenzen von Kulturpflanzen als von Forstbäumen. Es müssen sowohl konservierte Abschnitte für die primer als auch variable Abschnitte dazwischen vorhanden sein.

Weiterentwicklungen in der PCR-Technik haben zu einer Alternative geführt, die mit noch weniger Vorarbeit auskommt. Sie wird im folgenden besprochen.

3.3.3 PCR mit Zufallsprimern (RAPD)

Es gibt auch die Möglichkeit, irgendwelche zufälligen DNA-Sequenzen als primer in PCR-Reaktionen zu verwenden (WELSH & MCCLELLAND 1990, WILLIAMS ET AL. 1990, CAETANO-ANOLLÉS ET AL. 1991, CARDINEAU & FILNER 1992). Diese primer sind meist kürzer als herkömmliche (ca. 10 Basen anstatt 20-30). Sie lagern sich an mehrere Stellen im Genom an, die dem Komplement ihrer eigenen Sequenz mit großer Übereinstimmung entsprechen. Von manchen dieser Bindungsstellen ausgehend entstehen im Zuge der PCR-Reaktion dabei als Reaktionsprodukte (bei geeigneter Wahl der Bedingungen) Muster aus 200-2000 Basenpaaren langen DNA-Fragmenten (Abb. 10). Die Verwendbarkeit der einzelnen Fragmentbanden als genetische Marker konnte mittlerweile für zahlreiche Arten (nicht nur Pflanzen) gezeigt werden. Neben einigen anderen Synonymen ist RAPD für "random amplified polymorphic DNA" die gängigste Bezeichnung.

Als Ausgangsprodukte stehen sehr viele Zufallsprimer zur Verfügung (es gibt nur geringfügige Einschränkungen). Jeder dieser primer kann mehrere Banden (= genetische Marker) liefern. Man hat mit dieser Technik eine fast unbegrenzte Markeranzahl zur Verfügung. Die Analyse ist nicht besonders aufwendig, Automatisierungen sind möglich.

Der größte Vorteil der RAPD-Analyse ist die große Anzahl von Markern, die in kurzer Zeit gefunden und analysiert werden kann. Damit wird man z.B. leichter seltene Allele finden, die ihre Träger und einen Teil ihrer Nachkommen identifizierbar machen. Das Muster aus vielen Einzelmarkern gibt einen für jedes Individuum charakteristischen "Fingerabdruck". Damit können Klone und Individuen eindeutig voneinander unterschieden werden (HEINZE 1993). Auf die Erstellung von Genomkarten, die durch die RAPD-Methode bedeutend erleichtert wird, wird weiter unten eingegangen.

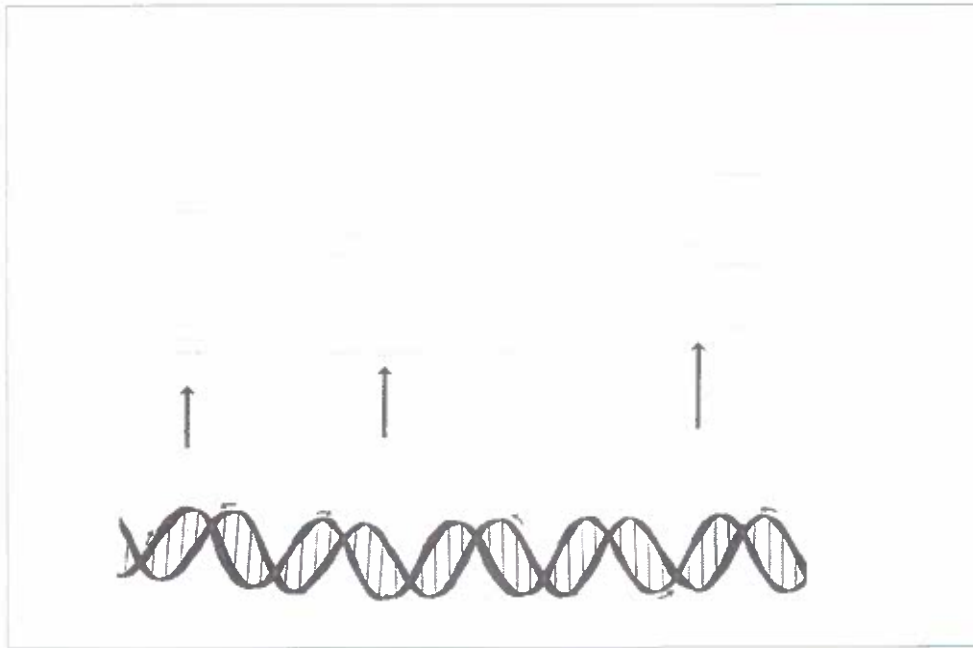


Abb. 10 a:
Prinzip der PCR mit
Zufallsprimern
(RAPD): Ausgehend
von Bindungsstellen
der Zufallsprimer
werden anonyme
Fragmente aus der
DNA amplifiziert.

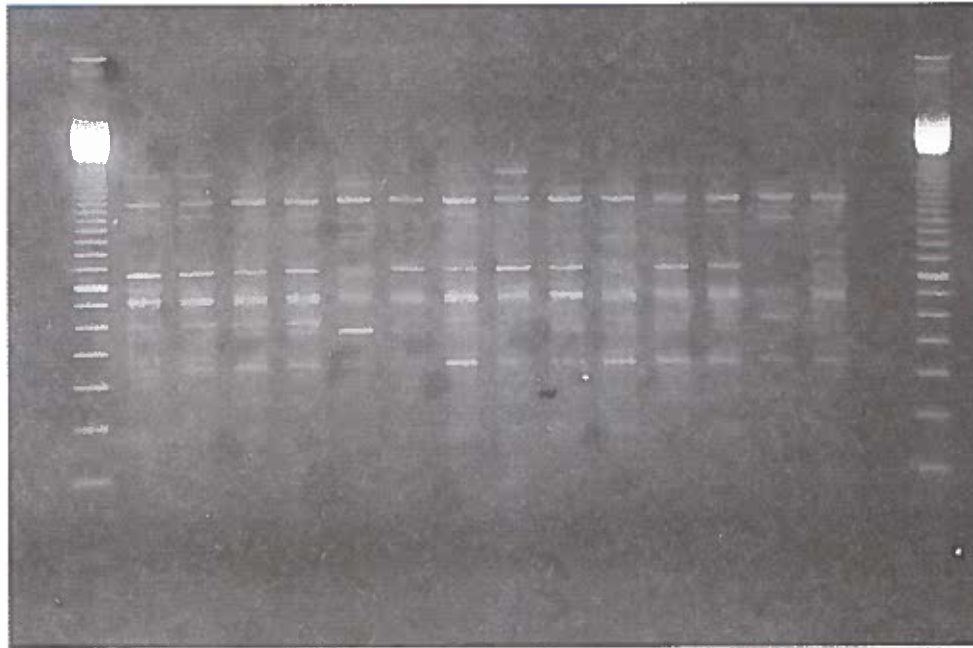


Abb. 10 b:
Foto einer gelelektro-
phoretischen
Trennung von RAPD-
Reaktionsprodukten
verschiedener Fichten-
samen (Embryos).
Man erkennt eine
große Zahl von
Banden in jeder
vertikalen Spur.

Der hauptsächliche Nachteil besteht in der Dominanz. In einer diploiden Pflanze sind drei verschiedene Allelbesetzungen eines Gens möglich; im Fall der RAPD-Marker sind das: homozygot für "Bande nicht vorhanden", homozygot für "Bande vorhanden", und heterozygot (ein Allel für "vorhanden" und eines für "nicht vorhanden"). Die beiden letzteren Fälle können aber durch die RAPD-Analyse nicht unterschieden werden, da die Banden bei Vorliegen von ein oder zwei "vorhanden"-Allelen nicht unterschiedlich stark ausfallen. Bei diploidem Pflanzenmaterial kann der heterozygote vom homozygoten Zustand bei Anwesenheit des Markers nicht unterschieden werden. Da-

zu muß man Nachkommen der Pflanzen analysieren. Einen anderen Ausweg bieten wieder die haploiden Endosperme der Koniferensamen. Berechnungen von Allelhäufigkeiten, die die Grundlage für viele genetische Maßzahlen sind, sind somit nicht ohne weiteres möglich.

Ein weiterer Nachteil der RAPD-Analyse ist die noch nicht befriedigende Reproduzierbarkeit zwischen Labors, die auf nichtkontrollierte Einflußgrößen bei der Analyse zurückgeht. Auch innerhalb desselben Labors müssen die Reaktionsbedingungen sehr strikt eingehalten werden.

3.3.4 Mini- und Mikrosatelliten, genetische Fingerabdrücke

Im Genom der meisten höheren Lebewesen finden sich Abschnitte, in denen verschieden lange Basenabfolgen in vielen Wiederholungen ("repeats") vorkommen. Aus historischen Gründen spricht man dabei von "Satelliten-DNA". Solche aneinandergereihte Sequenzen können aus wenigen Basen (Beispiel: AGGT - AGGT - AGGT - ...) oder aus längeren Abfolgen bestehen. Repeats mit ca. 170 Basenpaaren Länge sind bekannt (HEMLEBEN 1990). Im allgemeinen spricht man von *Mikrosatelliten*, wenn die wiederholte Einheit nur wenige Basen umfaßt (2-5). Längere repeats werden meist als *Minisatelliten* bezeichnet. Als Oberbegriff wird noch "variable number of tandem repeats" (VNTR) verwendet. Diese Bezeichnung nimmt Bezug darauf, daß in verschiedenen Allelen verschieden viele Einzelelemente aneinandergereiht sind.

Entdeckt wurden diese Sequenzen beim Menschen (JEFFREYS ET AL. 1985). Mit der Technik des "Southern blotting" konnten Bandenmuster aus vielen einzelnen Fragmenten hergestellt werden. Das einzelnen Menschen zugeordnete Bandenmuster hat sich als so charakteristisch erwiesen, daß man es als "genetischen Fingerabdruck" bezeichnet hat, der für jeden Menschen (Ausnahme: eineiige Zwillinge) einzigartig ist. Eine weitere vorteilhafte Eigenschaft besteht darin, daß jedes einzelne Fragment von einem Elternteil ererbt worden sein muß. Gerichtsmedizin und Vaterschaftsanalysen profitieren davon im humanmedizinischen Bereich (KREIKE 1993, PEÑA & CHAKRABORTY 1994, PEÑA ET AL. 1993). Dieselben Analyseprinzipien sind auch für Pflanzen anwendbar.

Mini- und Mikrosatelliten-DNA läßt sich auch mit Hilfe der PCR-Technik analysieren. Dazu müssen die an die wiederholte Sequenz anschließenden Sequenzen bekannt sein, um sie als primer einzusetzen. Das setzt wieder die Sequenzierung der entsprechenden DNA-Fragmente voraus. Bei diesen genetischen Markern wurden in einer ersten Untersuchung bei der Sojabohne zahlreiche Allele gefunden, die sich alle in der Anzahl der repeats unterscheiden (MORGANTE & OLIVIERI 1993). Ähnliche Ergebnisse werden für alle Pflanzenarten erwartet. Reproduzierbarkeit und Standardisierbarkeit sollten bei diesen Markern besser sein.

Die Mutationsrate von Mini- und Mikrosatelliten in Pflanzen ist unbekannt, d.h. man weiß nicht, wie häufig sich die Allele spontan verändern. In Analogie zu den Säugetieren ist besonders bei den Mikrosatelliten eine erhöhte Mutationsrate denkbar. Wegen ihres Aufbaus aus identischen Einheiten passieren bei ihrer Vermehrung vor der Zellteilung häufiger Feh-

ler. Darauf muß man bei populationsgenetischen Untersuchungen Bedacht nehmen. Gene, deren Enzymprodukte eine Stoffwechselfunktion ausführen, verändern sich eher mit einer langsamen Rate.

Zusammenfassend kann über die meisten DNA-Marker gesagt werden, daß sie im Forstbereich erst im Erprobungsstadium sind. Deshalb lassen sich über die zweckdienliche Auswahl von Markertypen nur vorsichtige Empfehlungen abgeben (GILLET 1993). In diesem Bereich ergibt sich für die Forstgenetik ein weites Betätigungsfeld.

4. Bewertung von genetischer Variation, Angepaßtheit und Anpassungsfähigkeit mit genetischen Markern

Bei der Besprechung der einzelnen Marker wurde schon erwähnt, daß jeder einzelne Typ seine Vor- und Nachteile hat. Der verwendete Markertyp hat aber auch einen Einfluß auf die Schlüsse aus einer Untersuchung. Ein paar Überlegungen dazu, die von Relevanz im Zusammenhang mit dem erwarteten Klimawandel sind, werden im folgenden diskutiert.

4.1 Vielfalt

Die genetische Vielfalt wird als eine wichtige Grundlage für die Anpassungsfähigkeit von Baumpopulationen gesehen. Wie kann man sie messen?

Genetische Vielfalt zeigt sich in der Anzahl und im Anteil an genetischen Varianten. Solche Varianten können auf verschiedenen Ebenen betrachtet werden. Man kann in zwei untersuchten Einheiten die Anzahl verschiedener Allele feststellen, um die Vielfalt zu vergleichen. Dabei ist grundsätzlich auf gleiche Stichprobengröße zu achten. Die Wahl des Markertyps hat Einfluß auf das Ergebnis. Bei den Isoenzymen, den Mikrosatelliten und bei manchen RFLPs treten häufig viele verschiedene Allele eines Gens auf. Bei RAPDs ist die Anzahl von vornherein auf zwei beschränkt.

Seltene Allele können zur Identifizierung von Nachkommen des Trägers verwendet werden. Von praktischer Bedeutung dürfte dieses Verfahren, zu dem sowohl Isoenzyme als auch RFLP- und RAPD-Marker geeignet scheinen, aber nur bei kleinen Populationen wie Samenplantagen oder bei Überhältern sein. Da bei RAPDs mehr Marker zur Verfügung stehen, werden damit auch leichter individualspezifische Marker gefunden werden.

Aufschluß über die Vielfalt gibt auch der Anteil polymorpher Gene. Man stellt fest, wieviele der untersuchten Gene mehr als ein Allel aufweisen. Bei Isoenzymen hängen diese Werte von den untersuchten Isoenzymsystemen ab, bei denen manche öfter Polymorphismen zeigen als andere. Um zu vergleichbaren Werten zu gelangen, müssen viele und möglichst dieselben Gene in den zu vergleichenden Proben analysiert werden. Ähnliches gilt für RFLPs. Bei RAPDs, mit denen pro Marker nur zwei Allele unterschieden werden können, ist die Vergleichbarkeit von Ergebnissen hier größer. Auch die größere Anzahl an Markern, die zur Verfügung steht, ist als Vorteil zu sehen. In einer vergleichenden Arbeit über amerikanische Aspen fanden LIU & FURNIER (1993) so bei Einbeziehung von 13 Isoenzymgenen, 138 RFLP-Sonden und ca. 60 RAPD-Markern ungefähre Übereinstimmung in der Vielfalt an Allelen und dem Anteil polymorpher Gene zwischen den Isoenzymen und den RFLPs (wohl deshalb, da außergewöhnlich viele RFLP-Loci analysiert wurden). Da die Struktur der "RAPD-Loci" gänzlich anders ist, ergaben sich für diese Marker stark unterschiedliche Maßzahlen.

Treten die verschiedenen Allele mit unterschiedlichen Häufigkeiten auf, ist die Vielfalt anders zu beurteilen als bei gleichhäufigen Allelen. Im letzteren Fall bestehen mehr Kombinationsmöglichkeiten für diploide Organismen, es können mehr unterschiedliche "Genotypen" (Allelkombinationen) gebildet werden. Da die verschiedenen Markertypen unterschiedlich viele Allele detektieren, liefern sie für dasselbe Untersuchungsmaterial verschiedene Zahlenwerte.

Vielfalt kann aber auch auf der Ebene aller Allele eines Individuums (Genotyp) verglichen werden. Dabei gibt es umso größere Vielfalt, je mehr Marker für Gene vorhanden sind. In diesem Fall machen RAPDs durch ihre große Anzahl den Nachteil der geringeren Vielfalt an Allelen wett.

4.2 Häufigkeit von Allelen

Wie erwähnt, werden in der Populationsgenetik viele Variationsparameter aus den gefundenen Allelhäufigkeiten errechnet. Zwei Bestände oder Samenchargen können die gleiche Anzahl an Allelen aufweisen, die einzelnen Allele können aber in den beiden Einheiten mit unterschiedlichen Häufigkeiten auftreten. Die beiden Einheiten wären dann als differenziert zu bewerten. Auf dieser Grundlage kann man genetische Abstände zwischen Populationen errechnen. Beispielsweise läßt sich überprüfen, ob die Allelhäufigkeiten im Bestand und im vorhandenen Jungwuchs

übereinstimmen. Wenn nur wenige Bäume Samen produziert haben, oder starke natürliche oder künstliche Selektion vorliegt, werden sich die Allelhäufigkeiten zwischen den Generationen ändern. Allelhäufigkeiten kann man aber nur mit kodominanten Markern wie den Isoenzymen errechnen. RAPDs sind dazu ungeeignet.

4.3 Heterozygotie

Nicht nur ganzen Populationen wird bei größerer genetischer Vielfalt eine bessere Anpassungsfähigkeit zugeschrieben. Auch bei einzelnen Bäumen, die einen hohen Anteil an heterozygoten Genen besitzen, läßt sich Überlebensvorteil zeigen. Im Zusammenhang mit dem Waldsterben sind dazu Untersuchungen gemacht worden. Waldschadenstolerante Bäume wiesen meist mehr heterozygote Gene auf als sensitive. Dieser verallgemeinerte Befund wurde für Isoenzyme gefunden und gilt nicht für alle einzelnen Isoenzymgene in gleicher Weise (HATTEMER ET AL. 1993). Wieder muß mit kodominanten Markern gearbeitet werden, um Aussagen über die Heterozygotie machen zu können.

4.4 Genomkarten

Wie sind die verschiedenen Gene und Markerallele eigentlich auf den Chromosomen angeordnet? Müssen nicht alle Gene und Marker, die auf demselben Chromosom liegen, miteinander vererbt werden? Das stimmt nur zum Teil. Die einzelnen Gene und Marker liegen zwar aneinandergereiht auf den einzelnen Chromosomen; um die Neukombination von Allelen zu steigern, können jedoch Chromosomenpaare im Zellkern Segmente austauschen. Das geschieht an zufälligen Stellen. Die neukombinierten Chromosomen werden an die nächste Generation weitergegeben. Man kann aus der Häufigkeit des gemeinsamen Auftretens zweier Markerallele in den Nachkommen eines Baumes schließen, ob sie demselben Chromosom zuzurechnen sind und wie häufig sie durch Neukombination getrennt bzw. zusammengeführt werden. Führt man diese Analyse für viele Marker durch, kann man daraus für jedes Chromosom Abbildungen mit der Abfolge und dem Abstand der Marker erstellen. Das sind die sogenannten Genomkarten.

Bei Koniferen zieht man zur Analyse wieder die haploiden Endosperme heran. Die Aufstellung vollständiger Karten gelingt nur, wenn genügend Marker vorhanden sind. RAPD-Marker haben den Vorteil, daß sie durch ihre große Anzahl erst den Zusammen-

schluß anderer Marker zu Kopplungsgruppen (also den Abbildern der Chromosomen) ermöglichen. Bei Bäumen sind die wenigen bisher veröffentlichten Genomkarten deshalb hauptsächlich mit RAPDs erstellt worden (TULSIERAM ET AL. 1992). Abbildung 11 zeigt eine hypothetische Genomkarte mit der Abfolge und dem Abstand genetischer Marker, im Beispiel von RAPD-Markern, die mit verschiedenen primern erhalten wurden.

Auf den Genomkarten können nach geeigneten Analysen auch die anderen Marker (Isoenzyme, RFLPs, STSs, Mikrosatelliten), die für die Art vorliegen, eingetragen werden. Ihr praktischer Nutzen liegt in der Zuordnung von vererbten Merkmalen zu diesen Markern. Mit Nachkommenschaftsprüfungen können auch forstwirtschaftlich relevante Merkmale auf den Genomkarten lokalisiert werden. Würde man Marker kennen, die eng mit z.B. dem Triebabschluß bei der Fichte oder bestimmten Holzqualitäten korreliert sind, könnte man schon Keimlinge mittels Analyse der entsprechenden Marker auslesen. Mit entsprechend aufwendigen Nachkommenschaftsprüfungen lassen sich Gene mit großem Einfluß auf Wachstumseigenschaften oder Qualitätsmerkmale gewissen Markern zuordnen. Man nimmt an, daß Wachstumseigenschaften und Qualität komplex vererbt werden: Viele einzelne Gene sind daran beteiligt. Mit Kreuzungsversuchen über mehrere Generationen können von den Genen jene mit dem größten Einfluß auf die Merkmale bestimmten Regionen der Genomkarte zugeordnet werden. So konnten BRADSHAW ET AL. (im

Druck) und BRADSHAW & STETTLER (eingereicht) bei Pappeln eine Genomkarte aufstellen, mit deren Hilfe auch viele Faktoren, die komplexe Merkmale beeinflussen (Höhen- und Dickenwachstum, Knospen-sprung, ...), lokalisiert werden konnten.

Ein weiterer wichtiger Grund, Genomkarten zu erstellen, ist die erleichterte Auswahl von Markern für populationsgenetische Fragestellungen. Um einen repräsentativen Querschnitt des Erbmaterials untersuchen zu können, ist es sinnvoll, über die gesamte Karte gleichmäßig verteilte Marker zu verwenden.

4.5 Angepaßtheit

Baumpopulationen weisen eine Vielzahl von adaptiven genetischen Merkmalen auf. Dies kann zur Definition von Herkunft und Standortrassen verwendet werden. Andererseits bestehen bei vielen Baumarten auch innerhalb von Populationen bereits größere Unterschiede von Individuum zu Individuum. Wie ist dieses Variationsmuster in der Variation genetischer Marker reflektiert?

Verschiedene Typen von Markern geben darauf unterschiedliche Antworten. Bei *Pinus sylvestris* L. lassen sich großräumig Herkunft anhand der Monoterpenmuster unterscheiden (WRIGHT 1976, loc. cit. S. 278). Bei Betrachtung der Isoenzympmuster weitverbreiteter Waldbaumarten zeigen sich jedoch oft nur geringe Differenzierungen zwischen den Beständen, während ein Großteil der gesamten meßbaren Variation schon innerhalb der Population zu finden ist (über DNA-

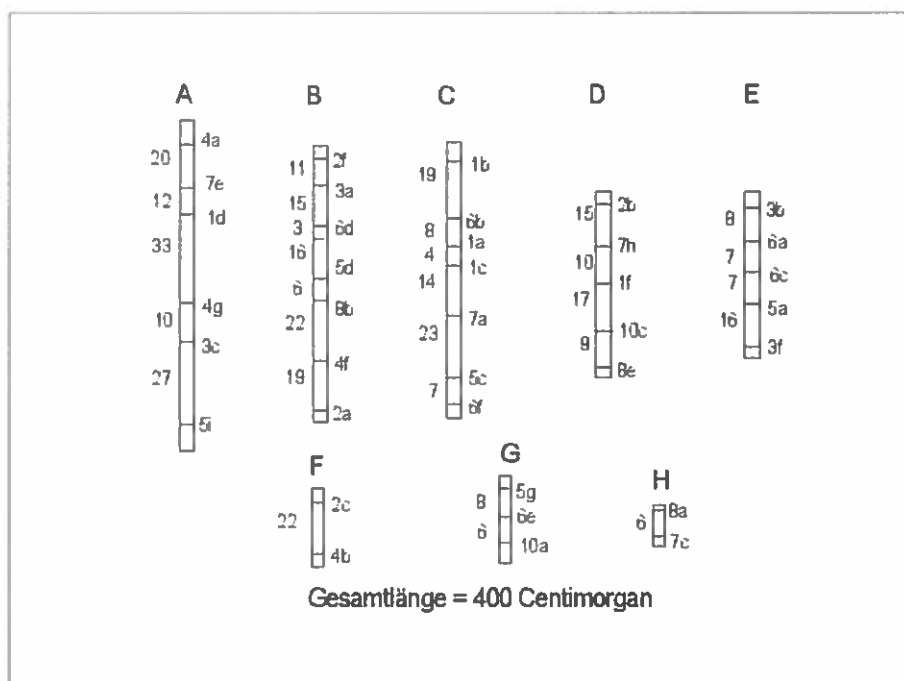


Abb. 11:
Hypothetische Genomkarte aus 37 Genmarkern in 8 Kopplungsgruppen, wie sie z.B. durch RAPD-Analyse von Koniferensamen erhalten wird. Links neben den Kopplungsgruppen stehen die Markerbezeichnungen (die Zahl für den primer, der Buchstabe für das Fragment bzw. die Bande). Rechts neben den Kopplungsgruppen ist der genetische Abstand zwischen den Markern in der Einheit "Centimorgan" angegeben. Mit solchen Karten kann man Faktoren für genetische Merkmale bestimmten Markern zuordnen.

Marker liegen hier wieder erst zu wenige Daten vor, um verallgemeinern zu können). Dies scheint im Widerspruch zu der klaren Definition von Herkunft zu stehen. Wie lassen sich diese Tatsachen erklären?

Das Genom (die Gesamtheit der Erbanlagen) von Waldbäumen besteht aus einer großen Zahl von Genen - Schätzungen bewegen sich zwischen 2000 und 50000. Für viele der geographisch variablen Merkmale (z.B. Monoterpen, Frosthärte) zeichnet nur ein kleiner Anteil dieser Gene verantwortlich. Nach derzeitigem Kenntnisstand nimmt man an, daß für die Angepaßtheit nur manche Regionen im Genom verantwortlich sind.

Für Isoenzyme, die wieder nur von einem kleinen Teil der Zigtausend Gene kontrolliert werden, ist nur in wenigen Fällen Adaption nachgewiesen worden (GILLET 1993). Wahrscheinlich sind die verwendeten Isoenzyme also nicht eng mit adaptiven Genen gekoppelt. Zur Analyse werden eigens Isoenzyme aus dem Grundstoffwechsel ausgewählt, der in vielen Organismenreihen gleich verläuft. Es liegt der Schluß nahe, daß die beobachtbare genetische Anpassung an Standortbedingungen an anderen Stellen im Genom erfolgte. Die heute gebräuchlichen Isoenzyme sind also zur Untersuchung von Angepaßtheit möglicherweise nur bedingt tauglich (FORREST 1994). Diese Gene zeigen folglich andere Variationsmuster, da weniger Selektion für oder gegen bestimmte Allele als Antwort auf spezifische Umweltbedingungen auftritt. Man kann also für Gene, die verschieden starker Selektion unterliegen, verschiedene Variationsmuster in derselben Baumart postulieren. Die Angepaßtheit würde folglich mit Isoenzymen unterschätzt, mit spezifischen DNA-Markern, die nahe an den adaptiven Regionen liegen, oder herkunftsspezifischen Monoterpene vielleicht sogar überschätzt werden. Auch die Anpassungsfähigkeit ist somit differenziert im Hinblick auf die betrachteten Gene bzw. Marker zu bewerten. Sie ist vor allem dann hoch, wenn an den für die Anpassung maßgeblichen Stellen im Genom Variation auftritt. Diese Stellen ausfindig zu machen, ist eine Hauptaufgabe der Forstgenetik in den nächsten Jahren und Jahrzehnten.

Klarheit darüber könnten die erwähnten Genkarten bringen. Die Analyse von vielen Markern, über deren Kopplung man Bescheid weiß, könnte aufzeigen, welche Regionen im Genom starke Adaption zeigen und welche nicht. In weiterer Folge wäre somit eine Herkunftswahl aufgrund genetischer Variation an bestimmten Genen bzw. Markern denkbar. Auch die Zweckdienlichkeit "mitgeschleppter" genetischer Last für die Anpassungsfähigkeit wäre somit bewertbar.

Dieser Wissensstand wird aber erst mittelfristig verfügbar sein. Bis dahin gilt es, zumindest den status quo der genetischen Variation unserer Waldbäume zu erhalten und möglichst die ganze genetische Vielfalt in die nächste Baumgeneration hinüberzueretten, um ihnen auch für die Zukunft eine Chance zu lassen.

5. Literatur

- ALLONA I., CASADO R. & ARAGONCILLO C. 1994: Biochemical genetics of a 7S globulin-like protein from *Pinus pinaster* seed. *Theor. Appl. Genet.*, 88:454-459.
- BIRKS J.S. & KANOWSKI P.J. 1988: Interpretation of the composition of coniferous resin. *Silvae Genet.*, 37:29-39.
- BORDACS S. & KORANYI P. 1993: Electrophoretic differentiation possibilities within the genus *Quercus* by means of protein monomers. *Silvae Genet.*, 42:285-288.
- BRADSHAW H.D.Jr., VILLAR M., WATSON B.D., OTTO K.G., STEWART S. & STETTTLER R.F. 1994: Molecular genetics of growth and development in *Populus*. 3. A genetic linkage map of a hybrid poplar composed of RFLP, STS, and RAPD markers. *Theor. Appl. Genet.* (in Druck).
- BRADSHAW H.D.Jr. & STETTTLER R.F. 1994: Molecular genetics of growth and development in *Populus*. IV. Mapping QTLs with large effects on growth, form, and phenology traits in a forest tree. *Genetics* (eingereicht).
- CAETANO-ANOLLES G., BASSAM B.J. & GRESSHOFF P.M. 1991: DNA amplification fingerprinting using very short arbitrary oligonucleotide primers. *Biotechnology*, 9:553-557.
- CARDINEAU G.A. & FILNER P. 1992: Compositions and methods for analyzing genomic variation. WO patent 92/07948, 14/5/92.
- FORREST G.I. 1994: Biochemical markers in tree improvement programmes. *For. abstr.*, 55:123-153.
- GERBER S., RODOLPHE F., BAHRMAN N. & BARADAT PH. 1993: Seed-protein variation in maritime pine (*Pinus pinaster* Ait.) revealed by two-dimensional electrophoresis: genetic determinism and construction of a linkage map. *Theor. Appl. Genet.* 85:521-528.
- GILLET E. 1993: Genmarker als Entscheidungshilfen für die Genkonservierung I. Zweckdienliche Auswahl von Markertypen. *Allg. Forst- Jagdztg.*, 164:30-35.
- HARRY D.E. 1983: Identification of a locus modifying the electrophoretic mobility of malate dehydrogenase isozymes in incense-cedar (*Calocedrus decurrens*), and its implications for population studies. *Biochem. Genet.*, 21:417-434.
- HATTEMER H.H. 1991: Genetic analysis and population genetics. In: FINESCHI S., MALVOLTI M.E., CANNATA F. & HATTEMER H.H. (eds.): *Biochemical markers in the population genetics of forest trees*, pp. 5-22. The Hague, SPB Academic Publishing bv, 251 p.
- HATTEMER H.H., STEINER W. & KOWNATZKI D. 1990: Genetic markers in birch. *Silvae Genet.*, 39:45-50.

- HATTEMER H.H., BERGMANN F. & ZIEHE, M. 1993: *Einführung in die Genetik für Studierende der Forstwissenschaft*. Frankfurt am Main, Sauerländer's Verlag, Deutschland, 2. Auflage, 492 S.
- HEIMLER D., MITTEMERGER L., BUZZINI P. & CAPUANA M. 1991: *Intra- and interspecific variation of leaf flavanoids of elm (Ulmus spp.)*. In: FINESCHI S., MALVOLI M.E., CANNATA F. & HATTEMER H.H. (eds.): *Biochemical markers in the population genetics of forest trees*. pp. 121-125. The Hague, SPB Academic Publishing bv, 251 p.
- HEINZE B. 1993: *Genetic stability in Norway spruce plants and embryos derived from somatic embryogenesis as analysed by randomly amplified DNA*. Wien, Univ. Bodenkultur, Diss., 106 S.
- HEMLEBEN V. 1990: *Molekularbiologie der Pflanzen*. Stuttgart, Gustav Fischer Verlag, Deutschland, 312 S.
- JEFFREYS A.J., WILSON V. & THEIN S.L. 1985: *Individual-specific 'fingerprints' of human DNA*. Nature, 316:76-79.
- KARPINSKI S., WINGSLE G., OLSSON O. & HALLGREN J.-E. 1992: *Characterization of cDNAs encoding CuZn-superoxide dismutases in Scots pine*. Plant Mol. Biol., 18:545-555.
- KREIKE J. 1993: *Anwendung der Polymerase Kettenreaktion (PCR) in der Medizin*. Labor direct, 4:4-23.
- LANGNER W. 1953: *Eine Mendelspaltung bei Aurea-Formen von Picea abies (L.) Karst. als Mittel zur Klärung der Befruchtungsverhältnisse im Walde*. Z. Forstgenet. Forstpflanzenzüchtg., 2:49-51.
- LIU Z. & FURNIER G.R. 1993: *Comparison of allozyme, RFLP, and RAPD markers for revealing genetic variation within and between trembling aspen and bigtooth aspen*. Theor. Appl. Genet., 87:97-105.
- MORGANTE M. & OLIVIERI A.M. 1993: *PCR-amplified microsatellites as markers in plant genetics*. The Plant Jour., 3:175-182.
- MÜLLER-STARCK G., BARADAT PH. & BERGMANN F. 1992: *Genetic variation in European tree species*. New Forests, 6:23-47.
- MULLIS K.B. 1990: *Eine Nachtfahrt und die Polymerase-Kettenreaktion*. Spektrum der Wissenschaft (Juni):60-67.
- PEÑA S.D.J., SANTOS P.C., CAMPOS M.C.B.N. & MACEDO A.M. 1993: *Paternity testing with the F10 multilocus fingerprinting probe*. In: PEÑA S.D.J., CHAKRABORTY R., EPPLER J.T. & JEFFREYS A.J. (eds.): *DNA fingerprinting: state of the science*. pp. 237-247, Basel, Birkhäuser Verlag, Schweiz, 466 p.
- PEÑA S.D.J. & CHAKRABORTY R. 1994: *Paternity testing in the DNA era*. Trends in Genetics 10:204-209.
- SAARNIJOKI S. 1954: *Über ein Gruppenvorkommen von Trauerfichten, Picea abies (L.) Karst. F. pendula Jacq. & Hérincq*. Communicationes Instituti Forestalis Fenniae 42(3):123-153.
- THOMPSON M.M. 1979: *Genetics of incompatibility in Corylus avellana L.* Theor. Appl. Genet., 54:113-116.
- THOMPSON M.M. 1985: *Linkage of the incompatibility locus and red pigmentation genes in hazelnut*. J. Hered., 76:119-122.
- TULSIERAM L.K., GLAUBITZ J.C., KISS G. & CARLSON J.E. 1992: *Single tree genetic linkage mapping in conifers using haploid DNA from megagametophytes*. Biotechnology, 10:686-690.
- WELSH J. & MCCLELLAND M. 1990: *Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers*. Nucl. Acid Res., 18:7213-7218.
- WILLIAMS J.G.K., KUBELIK A.R., LIVAK K.J., RAFALSKI J.A. & TINGEY S.V. 1990: *DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers*. Nucl. Acid Res., 18:6531-6535.
- WRIGHT J.W. 1976: *Introduction to forest genetics*. New York, Academic Press. 463 S.

Verfasser: Dr. Berthold Heinze
Forstliche Bundesversuchsanstalt
Institut für Forstgenetik
Hauptstraße 7
A-1140 Wien

Müssen wir waldbauliche Konzepte ändern?

F. MÜLLER

Institut für Waldbau, Forstliche Bundesversuchsanstalt Wien

Kurzfassung

Aktive forstliche Maßnahmen, wie Neuaufforstungen können quantitativ wenig zur Verringerung des Treibhauseffektes beitragen.

Der Waldbau muß daher mit einer Erhöhung der Anpassungsfähigkeit bestehender Waldökosysteme auf Klimaänderungen reagieren.

Es werden waldbauliche Maßnahmen diskutiert, die eine größtmögliche Anpassungsfähigkeit der Waldökosysteme bewirken sollen: Forcierung der Naturverjüngung, Wiederherstellung des natürlichen Artenreichtums, Förderung von Pionierbaumarten, verstärkte Nutzung von vegetativer Verjüngung in Trockengebieten, Schaffung von "Gründerpopulationen", Einrichtung eines Netzes von Naturwaldreservaten und Förderung eines größtmöglichen Struktureichtums.

Schlüsselworte: Ökosystem-Management, Treibhauseffekt, Waldbausysteme, Anpassungsfähigkeit von Waldökosystemen.

Abstract

Should we change silvicultural concepts?

Active silvicultural measures such as reforestation contribute quantitatively little to diminish the greenhouse effect.

Therefore, Silviculture must react to that with an increasing of the adaptability of existing forest ecosystems to climate change. The following silvicultural measures, resulting in the highest possible adaptability of forest ecosystems, are discussed: acceleration of natural regeneration, restoration of the natural variety of species, promotion of pioneering tree species, intensified utilization of vegetative regeneration in dry areas, establishing of founder population, organization of a net of forest reserve and promoting of the highest possible structural diversity.

Key words: ecosystem management, greenhouse effect, silvicultural systems, adaptability of forest ecosystems.

Zur Bewältigung der drohenden Klimaänderung ist der Waldbauer mit folgenden Fragestellungen konfrontiert:

1. Können waldbauliche Maßnahmen einen Beitrag zur Verminderung der die Klimaänderung auslösenden Phänomene leisten?
2. In welcher Weise kann der Waldbauer bei rasch sich ändernden Klimabedingungen die nachhaltige Erfüllung der Waldfunktionen sichern?

Während im ersten Fall versucht wird, aktiv zur Verhinderung oder zumindest zur Verringerung der auslösenden Effekte einzugreifen, wird im zweiten Fall durch vorbeugende und unterstützende Maßnahmen auf die Änderung der Umweltverhältnisse reagiert.

1. Beiträge zur Verringerung des Treibhauseffektes

Die im forstlichen Rahmen möglichen Maßnahmen zur Verringerung des Treibhauseffektes werden von FISCHLIN & BUGMANN (1994) für Schweizer Verhältnisse wie folgt zusammengefaßt:

- Aufforstung brach liegender Flächen
- Erhöhung des Holzvorrates in schon vorhandenen Waldflächen
- Maximierung des Holzertrags zwecks Kohlenstoffbindung in langlebigen Holzprodukten
- Nachhaltig nutzbares Holz wird als Energieholz verwendet, um fossile Brennstoffe zu substituieren.

Die quantitative Abschätzung der Wirksamkeit der einzelnen Maßnahmen für die Schweiz ergab, daß die Aufforstung brach liegender Flächen vergleichsweise den größten Beitrag zur Reduktion der Bruttoemission an CO₂ leisten würde. Nach 60 Jahren würden auf den aufgeforsteten Brachflächen der Schweiz 17,5 Mt Kohlenstoff gespeichert werden können. Forstwirtschaftliche Maßnahmen in bestehenden Wäldern verändern den C-Gehalt nur um vergleichsweise geringe Beträge. Aber auch die Aufforstung ist nur eine vorübergehende C-Senke und klingt nach Erreichen der maximalen Speicherkapazität ab.

Die Autoren kommen zu dem Schluß, daß selbst bei optimaler Einschätzung aller forstlichen Maßnahmen die Zunahme der CO₂-Emissionen nur verzögert werden könnte, aber nicht eine wirksame Bekämpfung der Hauptursachen der globalen Klimaänderung erreicht werden würde. Diese kann nur durch substantielle und dauerhafte Reduktion der Verwendung fossiler Brennstoffe erzielt werden.

Der Nationale Waldbericht der Bundesrepublik Deutschland (BUNDESMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG, LANDWIRTSCHAFT UND FORSTEN 1994) bewertet die forstlichen Maßnahmen zur Erhöhung der C-Einbindung als Folge der Aufforstung brach liegender landwirtschaftlicher Flächen: Bis zum Jahr 2005 könnten schätzungsweise 150 000 ha Wald neu geschaffen werden. Diese Wälder dürften dann jährlich 2 Mio. t CO₂ zusätzlich einbinden, was - bezogen auf die nationalen CO₂-Emissionen des Jahres 1990 in Höhe von rund 1 Mrd. t CO₂ - einem Minderungsbeitrag von 0,2 % entspricht. Die zusätzliche Kohlenstoffeinbindung ist selbstverständlich zeitlich auf die Phase des Vorratsaufbaues der neuen Waldbestände begrenzt, kann also nicht als Bestandteil einer "Langfriststrategie" dienen.

Der deutsche Bericht kommt zu dem Schluß, daß die Bedeutung derartiger forstlicher Maßnahmen hinsichtlich ihrer kohlenstoffbindenden Wirkung hinter der notwendigen Verringerung anthropogener Emissionen, vor allem durch verringerten Verbrauch bzw. Substitution fossiler Energieträger, deutlich zurücktritt.

Auch KRAPPENBAUER (1992) stellt fest, daß eine dauernde nachhaltige Pufferung der CO₂-Emissionen aus der Verbrennung fossiler Brennstoffe über die Holzbiomasse aussichtslos ist, ebenso wie etwa eine Deckung des steigenden Energiebedarfs über Biomassen.

Das Institut für Weltforstwirtschaft der Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft (KRIEBITZSCH ET AL. 1993) nimmt unter optimalen Voraussetzungen eine jährliche Aufforstungsfläche von 18 bis 20 Mill. ha an, was der jährlichen Vernichtung an Tropenwaldfläche entsprechen würde. Bei einer - ebenfalls optimistischen - jährlichen Zuwachsleistung von 9 m³/ha könnte damit ca. 1,4 % des derzeit jährlich in der Atmosphäre anreichernden Kohlenstoffs gepuffert werden. Um für einige Jahrzehnte die jährliche C-Freisetzung vollständig binden zu können, würde man die Hälfte der heute landwirtschaftlich genutzten Fläche brauchen. Es ist zu befürchten, daß solche Kalkulationen den Bedürfnissen der Menschen in den Entwicklungsländern nur wenig gerecht werden.

Diese Überlegungen machen deutlich, daß mit Neuaufforstungen die vordringlichen Maßnahmen zur Begrenzung der Emissionen von Treibhausgasen nicht ersetzt werden können. Trotzdem soll die Aufforstung als integrierter Bestandteil der Klimaerhaltungsstrategie nicht vernachlässigt werden. Die Entwicklungsländer fordern zurecht von den Industriestaaten, daß sie angesichts der ausgedehnten Rodungen früherer Jahrhunderte Aufforstungen intensivie-

ren, bevor sie die in den Entwicklungsländern oftmals zur Sicherung der Ernährung benötigten Rodungen beklagen (GRÖBL 1994). Realistischerweise hat sich die Forstwirtschaft notgedrungen mit den Konsequenzen der Klimaänderung auseinanderzusetzen, zudem mit steigenden Bevölkerungszahlen auf der Erde die Verwendung fossiler Brennstoffe vermutlich noch zunehmen wird.

2. Nachhaltige Sicherung der Waldfunktionen bei Änderung der Umweltbedingungen

Die Aufgabe des künftigen Waldbaues beschränkt sich nicht mehr auf die Sicherung der nachhaltigen Holzproduktion, sondern schließt die Nachhaltigkeit des Ökosystems ein, wie sie in der Helsinki-Konferenz gefordert wird und im "ecosystem management" des amerikanischen Staatswaldes (GLÜCK 1994) zum Ausdruck kommt.

Forstliches Management soll zur Erhaltung oder Verbesserung jener Eigenschaften beitragen, die das Waldökosystem befähigen, bei Veränderungen der Umwelt vor Zerstörung bewahrt zu werden.

Durch Umweltveränderungen besonders gefährdet sind die labilen Ökosysteme, die durch klimatische oder geländebedingte Ungunst lange Entwicklungszeiträume beanspruchen und kaum in der Lage sind, ohne empfindliche Störungen auf kurzfristige Veränderungen zu reagieren.

2.1 Reaktion von Waldökosystemen auf Störungen

Mit gewissen Vorbehalten sind Rückschlüsse auf das Verhalten von Waldgesellschaften bei Änderung der Umweltbedingungen durch Beobachtung ihrer Reaktionen auf Störungen möglich:

Störungen mit geringer räumlicher Ausdehnung bleiben lokal beschränkt und erhalten die Waldgesellschaft insgesamt stabil (patch dynamics).

Störungen mit großer räumlicher Ausdehnung, die gesamte Waldgesellschaft betreffend, sind nach ihrer Intensität zu beurteilen:

- Störungen geringer Intensität innerhalb des ökophysiologischen Anpassungspotentials der Waldgesellschaften können abgepuffert (Resistenz) oder bei elastischer Wiederherstellung des Gleichgewichts ihren ursprünglichen Zustand wieder annehmen (Resilienz).

- Störungen mit hoher Intensität, die das Anpassungspotential überfordern, leiten Regenerations-Sukzessionen ein; es werden Sukzessionsstadien mit jeweils geänderter Artenzusammensetzung durchlaufen, wobei der Zustand vor der Störung erreicht werden kann (reversibel) oder nicht (irreversibel), bzw. kann sich bei geänderten Umweltbedingungen ein neues Gleichgewicht ergeben (evolutionäre Anpassung).

Zur Abschätzung der Anpassungspotentiale können einige, mit waldbaulichen Mitteln steuerbare, Merkmale angeführt werden.

Hohe Artenvielfalt gilt als Kennzeichen weiter ökophysiologischer Amplitude und damit Puffervermögen, da diese Vielfalt die Reaktionsfähigkeit auf Umweltreize durch wechselseitige Ergänzung und Unterstützung verbessert.

Diese plausible und vielfach bestätigte Hypothese darf jedoch nicht zum Schluß führen, daß hohe Artenzahl in jedem Fall ökologische Nachhaltigkeit sichert. KARRER (1993) kritisiert die Gleichsetzung hoher Diversität mit hoher (ökologischer) Stabilität im praxisnahen Bereich der angewandten Vegetationskunde, wie Biotopkartierung, Naturschutz und Raumplanung. Viele natürliche Reinbestände sind gegenüber Störungen stabil und auch resilient. "Mischung" an sich ist noch keine Garantie vor Schäden geschützt zu sein.

Dennoch scheint unbestritten zu sein, daß vor allem die Resilienz, also das dynamische Auspendeln von Störungen, bei mittleren Artendiversitäten am besten gesichert ist.

Je enger die ökologische Amplitude und die genetische Mannigfaltigkeit einer Baumart oder der zu einer Waldgesellschaft vereinigten Populationen, desto geringer ist die Toleranz gegenüber Umweltveränderungen. Pionierbaumarten mit weiter ökologischer Amplitude sind in der Regel durch größere Anpassungsfähigkeit gekennzeichnet als Klimaxbaumarten (THOMASUS 1991).

Baumarten, die sich derzeit schon im ökologischen Grenzbereich befinden, sind stärker gefährdet als jene, die im Optimalbereich vorkommen. Am störungsanfälligsten sind Reinbestände nicht autochthoner Baumarten.

Hinweise für die Abschätzung des Potentials zur Änderung der Artenzusammensetzung, also der Sukzessionsgeschwindigkeit, sind u.a. die unterschiedliche Besiedlungsstrategie (Verjüngungs-, Ausbreitungs-, Konkurrenzverhalten) der vorhandenen und potentiell hinzutretenden Artengarnitur und auch die Geschwindigkeit des Stoffumsatzes. So verlaufen bei-

spielsweise Sukzessionen trügwüchsiger Hochlagenwaldgesellschaften langsamer als Auwaldsukzessionsstadien.

Langlebige Arten sind aufgrund der geringeren Generationsfolge an Umweltbedingungen schlechter adaptiert als kurzlebige Organismen.

Bezüglich dieser Fragestellungen gibt es noch einen erheblichen Forschungsbedarf:

Unsicher ist die Entwicklung der Reproduktionsfähigkeit der Waldbestände. Es ist erforderlich, mittels Untersuchungen in ausgewählten Waldgesellschaften die Qualität und Quantität der Samenproduktion und der Naturverjüngung unter standardisierten Bedingungen über eine längere Beobachtungsperiode zu dokumentieren, um die langfristige Entwicklung des Reproduktionspotentials zu erfassen.

Ebenso besteht Forschungsbedarf hinsichtlich der ökophysiologischen und genetischen Parameter für die Anpassungsfähigkeit und des Verhaltens von Baumpopulationen und deren Vergesellschaftungen bei Störungen.

In der Ökosystemforschung werden Störungen als Voraussetzung für eine langfristige nachhaltige Stabilität beschrieben (disturbance FOR stability, vgl. van der MAAREL 1993; OTTO 1994b). Analog sind die zahlreichen lokalklimatischen und edaphischen Bedingungen, die im Alpenraum die Reifung von Waldgesellschaften bis zu den oft artenarmen Schlußwaldgesellschaften verhindern, die Voraussetzung für die Erhaltung einer hohen Vielfalt von Arten und genetischen Strukturen.

Die alpine Landschaft enthält somit Pflanzengesellschaften, die offenbar an Störungen bzw. Änderungen angepaßt sind. Damit besteht ein entscheidender Unterschied zum Tropenwald, dessen Vegetation aus vielen "Spezialisten" besteht, oft abhängig von bestimmten Bestäubungspartnern, als Ergebnis langer nicht gestörter Evolution unter gleichbleibenden Bedingungen. Die Baumarten alpiner Waldgesellschaften "erlebten" in ihrer Evolution häufig Störungen; sie verhalten sich als "Generalisten" anpassungsfähiger an Umweltänderungen.

Störungen sind nicht nur Teil der natürlichen Entwicklung, sondern deren Voraussetzung!

In diesem Sinne können die aus biotischen und abiotischen Ursachen entstandenen Schadensereignisse, die eine hohe Labilität der derzeitigen Wälder Österreichs belegen (DONAUBAUER 1994) als Anpassungspotential und Chance für verstärkte waldbauliche Dynamik verstanden werden. Die Sturmschadensereignisse und Borkenkäferkalamitäten in den sekundären Fichtenwäldern kolliner und submontaner

Bereiche sind als Chance für eine Begründung besser angepaßter Laubmischwälder zu nutzen.

2.2 Maßnahmen zur Beschleunigung waldbaulicher Dynamik

Grundsätzlich sind zwei verschiedene Ansätze möglich:

1. Im Vertrauen auf die Richtigkeit der Prognosen die künftige Entwicklung vorwegnehmen und beispielsweise schon jetzt jene Baumarten bevorzugen, die bei der erwarteten Erwärmung besser angepaßt sind (z.B. Eiche in montanen Höhenlagen, Buche im tiefsubalpinen Grenzbereich).
2. Im Vertrauen auf die natürlichen Erneuerungskräfte alle waldbaulichen Maßnahmen zur Unterstützung, zumindest nicht Behinderung, von Entwicklungsabläufen ausrichten.

Der erstgenannte Ansatz hat den Nachteil, daß allzuleicht im Wissenschaftsglauben zwar gut gemeinte Entwicklungen eingeleitet werden, die aber bei Fehleinschätzung der Klimaänderung unangepaßt oder sogar zuwiderlaufend wirken können. Wie immer bei anthropogenen Eingriffen besteht die Gefahr, daß komplizierte und miteinander vernetzte Entwicklungen durch vereinfachende Vorgangsweisen aus dem Gleichgewicht gebracht, somit also gestört werden.

Somit scheint der Ansatz, sich auf natürlich vorgegebene oder angezeigte Entwicklungsabläufe einzustellen, der sicherere Weg zu sein. Erforderlichenfalls sind dynamische Prozesse zu beschleunigen.

Natürliche Störungen (Sturm, Feuer, etc.) können dynamische Prozesse einleiten oder beschleunigen. Inwieweit können anthropogen ausgelöste Störungen zur Verbesserung des Anpassungspotentials genutzt werden?

Im Waldbau hat die künstliche Störung zur Optimierung verschiedener Waldfunktionen (z.B. zur Vermeidung großflächiger Terminal- und Zerfallsphasen) durchaus Tradition. Die Schutzfunktion kann durch Destabilisierung und Rückentwicklung reifer Wachstumsphasen gefördert werden. Viele Pionier- und Übergangsphasen natürlicher Waldgesellschaften bieten nicht nur gleiche, sondern oft sogar bessere Schutzwirkungen als reife Endstufen. Besonders der alpine Raum zeigt zahlreiche Beispiele wie in Nachahmung standortsbedingter Ungunst auf initialen Zustandsformen verbleibende Waldgesellschaften (sogenannte Dauergesellschaften) künstlich durch waldbauliche Eingriffe erhalten werden und ihre Schutzfunktion optimal erfüllen (MAYER & OTT 1991).

Ist das natürliche Anpassungspotential überfordert, besteht durchaus die Möglichkeit anthropogen fördernd und unterstützend zugunsten einer dynamischen Entwicklung einzugreifen, ohne dabei die Kontrolle über notwendige Leistungen des Waldes zu verlieren.

Als Maßnahmen, die einen natürlichen Baumartenwechsel erleichtern, wären zu nennen:

Forcierung der Naturverjüngung, wo immer sie sich anbietet (vgl. KRAPPENBAUER 1993).

- Verringerung der Naturverjüngungshindernisse (Wildverbiß, Beweidung)
- Belassung von liegendem Totholz zur Förderung der Kadaververjüngung (besonders in zur Verunkrautung oder Vergrasung neigenden Waldgesellschaften)
- Einleitung initialer Bedingungen in reifen Schlußwaldentwicklungsphasen z.B. durch Bodenverwundung (besonders für Mineralbodenkeimer)
- Beseitigung von Entwicklungshemmungen (Vergrasung, Verunkrautung)
- Auch Kleinkahlschläge können gerechtfertigt sein, wenn sie gegenüber dem Vorbestand die Entwicklung besser angepaßter Baumartenzusammensetzungen einleiten
- Belassung der Pioniervegetation
- Ausnutzung der positiven Wirkungen eines Vorwaldes

Die Wiederherstellung des natürlichen Artenreichtums durch Vor- und Unterbau, vor allem dort, wo er durch menschlichen Einfluß beeinträchtigt ist, erleichtert die Wiederbesetzung oder die Neubesiedlung ökologischer Nischen.

In den von Natur aus baumartenarmen Waldgesellschaften (etwa subalpiner Fichtenwald, montaner Fichtenwald der inneralpinen Lagen, natürliche Kiefernwaldgesellschaften) kann neben der Förderung von Pionierbaumarten der Schutz oder die Förderung standortsangepaßter Sträucher zur Vielfalt beitragen.

Besonders problematisch stellt sich die künftige Entwicklung in Trockenperioden des sommerwarmen Ostens Österreichs, an der "unteren Waldgrenze", dar. Grundsätzlich sollten in Trockengebieten jene Bestandesformen angestrebt werden, die der ökologisch angepaßten natürlichen Überlebensstrategie, der Ausschlagverjüngung, entsprechen. Auf den zur Trockenheit neigenden Standorten hat die Ausschlagverjüngung gegenüber den aus generativer Vermehrung stammenden Pflanzen Vorteile durch

- Existenzsicherung der Ausschläge vom gleichen Stock durch "Wurzelverbund",

- Unabhängigkeit vom Wasserhaushalt der obersten Bodenhorizonte,
- rasches Jugendwachstum (KRISSEL & MÜLLER 1989).

Im relativ leicht erneuerbaren Ausschlagwald wird durch biologische Automation eine Dauerbestockung geschaffen, die noch am besten den möglichen Belastungen gerecht wird.

Welche waldbaulichen Maßnahmen können in Erwartung einer Erwärmung oder einer über mehrere Jahrzehnte dauernden Phase der klimatischen Instabilität gesetzt werden?

Wenn es auch aufgrund der mangelnden Voraussagegenauigkeit nicht möglich ist, jetzt schon den künftigen Bedingungen optimal angepaßte neue Generationen von Wäldern zu begründen (KRIEBITZSCH 1991), so bestehen durchaus Überlegungen, mangelnde Anpassungsgeschwindigkeit und der für rasche Klimaänderung unzulänglichen Migrationsrate der Baumarten "nachzuhelfen".

1. Anreicherung mit voraussichtlich "problemloseren" Baumarten:

Pionierbaumarten wie Birke, Aspe, Erle, Weiß- und Schwarzkiefer, Baumarten mit kontinentalem Verbreitungsschwerpunkt (Europ. Lärche) und wärmeliebende Baumarten (Eiche, Hainbuche, Winterlinde), darunter auch Exoten (Douglasie, Robinie, Roteiche, Juglans-Arten) werden weniger Probleme bereiten als der Anbau der maritim geprägten Rotbuchen oder der "Problembaumart" Fichte, letztere auf Standorten, deren Jahresmitteltemperatur schon heute über 7°C und die Niederschläge unter 800mm liegen (THOMAS 1991).

ROLOFF (1992) schließt aus der Beobachtung, daß nach Trockenjahren Hauptbaumarten wie Fichte und Buche wesentlich geringere Höhenzuwächse erreichen als die Mischbaumarten Esche, Ahorn, Kiefer, Eiche, somit also auf Trockenheit wesentlich sensibler reagieren, ebenfalls auf Verschiebung der Konkurrenzsituation bei einer Erwärmung zum Vorteil der Mischbaumarten.

Diese Baumarten, heute schon im verstärkten Ausmaß beigemischt, würden als "Reservebäume" durch ihre hohe Flexibilität dienen.

2. Schaffung von "Gründerpopulationen"

Die Begründung von Baumpopulationen in Gebieten, die bei einer erwarteten Klimaänderung die Einwanderung vorwegnehmen bzw. als Vorposten zu etablieren wären, könnte sich bei tatsächlichem Eintreffen der Prognose als nützliche Maßnahme erweisen. Es wird dabei angenommen, daß die eingebrachten Baumarten im Wettbewerb mit den Baumarten der

vorhandenen Vegetation zunehmend an Konkurrenz-kraft gewinnen und als "Gründerpopulation" Initialpunkt einer künftigen Ausbreitung dienen. Zur Vermeidung ungünstiger genetisch bedingter Einflüsse (eingeschränkte genetische Vielfalt, Inzuchtphänomene) müßten allerdings bei der Auswahl der Herkünfte für diese Gründerpopulationen hinsichtlich der populationsgenetischen Parameter (Mindestgröße der Population, Parameter für Angepaßtheit und Anpassungsfähigkeit) besondere Sorgfalt herrschen.

Gegen diese Vorgangsweise spricht aber, daß damit keine Waldgesellschaften begründet werden, sondern nur Baumarten, wobei wahrscheinlich sogar nur die marktfähigen Arten durch Pflanzung künstlich transferiert werden. Es ist aber nicht anzunehmen, daß auch die nicht marktfähigen Baumarten und Sträucher transferiert werden, abgesehen von der Bodenvegetation, Mikroflora (Mykorrhiza) und Fauna (KIMMINS 1992).

Besser abgesichert scheint die Vorgangsweise zu sein, jenen Waldgesellschaften, die sich am Rande ihres Verbreitungsgebietes (reliktsche Randpopulationen) erhalten haben, besonderes Augenmerk zu schenken. Populationen, die sich an wärmebegünstigten Örtlichkeiten inmitten kälterer Umgebung bis heute erhalten haben (z.B. inneralpine Eichenwälder), könnten als Arten- und Genpotential bei Erwärmung besonders wertvoll sein.

Diese Vorgangsweise hätte zu dem noch den nicht zu unterschätzenden Vorteil, daß dieses Arten- und Genpotential auch die Mikroflora und Fauna einschließen würde.

3. Einrichtung von Naturwaldreservaten

Klimaänderung ist nach KRÄUCHI (1993) ein neuer zwingender Grund, Naturlandschaften soviel wie möglich zu konservieren, um ein möglichst weites Feld von Habitat-Bedingungen für die Arten zu erhalten. Naturwaldreservate sind die einzigen Gebiete, in denen die Änderung der Konkurrenzverhältnisse als Reaktion der Waldökosysteme auf grundlegende Änderungen weitgehend unbeeinflusst von sonstigen oder direkten anthropogenen Einflüssen beobachtet werden können.

Hier sind vor allem Gebiete von Interesse, die mehrere auch höhenzonal differenzierte natürliche Waldgesellschaften umfassen, da an den Grenzen dieser durch Lokalklima oder Höhenstufe entstandenen Abfolge von Waldgesellschaften, eine Verschiebung der Konkurrenzverhältnisse am besten studiert werden kann.

Ein Netz von Naturwaldreservaten, breit gestreut über alle Waldgesellschaften, Wuchsgebiete und Hö-

henstufen würde auch dazu beitragen, künstliche Barrieren entlang der Wanderwege der Baumarten zu überwinden. Großflächige landwirtschaftlich genutzte Flächen und Siedlungsgebiete ("Biotopfragmentierung") erschweren die Migrationsbedingungen und behindern den Genaustausch. Der "Trittsteineffekt" eines dichten Netzes von Naturwaldreservaten erleichtert die Wanderung (KIMMINS 1992).

Zu diesem Zweck müssen die Naturwaldreservate nicht besonders groß sein, viele kleine Reservate sind zur Erleichterung der Wanderung günstiger als wenige große zu bewerten.

Von besonderem Interesse sind Reservate mit großen Höhenunterschieden, die den Arten bei Verschiebung der Höhengrenze ihres Verbreitungsgebietes bessere Überlebenschancen bieten.

Entsprechend der erwarteten Verschiebung der Klimazone nach Norden und in größere Seehöhen sind Reservate so nahe wie möglich an die nördliche bzw. obere Verbreitungsgrenze einer Waldgesellschaft einzurichten (PETERS 1992).

Eine Bewirtschaftung der Umgebung der Naturwaldreservate als "Gen-Erhaltungswälder" (MÜLLER 1993) erleichtert bei Klimaänderung die Verlegung oder Erweiterung von Reservatsgrenzen.

Ein dichtes Netz von Altholzinseln im Bereich der zu überwindenden Wegstrecken verbessert die Migrationsbedingungen ebenfalls.

4. Vielfalt der Strukturen (Alter, Bestandesentwicklungsphasen, kleinflächig gruppenweise wechselnde Baumartenverteilung) ergeben eine ebenso mosaikartige Vielfalt heterogener Entwicklungsbedingungen.

Reichliche Strukturierung fördert das Nebeneinanderauftreten zeitlich unterschiedlich gereifter Sukzessionsphasen. Im Hinblick auf geforderte Waldfunktionen (z.B. Schutzfunktion) labile Sukzessionsphasen bleiben dann kleinflächig begrenzt; die Pufferkapazität und die Elastizität des gesamten Waldgesellschaftskomplexes wird durch die Strukturvielfalt erhöht.

Je einförmiger und großflächiger sich Waldbestände einer auf sie gerichteten Störung darbieten, umso großflächiger wirkt diese sich aus. Je kleinflächiger die Mosaikzerlegung eines Waldes bereits ist, umso geringfügiger bleiben die Auswirkungen gerichteter Störungen. Der Naturwald erhält ein hohes Maß an Elastizität und Stabilität aus seiner Verfassung als Mosaik, in welchem zyklische Verjüngungs-, Optimal-, Alterungs- und Zerfallsphasen einander ablösen und so ein labiles Fließgleichgewicht schaffen (OTTO 1994a).

Diese Strukturvielfalt sollte im Wirtschaftswald nachgeahmt werden. Nachdem der homogene Zustand auf großen zusammenhängenden Flächeneinheiten für intensive Auswirkungen von Störungen disponiert, muß die so entstandene instabile Situation in stabilere Zustände überführt werden (OTTO 1994a).

Naturverjüngungsverfahren, die gestaffelte lange Verjüngungszeiträume anwenden, ermöglichen es, auch auf kleineren Flächen gestufte Altersstrukturen aufzubauen.

Kleinflächiger Wechsel von Standorts- und Bestandeseigenschaften erhöht die Vielfalt der räumlich und zeitlich wirkenden Umweltreize und fördert durch ständige Nutzung des Anpassungspotentials die Erhaltung der langfristigen Anpassungsfähigkeit der Baumpopulationen (Aktivierung der Anpassungsmechanismen).

Naturverjüngungsverfahren, die eine kontinuierliche Verjüngung mit gleichzeitiger Reproduktion einander überlappender Generationen ermöglichen, bieten auch eine stetigere Anpassung des Genpools, da gleiche Genotypen in unterschiedlichen Alters- und Bestandesentwicklungsphasen betroffen werden, sodaß eine Disposition zu Schäden variiert. Bei kontinuierlicher Verjüngung besteht für empfindliche Genotypen bei akuten Schädigungen die Möglichkeit, noch vor ihrem Ausscheiden genetische Information an den Nachkommen-Genpool weiterzugeben. Die Anpassung an rasche Umweltänderungen erfolgt bei kontinuierlicher Verjüngung ausgeglichener (MÜLLER 1993).

Die Bewahrung der genetischen Ressourcen wird besonders bei Veränderung der Umweltbedingungen zu einem Hauptfordernis für die Forstwirtschaft.

5. Fremdländische Baumarten und Herkünfte:

Das kontrollierte Einbringen bewährter, fremdländischer Baumarten (vor allem Douglasie) ist ein Beitrag zur Anreicherung der an Baumarten armen mitteleuropäischen Flora.

Ebenso dient der gezielte Einsatz bestimmter ausländischer Herkünfte bei Baumarten mit eingeschränkter genetischer Mannigfaltigkeit zur Verbesserung des Anpassungspotentials (z.B. kalabrische Tannenherkünfte).

Viele (nicht alle) dieser Maßnahmen sind bekannte Forderungen des naturnahen oder ökologischen Waldbaues, aber mit Betonung dynamischer Prozesse. Nicht die kontinuierliche stabile Nachhaltigkeit auf jeder kleinsten Flächeneinheit ist die Maxime, sondern das Erkennen und Unterstützen von Veränderung, ohne dabei die notwendige Kontrolle zur Wahr-

rung der notwendigen Waldleistungen zu verlieren. Daß dieser Waldbau mit Betonung dynamischer Abläufe nicht aufwendiger zu sein braucht als ein Waldbau mit starren Raum-Zeit-Strukturen, ergibt sich schon durch die Einbeziehung natürlicher Prozesse im Sinne einer biologischen Automation, die zur Minimierung waldbaulicher Maßnahmen auf das unumschränkt Notwendige tendiert.

2.3 Konzepte für Bestandesbegründung und -erziehung

Auf Standorten, wo waldbauliche Investitionen zur Wertholzproduktion lohnen, wird unter Beachtung der standortsgegebenen Voraussetzungen auch künftig die Nutzfunktion im Vordergrund stehen, um Holz als das umweltfreundlichste Produkt zu erzeugen. Moderne Begründungs- und Pflegekonzepte zielen auch hier auf Minimierung der erforderlichen Eingriffe, sei es durch weitständige Begründung, Vermeidung von Vornutzungen oder frühzeitige Z-Stammauswahl. Je konsequenter solche auf Rationalisierung von nutzholzoptimierten Beständen ausgerichteten Modelle angewandt werden, desto mehr nähern sich die waldbaulichen Konzepte plantagenähnlichen Kulturen. Kulturen mit geringen Pflanzenanzahlen, nach Möglichkeit bereits in Endbestandsentfernung der vorprogrammierten Z-Baumstandorte (JOHANN 1994) angelegt, erfordern homogenes vorsortiertes Pflanzenmaterial geringer genetischer Variabilität, da inter- und intraspezifische Selektion während der Bestandesentwicklung infolge verhinderter oder verminderter Stammzahlreduktion nur entsprechend geringe Rolle spielen. Die Bestandesentwicklung bleibt nicht mehr dem Zufall überlassen; Wettbewerb wird ausgeschaltet. Besonders für Edellaubbaumarten sind solche Erziehungsmodelle in hervorragender Weise geeignet, bei verkürzter Produktionszeit mit vertretbarem Aufwand Wertholz zu erzeugen.

Diese Modelle sind aber nur für Standorte geeignet, wo mit hoher Sicherheit erwartet werden kann, daß sich die waldbaulichen Maßnahmen in der vorgesehenen Weise bis zum Abtrieb realisieren lassen und die getätigten Investitionen sich auch programmgemäß lohnen. Insbesondere wenn Baumarten in ihrem ökologischen Optimum gepflanzt werden, z.B. Edellaubbaumarten auf frischen, gut durchlüfteten Standorten passender Höhenlage oder Fichten-Tannen-Buchen-Mischwald auf Standorten mit ausgeglichenen Wasser- und Nährstoffhaushaltsverhältnissen im montanen Bereich, kann angenommen

werden, daß eine Umweltveränderung in Höhe der prognostizierten Temperaturerhöhung, aber gleichbleibenden Niederschlägen innerhalb des Anpassungspotentials liegt (vgl. FELBERMEIER 1993).

Sieht das Bestandesbegründungs- und -erziehungskonzept keinen Fortbestand über das Abtriebsalter hinaus infolge Naturverjüngung vor, wirken die Entscheidungen zu Baumarten- und Herkunftswahl auch relativ kurzfristig.

Völlig anders zu beurteilen sind alle jene labilen Waldgesellschaften, vor allem im Hochlagen- und Schutzwaldbereich, deren Entwicklung bei Änderung der Umwelt aufgrund der nicht abschätzbaren Wechselwirkung der Standortseigenschaften kaum voraussehen ist. In diesen Gebieten werden waldbauliche Maßnahmen aufgrund der eingeschränkten oder fehlenden Nutzfunktion unterlassen oder auf das zur Walderhaltung bzw. zur Erfüllung der Schutzfunktion gerade noch erforderliche Maß reduziert (Minimalwaldbau). In den zur Naturverjüngung vorgesehenen Beständen wäre es verfehlt, stammzahlarme Kulturen mit homogenem Pflanzgut eingengter genetischer Vielfalt zu begründen. Je unsicherer die künftige Entwicklung des Bestandes, desto mehr ist auch das ökologische Risiko zu minimieren, desto mehr sind die auf Arten-, Struktur- und Genvielfalt begründeten Anpassungspotentiale zu Hilfe zu nehmen und erforderlichenfalls zu unterstützen. Komplexen Umweltsituationen kann nicht durch Einschränkung der genetischen Vielfalt begegnet werden. Alle Maßnahmen, die zu einer Einengung der genetischen Vielfalt führen, sind daher äußerst kontraproduktiv.

Das hohe öffentliche Interesse an der Erhaltung und Weiterentwicklung des ertragslosen Waldes auf gefährdeten Standorten rechtfertigt die im Forstgesetz geregelte Übernahme der Waldbaukosten durch die öffentliche Hand. Die hierfür gebotene Sparsamkeit sollte zu verstärkten Überlegungen führen, inwieweit die waldbaulichen Maßnahmen durch Gewährenlassen und Förderung dynamischer Abläufe auf ein Minimum reduziert werden können; in vielen Fällen wäre es wahrscheinlich schon ausreichend, wenn die Regenerations- und Sukzessionspotentiale nicht behindert wären.

Ökologischer Waldbau muß bei gleichzeitiger ökologischer Auszehrung scheitern. Gerade im Schutzwald gilt es, alle Ansätze zur Verjüngung, wo und wie immer sie erreicht und gefördert werden kann, zu unterstützen. Das schließt Ausnützung aller Samenjahre, eventuell Bodenverwundung, Förderung der Pioniervegetation und Bereitstellung geeignetsten Pflanzenmaterials, vor allem für die tief- und hochsubalpinen

Bereiche, inklusive Lagerung von Samenvorräten und Anlage von Samenplantagen für diese Höhenbereiche ein.

Auf keinen Fall dürfen auf diesen labilen Standorten ökologische Gesetzmäßigkeiten vernachlässigt oder verletzt werden. Sonst wird statt der Nutzung natürlicher Triebkräfte ein hoher Aufwand für die Reparatur ökologischer Schäden erforderlich und wäre auf lange Sicht unökonomisch (PITTERLE 1993, THOMASIU 1991) (ecology FOR economy).

2.4 Forstliches Vermehrungsgut

Die Regelung forstlichen Vermehrungsgutes im Forstgesetz (Abschn. XI) und in den EU-Richtlinien ist überholungsbedürftig.

Die zitierten Regelungen enthalten den Grundgedanken, den Wald insbesondere in seiner Ertragsfähigkeit zu verbessern. In der Richtlinie des Rates der Europäischen Gemeinschaft vom 14.6.1966 (66/404/EWG) über den Verkehr mit forstlichem Vermehrungsgut wird es als notwendig angesehen, daß genetisch hochwertiges Vermehrungsgut zu verwenden ist, "um die forstliche Erzeugung in wesentlichem Umfang zu steigern und damit die Voraussetzungen für die Ertragsfähigkeit des Bodens zu verbessern".

Viele Bestimmungen, betreffend die Auswahl von Saatguterntebeständen (Homogenität, überdurchschnittliche Massenleistung, Forderung nach möglichst günstigen morphologischen Merkmalen) oder die Anzucht betreffend (Getrennthaltung von mehreren Reifejahren einer Saatgutquelle, Anforderungen, denen Saatgut oder Pflanzgut genügen muß) erleichtern die Kontrolle und den internationalen Verkehr von Vermehrungsgut. Sie berücksichtigen aber nicht die Forderungen der Forstgenetiker, die den Merkmalen der Anpassungsfähigkeit ein höheres Gewicht verleihen. Gerade die Vermengung von Reifejahren, die Einbeziehung möglichst vieler Erntebestände, die Tatsache, daß bei Beurteilung von Saatguterntebeständen in Hochlagen Massen- und Formmerkmale gegenüber Vitalitätsmerkmalen zurücktreten müssen, die Vermeidung von Größensortierung der Pflanzen im Forstgarten, sind Bestrebungen, die für die Bereitstellung genetisch vielfältigen, anpassungsfähigen Vermehrungsgutes förderlich wären, den gesetzlichen Bestimmungen aber widersprechen.

Es erscheint daher die Forderung berechtigt, eine weitere Kategorie von Vermehrungsgut - "Gen-Erhaltung-Saatgut genannt" - einzuführen, die vor allem für die lokale Versorgung mit anpassungsfähigen Sämlingspopulationen und damit für die Begründung je-

ner Bestände sorgt, deren künftige Hauptfunktion eben nicht die verbesserte Ertragsleistung ist.

2.5 Förderung

Da ein hohes öffentliches Interesse besteht, naturnahe und daher anpassungsfähigere Bestände zu erhalten oder aufzubauen, erscheint es gerechtfertigt, dem Waldbesitzer durch Flächenprämien Anreize für Bestandesumwandlungen und Verbesserungen der ökologischen Nachhaltigkeit zu bieten.

Bei der Bewertung der ökologischen Merkmale solcher zu fördernden Maßnahmen, sollten dynamische Aspekte, die das Zukünftige integrieren, gegenüber konservativen Naturschutzgedanken und allzu kleinflächig auf Stabilität beschränkte Nachhaltigkeitsprinzipien Vorrang haben.

Zusammenfassung

Als mögliche Strategie zur Bewältigung der drohenden Klimaänderung bieten sich zwei Vorgangsweisen an:

- Aktive Beiträge des Waldbaues zur Verminderung der die Klimaänderung auslösenden Phänomene,
- Vorbeugende und unterstützende Maßnahmen zur Erfüllung der Waldfunktionen bei Änderung der Umweltverhältnisse.

Die quantitative Abschätzung der Wirksamkeit der mit forstlichen Maßnahmen erreichbaren Verringerung der Treibhauseffekte auf nationaler oder globaler Ebene läßt die Aussichtslosigkeit einer solchen Vorgangsweise erkennen. Realistischerweise hat sich die Forstwirtschaft daher mit den Konsequenzen der Klimaänderung auseinanderzusetzen und nach Möglichkeiten zu suchen, zur Verbesserung jener Eigenschaften beizutragen, die das Waldökosystem befähigen bei Veränderungen der Umwelt vor Zerstörung bewahrt zu werden.

Bisherige Reaktionen von Waldgesellschaften auf Störungen lassen gewisse Rückschlüsse auf ihr Verhalten bei Änderungen der Umweltbedingungen zu. Anpassungs- und Sukzessionsprozesse verlaufen in Abhängigkeit von Vielfalt der Arten, deren ökologische Amplitude, Besiedlungsstrategie der vorhandenen und hinzutretenden Artengarnitur, der Reproduktionsfähigkeit und einige andere Parameter, zu deren Abschätzung noch ein erheblicher Forschungsbedarf besteht.

Besonders die alpine Landschaft bedingt ein hohes Störungspotential, das als Voraussetzung für die

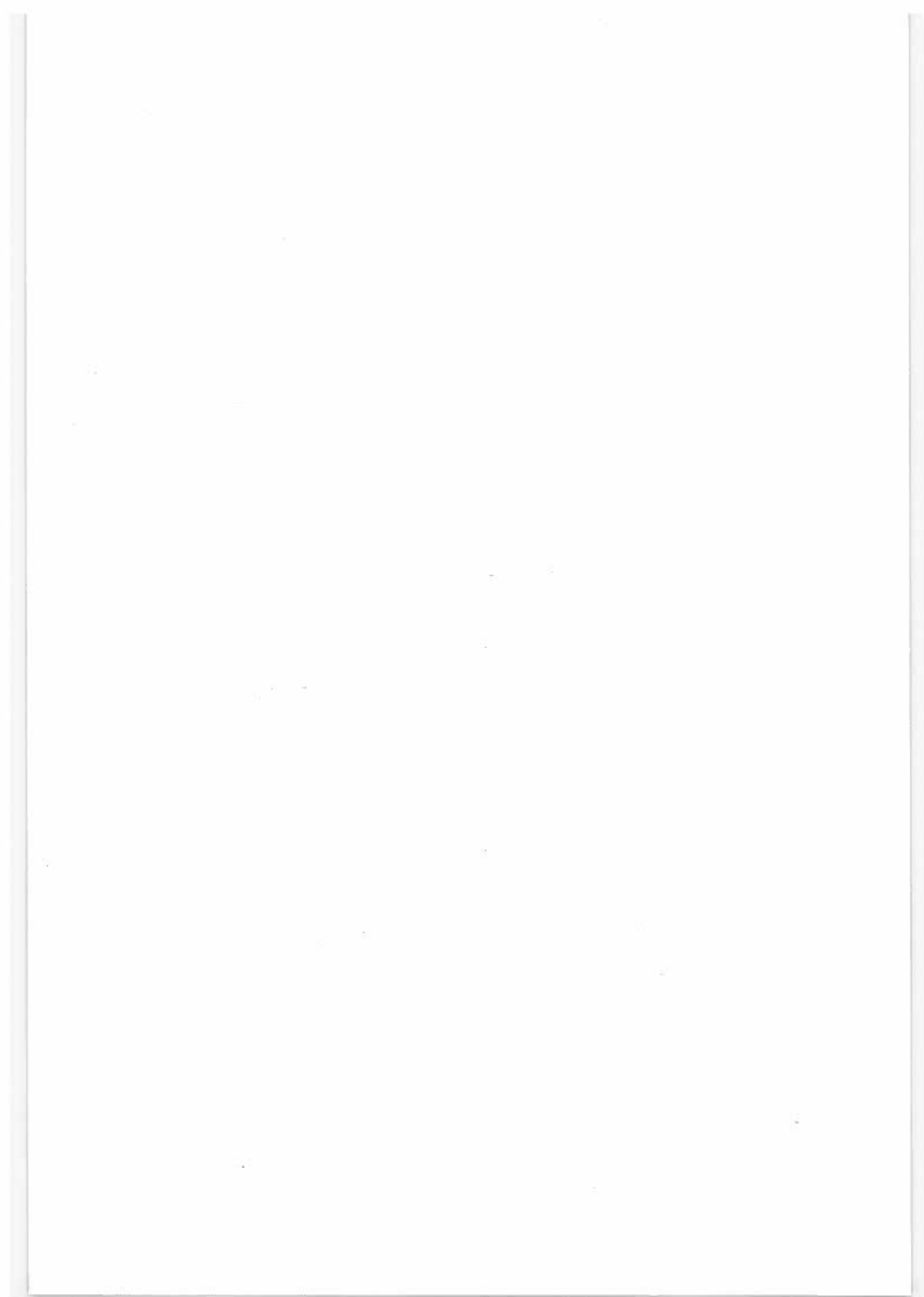
nachhaltige dynamische Anpassungsfähigkeit von Waldgesellschaften wirkt. Zur Unterstützung dieser möglicherweise überforderten Anpassungsfähigkeit werden waldbauliche Maßnahmen diskutiert, die eine Forcierung der Naturverjüngung, der Wiederherstellung des natürlichen Artenreichtums, Förderung von Pionierbaumarten, verstärkte Nutzung der Ausschlagverjüngung in Trockengebieten, Schaffung von "Gründerpopulationen", die Errichtung eines Netzes von Naturwaldreservaten und die Förderung aller Strukturformen beinhalten.

Diese Maßnahmen haben vor allem in labilen Waldgesellschaften des Hochlagen- und Schutzwaldbereichs besondere Bedeutung. Für diesen Bereich wird auch die Einführung einer neuen Kategorie forstlichen Vermehrungsgutes diskutiert, die den lokalen Bedarf zur Begründung jener Bestände abdeckt, deren künftige Hauptfunktion nicht die Ertragsleistung ist.

Da der Aufbau oder die Erhaltung naturnaher, anpassungsfähiger Bestände im öffentlichen Interesse liegt, sollten durch Flächenprämien Anreize für Bestandesumwandlungen und Verbesserungen der ökologischen Nachhaltigkeit geboten werden.

Literatur

- ANKO B. 1993: *The Influence of Disturbances on the Forest Ecosystem and the Managing thereof*. Zbornik gozdarstva in lesarstva, 42:85-109.
- BUNDESMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG, LANDWIRTSCHAFT UND FORSTEN 1994: *Nationaler Waldbericht der Bundesrepublik Deutschland*. Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten, Ref. 611, 94 S.
- DONAUBAUER E. 1994: *Forstschäden und Forstschutz - Situation und Tendenzen in Österreichs Wald*. Wien, Eigenverlag Autorensgemeinschaft Österreichs Wald, Österreich, 271-287.
- FELBERMEIER B. 1993: *Der Einfluß von Klimaveränderungen auf die Areale von Baumarten - Methodenstudie und regionale Abschätzung für die Rotbuche*. Schriftenreihe der Forstwissenschaftlichen Fakultät der Universität München und der Bayer. Forstlichen Versuchs- und Forschungsanstalt, Nr. 134, 214 S.
- FISCHLIN A. & BUGMANN H. 1994: *Können forstliche Maßnahmen einen Beitrag zur Verminderung der schweizerischen CO₂-Emissionen leisten?* Schweiz. Z. Forstwes., 145:275-292.
- GLÜCK P. 1994: *Von der ökonomischen zur ökologischen Nachhaltigkeit*. Österr. Forstztg., 105:24-28.
- GROBL W. 1994: *Agrar- und Umweltpolitische Bedeutung der Aufzucht*. Der Wald, 44:270-271.
- JOHANN K. 1994: *Ja zu mehr Laubholz bei den Kulturen! Aber welche Pflanzverbände?* Österr. Forstztg., 105:6-8.
- KARRER G. 1993: *Nachhaltigkeit und Biodiversität - aus der Sicht der Vegetationskunde*. XX. Tagung der Fachgruppe Wald- und Holzwissenschaften, 27. und 28. Okt. 1993, Univ.f.Bodenkultur, Wien, 45-61.
- KIMMINS H. 1992: *Balancing Act: Environmental Issues in Forestry*. Vancouver, UBC Press, University of British Columbia, Canada, 244 p.
- KRÄUCHI N. 1993: *Climate change and forest ecosystems - an overview*. In: SCHLAEPFER R. (ed.): *Long-term Implications of Climate change and Air Pollution on Forest Ecosystems*. Progress report of the IUFRO Task Force "Forest, Climate change and Air Pollution". Vienna, IUFRO, Birmensdorf, WSL. IUFRO World Series, Vol. 4, 53-76.
- KRAPFENBAUER A. 1992: *Die Rolle des Waldes, der Holzbiomasse und der Solarenergie zur Stabilisierung des Glashauseffekts*. Cbl. f. d. ges. Forstwesen, 109:85-103.
- KRIEBITZSCH W.U. 1991: *Der Treibhauseffekt: Ursachen, Wirkungen und Folgen für den Wald*. Forstarchiv, 62:179-182.
- KRIEBITZSCH W.U., SCHNEIDER T.W. & HEUVELDOP J. 1993: *Aufzucht allein sind keine Lösung zur Klimastabilisierung*. Mitt. Bundesforsch.anst. Forst- Holzwirtschaft, Nr. 31, 2-6.
- KRISSL W. & MÜLLER F. 1989: *Waldbauliche Bewirtschaftungsrichtlinien für das Eichen-Mittelwaldgebiet Österreichs*. FBVA-Berichte, Nr. 40, 134 S.
- MAAREL E. VAN DER 1993: *Some remarks on disturbance and its relations to diversity and stability*. J. Veget. Sci., 4:733-736.
- MAYER H. & OTT E. 1991: *Gebirgswaldbau, Schutzwaldpflege*. 2. Aufl., Stuttgart/New York, Gustav Fischer Verlag, Deutschland, 587 S.
- MÜLLER F. 1993: *Auswahl und waldbauliche Behandlung von Generationswäldern*. FBVA-Berichte, Nr. 73, 22 S.
- OTTO H.-J. 1994a: *Verminderung der waldbaulichen Intensität und des Schwachholzaufkommens durch naturnahen Waldbau?* Forst und Holz, 49:387-391.
- OTTO H.-J. 1994b: *Waldökologie*. Stuttgart, Ulmer Verlag, Deutschland, 391 S.
- PETERS R.L. 1992: *Die Auswirkungen weltweiter Klimaveränderungen auf natürliche Lebensgemeinschaften*. In: WILSON E.O. (Hrsg.): *Ende der biologischen Vielfalt*. Heidelberg/Berlin/New York, Spektrum Akademischer Verlag, Deutschland, 481-492.
- PITTERLE A. 1993: *Nachhaltig - multifunktionale Waldwirtschaft*. Reihe Veröffentlichungen der Abteilung Gebirgswaldbau, Nr. 1, Universität für Bodenkultur, Wien, 212 S.
- ROLOFF A. 1992: *Mögliche Auswirkungen des Treibhauseffekts auf die Konkurrenzsituation in Waldökosystemen*. Forstarchiv, 63:4-10.
- SCHOLZ F. 1993: *Anforderungen an die forstliche Forschung aufgrund der prognostizierten Klimaänderung*. Allg. Forstz. München, 48:592-595.
- THOMASUS H. 1991: *Mögliche Auswirkungen einer Klimaveränderung auf die Wälder in Mitteleuropa*. Forstw. Cbl. 110:305-330.
- Verfasser: HR Dipl.-Ing. Dr. Ferdinand Müller
Forstliche Bundesversuchsanstalt
Institut für Waldbau
Hauptstraße 7
A-1140 Wien



Naturschutz und Waldbau - Ein Widerspruch?

G. FRANK

Institut für Waldbau, Forstliche Bundesversuchsanstalt Wien

Kurzfassung

Der sich verstärkende Konflikt zwischen Naturschutz und Forstwirtschaft erfordert neue Strategien, Forstwirtschaft auch ökologisch nachhaltig zu betreiben.

Gemeinsame und konkurrierende Ziele von Waldbau und Naturschutz, Naturschutzdefizite und Handlungsbedarf des Waldbaus und mögliche Strategien eines naturschutzkonformen Waldbaus werden diskutiert.

Gemeinsame Schwerpunkte sind die ökologisch nachhaltige Nutzung des Waldes und die Erhaltung oder angemessene Erhöhung der Biodiversität.

Naturschutz und Waldbau sind nur dann kein Widerspruch, wenn ihre Ziele in ein gemeinsames übergeordnetes Ziel der multifunktionalen Waldwirtschaft integriert sind.

Schlüsselworte: Nachhaltigkeit, Naturschutz, Waldbausysteme, Biodiversität von Wäldern, Klimawandel.

Abstract

Protection of Nature and Silviculture - a Contradiction?

The increasing conflict between the protection of nature and forest management requires new strategies for practising forest management also from an ecologically sustainable standpoint. Both common aims and clashing interests of silviculture and the protection of nature, of deficiencies, and possible strategies that conform to the requirements of nature and silviculture are discussed. Their common crucial point is appropriate, ecologically sustainable enhancement of biodiversity.

The only way to harmonize the activities of silviculture and those aiming at the conservation of nature will be integrate their differing objectives in the common idea of multifunctional forest management.

Key words: sustainable forestry, nature protection of nature, silvicultural systems, biodiversity of forests, climate change.

1. Ausgangslage und Problemstellung

Der Europarat hat 1995 zum Europäischen Naturschutzjahr erklärt. Stand noch im Naturschutzjahr 1970 die Einrichtung von Schutzgebieten im Vordergrund, ist 1995 die Initiierung von flächendeckendem Naturschutz das erklärte Ziel. "Naturschutz überall" lautet das Motto.

Mit der Unterzeichnung der Helsinki Resolutionen H1 und H2 (MINISTERIAL CONFERENCE ON THE PROTECTION OF FORESTS IN EUROPE 1993) hat sich Österreich verpflichtet, die Nachhaltigkeit der im Forstgesetz genannten vier Waldwirkungen zu erweitern und gleichrangig für die Erhaltung der biologischen Vielfalt, Produktivität, Erneuerungsfähigkeit und Vitalität des Waldes zu sorgen (GLÜCK 1994). Der Grundsatz der nachhaltigen Produktion von Holz und Infrastrukturleistungen wurde somit um den Grundsatz der Wahrung der ökologischen Nachhaltigkeit erweitert. Die wichtigsten, für die Naturschutzpraxis und für den Waldbau unmittelbar relevanten Inhalte der Resolutionen von Helsinki sind sinngemäß:

1. Förderung nachhaltiger Mehrzweckforstwirtschaft einschließlich der Erhaltung und Verbesserung der biologischen Vielfalt (H1).
2. Förderung naturnaher Waldbaupraktiken (H1).
3. Bevorzugung heimischer Holzarten und lokaler Herkünfte bei der Wieder- und Neuaufforstung (H1).
4. Erfassung der biologischen Vielfalt der Waldökosysteme und Erforschung der Auswirkungen von Bewirtschaftungsmethoden auf die biologische Vielfalt (H2).
5. Erhaltung und angemessene Erhöhung der Biodiversität als essentielles Element nachhaltiger Forstwirtschaft (H2).
6. Einrichtung eines repräsentativen Netzwerkes von Naturwaldreservaten (H2).

Daraus ergeben sich folgende Problemstellungen, die in dieser Arbeit diskutiert werden:

- Schließen sich Naturschutz und Waldbau gegenseitig aus?
- Gibt es konkurrierende und gemeinsame Ziele?
- Wo bestehen Defizite, wo Handlungsbedarf?
- Wie können Belange des Naturschutzes und der Waldbewirtschaftung gleichzeitig wahrgenommen werden?

- Welche Naturschutzmaßnahmen stehen mit den betriebswirtschaftlichen Zielsetzungen des Waldbau nicht im Widerspruch?
- Welche waldbaulich erforderlichen Maßnahmen sind gleichzeitig Naturschutzmaßnahmen?
- Welche Bedeutung erlangen Naturschutzstrategien angesichts prognostizierter Klimaänderungen?

2. Konzepte und Ziele des Waldbaus

Landethik - oder das ökologische Gewissen

Der grundsätzliche Unterschied zwischen jeder ökologisch nachhaltigen Landnutzung und der Nutzung des Landes als bloßes Produktionsmittel für Gebrauchsgüter besteht darin, mit natürlichen Ressourcen umzugehen und eine natürliche Umgebung zu betreuen statt eine künstliche zu schaffen. Das setzt aber die ganzheitliche Betrachtung des Landes als Biosphäre und die Anerkennung scheinbar zweitrangiger Funktionen von Lebewesen aus ethischen Gründen voraus (LEOPOLD 1949, 1992). Der Kern von Aldo Leopolds Landethik ist die Ausdehnung des sozialen Gewissens vom Menschen auf Böden, Gewässer, Pflanzen und Tiere, also - zusammengefaßt - das Land: Der Mensch als Bürger statt Eroberer der Biosphäre.

Der Waldbau

Waldbau ist die Gestaltung und Nutzung des Ökosystems Wald nach gesellschaftlichen Zielvorgaben. Waldbau bewirkt damit immer zugleich Abweichung des Waldes vom Naturzustand. Jede Waldbaumethode hat stets Veränderungen der natürlichen Arten-, Alters- und Raumstruktur und deren Dynamik zur Folge und nimmt diese nicht nur in Kauf, sondern stellt sie bewußt her, da jede waldbauliche Maßnahme auf das Erreichen bestimmter, wenn auch oft unterschiedlich gewichteter Ziele ausgerichtet ist. Einen "natürlichen Waldbau" kann es daher nicht geben. In Hinblick auf die ökologische Nachhaltigkeit ist der Grad der Abweichung bewirtschafteter Waldökosysteme von natürlichen entscheidend:

Der klassische Waldbau: Das perfektionierte System des schlagweisen Hochwaldes wurde nach dem Vorbild der Landwirtschaft im vorigen Jahrhundert entwickelt. HEINRICH COTTA 1817: "Es soll mit dem Waldbau etwas verstanden werden, was man beim Felde unter Feldbau versteht." Der Unterschied zwi-

schen dem Waldbau Cotta's und dem landwirtschaftlichen Pflanzenbau besteht im Grunde nur in der Dauer des Produktionszeitraumes. In Verbindung mit der Bodenreinertragslehre und der idealisierten Anwendung des Normalwaldmodelles mußte dieses waldbauliche Modell unweigerlich zum "Holzacker" führen.

Der naturnahe Waldbau ist eine Strategie der Waldbewirtschaftung, bei der der Wald als Ökosystem aufgefaßt wird und durch optimale Ausnutzung von Naturkräften und ökologischen Gesetzen so gestaltet wird, daß seine gesellschaftlich relevanten Funktionen (Stoffproduktion, Schutzwirkungen, Erholungseffekte) nachhaltig gewährleistet werden (THOMASIU 1992). Kennzeichnend für den naturnahen Waldbau ist, daß seine Maßnahmen innerhalb der ökologisch bedingten Grenzen reversibler Prozesse bleiben, so daß keine Verschlechterung der Standorte eintritt und die Fähigkeit zur Selbsterhaltung der Waldlebensgemeinschaften erhalten bleibt (LEIBUNDGUT 1988). Der naturnahe Waldbau betrachtet die nachhaltige Funktionsfähigkeit des Ökosystems Wald als Grundlage und Voraussetzung der ökonomischen Nachhaltigkeit und gestaltet den Wald nach folgenden ökologischen Grundsätzen:

- Orientierung der Baumartenwahl an der potentiellen natürlichen Waldgesellschaft, Erhaltung oder Wiederherstellung der Baumartenzusammensetzung der potentiellen natürlichen Waldgesellschaft, aber auch Verwendung standortstauglicher Baumarten. Gezielte Förderung von Mischbaumarten unter besonderer Berücksichtigung seltener oder gefährdeter Baumarten.
- Verzicht auf Kahlschlag, wenn Standort und Ausgangsbestand zur Naturverjüngung geeignet sind. Erforderlichenfalls Bestandesumwandlung mit künstlicher Verjüngung standortsangepaßter und anpassungsfähiger Baumarten, Bevorzugung autochthoner Baumarten und Provenienzen:
- Kleinflächige natürliche Verjüngung mit langen Verjüngungszeiträumen und Aufbau ungleichaltriger Bestände,
- Erhaltung der Bodenproduktivität durch dauernde Überschildung und Belassen von Biomasse im Wald, Förderung des waldspezifischen Bestandesinnenklimas,
- Förderung der waldspezifischen, artenreichen Flora und Fauna, Beachtung der biologischen Vielfalt, Förderung der Vielfalt innerhalb der Arten (genetische Vielfalt), der Vielfalt der Arten und der Vielfalt von Ökosystemen,

- Boden- und bestandesschonende Holzernte,
- Überführung von Altersklassenwäldern in ungleichaltrige, vielgestaltige Waldformen,
- Strukturierende Pflegeeingriffe zur Entwicklung vielschichtiger Bestände unter Ausnutzung der natürlichen Differenzierung.

Der naturnahe Waldbau, oder auch ökologisch orientierter Waldbau, strebt an, seine betriebswirtschaftlichen Ziele unter Beachtung der oben angeführten ökologischen Grundsätze zu erreichen. Die Bewirtschaftung des Waldes und die Nutzung des Rohstoffes Holz gehören zu den gesellschaftlichen Notwendigkeiten. Die betriebswirtschaftlichen Ziele und die vom naturnahen Waldbau angewandten Methoden stehen nicht im Widerspruch zu seinen ökologischen Grundsätzen:

- Wertholzproduktion durch Auslese und Pflege in allen Entwicklungsphasen,
- flexible Reaktionsmöglichkeit auf aktuelle Marktdürfnisse durch breit gestreutes Baumartenangebot,
- Aufrechterhaltung der Standortsproduktivität durch Dauerbestockung,
- Verringerung des Produktionsrisikos durch Vervollständigung des Einzelstammes zur Erhöhung seiner mechanischen Stabilität,
- Minimierung des Aufwands für Verjüngung und Pflege durch Ausnutzung der Naturverjüngung, der natürlichen Differenzierung und Schaftreinigung,
- Starkholzproduktion und Minimierung des Schwachholzanteils durch einzelbaumweise oder kleinflächige Ernte der Bäume nach Erreichen einer bestimmten Zielstärke,
- Minimierung von Schäden an Bestand und Boden durch Anwendung modernster Erntemethoden.

3. Konzepte und Ziele des Naturschutzes

Die Ziele des umfassenden Naturschutzes aus der Sicht von Naturschutzorganisationen lauten (MANG 1992):

1. Die Vielfalt von Organismen und Lebensräumen in ihrer Einzigartigkeit zu bewahren.
2. Die freilebende Tier- und Pflanzenwelt in ihrer natürlichen und historischen Vielfalt um ihrer selbst willen zu erhalten und zu fördern.
3. Historisch gewachsene Kulturlandschaften in ihrer Vielfalt zu sichern, weiterentwickeln und nachhaltig zu nutzen.

4. Den Bestand, die Qualität und die ökologische Funktion der Naturgüter Boden, Wasser, Luft und Klima zu erhalten und zu verbessern.

Die IUCN formuliert ihre Naturschutzziele ähnlich umfassend (zit. nach PLACHTER 1994):

1. Aufrechterhaltung der wesentlichen ökologischen Prozesse und lebenserhaltenden Systeme.
2. Schutz genetischer Diversität und der wildlebenden Arten.
3. Nachhaltige Nutzung von Arten und Ökosystemen mit dem Ziel, alle natürlichen Ressourcen im Hinblick auf die Bedürfnisse zukünftiger Generationen voraussichtlich zu nutzen.

Der Artenschutz stellt einzelne Arten, insbesondere die seltenen oder gefährdeten in den Vordergrund seiner Bemühungen (JEDICKE 1994). Dabei geht es nicht nur um die Arten an sich. Sie dienen als Indikatorarten für die Unversehrtheit ihres Lebensraumes. Es ist naheliegend, daß der Schutz einzelner Arten nur über den Schutz ihrer Lebensräume (Biotopschutz) zielführend sein kann. Der Biotopschutz baut auf das Versagen des einseitigen Arten- und Flächenschutzes auf dem mündet in den Aufbau von geeigneten Biotopverbundsystemen.

Das Biotopverbundkonzept wurde für die landwirtschaftlich genutzte Kulturlandschaft entwickelt. Es basiert auf großräumigen Schutzgebieten, die sich am Arealanspruch der Spitzenarten orientieren, der Etablierung von "Trittsteinen" zwischen den großräumigen Schutzgebieten, Korridoren als Wanderwege zwischen Schutzgebieten und "Trittsteinen" und der Nutzungsextensivierung auf dem Rest der Fläche (JEDICKE 1994).

Die Mosaik-Zyklus-Theorie (REMMERT 1991) lieferte dem Naturschutz das Argument für die Ausweisung großflächiger Schutzgebiete. Die vom Meeresbiologen Remmert aus den Ergebnissen europäischer Urwaldforschung abgeleitete Theorie stellt im Grunde nichts anderes dar als den - Forstleuten längst in Theorie und Praxis bekannten - Phasenzyklus. Obwohl die Herleitung dieser Theorie aus der Urwaldliteratur teilweise mit Fehlinterpretationen von Originalergebnissen und der damit verbundenen teilweisen Fehleinschätzung der Dynamik von Urwaldökosystemen behaftet ist, stellt sie doch die Grundlage des prozeßorientierten Naturschutzes im Wald im Sinne des Mosaik-Zyklus-Konzeptes (SCHERZINGER 1991) dar.

Das Mosaik-Zyklus-Konzept geht davon aus, daß es keine flächig einheitlichen Ökosysteme gibt, son-

dern daß sich in ihnen innerhalb kürzester Zeit eine mosaikartige Struktur einstellt. Der Ablauf der Biopopsukzession kehrt periodisch bzw. zyklisch wieder. Parallel laufende Zyklen befinden sich in einem räumlichen Nebeneinander und funktionieren asynchron (JEDICKE 1994).

Auf den Wald bezogen, bedeutet die Anwendung des Mosaik-Zyklus-Konzeptes die Zulassung eines Maximums an un gelenkten Prozessen. Wenn die Dynamik ein Wesensmerkmal natürlicher Waldentwicklung ist, dann muß das traditionelle *Statik-Konzept* als Naturschutz gegen die Natur wirken (SCHERZINGER 1990, 1994). Das *Dynamik-Konzept* Scherzingers postuliert die völlige Gleichwertigkeit der einzelnen Entwicklungsphasen und Sukzessionsstadien ("von kahler Brandfläche bis zu monotypem Hallenbestand und vielgestuftem Uralt-Wald") und setzt die "Störung" durch Naturkatastrophen als existentielle Notwendigkeit für die evolutive Anpassung der Arten und Erhaltung der Biodiversität voraus.

Nach SCHERZINGER (1994) sind speziell die Tiere keinesweges nur Lückenfüller in der Baumschicht, sondern es haben sich evolutionsbiologische Wechselwirkungen aufgebaut, die eine enge Abhängigkeit zwischen Artenvielfalt in Tierwelt und Vegetation sowie Ausformung von Diversität und Struktur des Waldkleides erwarten lassen. Die Qualität und Vielgestaltigkeit des Entwicklungspotentials wird daher auch durch die faunistische Artenausstattung bestimmt. Arten- und Prozeßschutz müssen daher als einander bedingende Strategien fungieren und das Schutzziel kann nur heißen: "Sicherung von Prozessen innerhalb der natürlichen Artenausstattung". Dieses wesentlich erweiterte Schutzziel erfordert unter Berücksichtigung der Habitatspezialisten aus der Tierwelt wesentlich mehr Raum, als Mindestgrößen nennt SCHERZINGER (1994) 10.000 bis 20.000 ha.

4. Der Zielkonflikt

Es ist offensichtlich, daß sich der prozeßorientierte Naturschutz bei konsequenter Beachtung der theoretischen Grundlagen des Dynamik-Konzeptes und die Nutzung des Ökosystems Wald - auch mit den Methoden des naturnahen Waldbaus - ihrem Wesen nach gegenseitig ausschließen. Denn Waldbau dient der Nutzung des Waldes, aber das Dynamik-Konzept verlangt Totalschutz.

Schutzgebiete dieser Größenordnung wären in Österreich vielleicht als Nationalparks im montanen oder subalpinen Bereich der Alpen realisierbar, aber aufgrund der erforderlichen Flächengröße nicht in der zergliederten Kulturlandschaft der submontanen oder gar kollinen Waldhöhenstufe. Auch keines der bestehenden oder geplanten Naturwaldreservate würde den Eignungs-Kriterien nach diesem Konzept entsprechen.

Wie dann soll auch im Wald "Naturschutz überall" realisiert werden?

Naturwaldreservate umfassen in Österreich derzeit rund 2400 ha, das sind ca. 0,06 % der Gesamtwaldfläche. Selbst wenn - wie in den meisten europäischen Staaten - 1 bis 2 % der Gesamtwaldfläche als Totalreservate angestrebt und auch finanziert werden sollten, stellt sich die Frage, wie Naturschutz auf den restlichen rund 3,8 Millionen Hektar Wald betrieben werden kann.

Jede Mehrzweckfunktion des Waldes hat Zielkonflikte zur Folge. Diese können grundsätzlich durch Optimierung - nicht durch Maximierung - im Sinne einer Kompromißlösung, oder durch funktionsräumliche Trennung gelöst werden. Die Maximierung einer einzelnen Funktion kann die Beeinträchtigung oder Ausschaltung einer oder mehrerer anderer Funktionen bewirken. Die ausschließlich funktionsräumliche Trennung der Lebensraumfunktion von den übrigen Waldfunktionen entspräche dem Totalschutz eines Teiles des Waldes durch Schutzgebiete bei gleichzeitiger Nichtbeachtung der Lebensraumfunktion auf dem Rest der Fläche.

5. Mögliche Lösungsstrategien

Stellt man die Ziele des umfassenden Naturschutzes und die in den Helsinki-Resolutionen zum Ausdruck gebrachten forstpolitischen Ziele gegenüber, so ergeben sich zwei gemeinsame Schwerpunkte: Die ökologisch nachhaltige Nutzung des Waldes und die Erhaltung oder angemessene Erhöhung der Biodiversität.

Sind diese Ziele mit den klassischen Waldbau-Praktiken zu erreichen?

Der Kahlschlag ist eine Waldbaumethode, die sich die natürliche Dynamik des Waldökosystems nicht zunutze macht, sondern das Waldökosystem in periodischen Abständen zerstört.

Die Rechtfertigung des Kahlschlags mit auch in Urwäldern vorkommenden, flächigen katastrophentypischen Ereignissen wie Windwurf oder Brand ist nicht stichhaltig:

Auch nach flächigem Windwurf verbleibt die gesamte Biomasse am Ort. Es entstehen Kleinstandorte mit unterschiedlichster Besiedlungseignung für Pflanzen und Tiere. Nicht einmal der systemimmanente Waldbrand in boreal-kontinentalen Wäldern ist in der Lage, die Bedingungen nach Kahlschlag herzustellen. Nach Windwurf oder Brand sind zumindest die initialen Sukzessionsstadien der Wiederbesiedlung weitgehend vom Zufall bestimmt.

Das krasse Gegenteil der natürlichen Entwicklung einschließlich der "Störung" stellt der Kahlschlag und die anschließende Wiederaufforstung mit möglichst wenigen Individuen (nämlich der Endstammzahl zum Umtriebszeitpunkt) möglichst nur einer einzigen Baumart (um die interspezifische Konkurrenz auszuschalten) dar.

Kann der Plenterwald Waldbauzielen und Naturschutzzielen gleichzeitig gerecht werden?

Der zeitliche und räumliche Wechsel unterschiedlicher Bestandesentwicklungsphasen oder -stadien ist Voraussetzung für die Lebensraumdiversität. Der klassische Plenterwald - von Naturschutzfachleuten und Waldbauern häufig und fälschlicherweise als ideale naturschutzkonforme Waldbewirtschaftungsform angesehen - ist in seiner idealen Ausbildung das Gegenteil von zeitlich und strukturell bedingter Lebensraumdiversität, da er, wenn Plentergleichgewicht bestehen soll, auf der gesamten Fläche "immerwährend und überall" einem quasi-statischen Zustand entsprechen muß, der nur durch waldbauliche Maßnahmen künstlich aufrechterhalten werden kann. Der Plenterwald weist zwar kleinflächig höchste strukturelle Diversität auf, allerdings bleibt diese charakteristische Struktur auf der gesamten Waldfläche räumlich und zeitlich immer dieselbe. Die Struktur des Plenterwaldes ändert sich im Idealfall nie, jede Störung des Plentergleichgewichtes ist unerwünscht und wird durch waldbauliche Maßnahmen verhindert.

Der Plenterwald ist die intensivste Kulturform des Waldes.

Der Zulassung von Störung und natürlicher Entwicklung, wie sie durch den Naturschutz gefordert wird, steht die Plenterung daher geradezu konträr gegenüber. Dessen ungeachtet wird die Plenterung häufig mit idealisierten Bestandesbildern des Urwaldes begründet. "Den Urwald" gibt es aber nicht, es gibt nur eine unendliche Vielzahl von Entwicklungspha-

sen und Sukzessionsstadien in menschlich unbeeinflussten Wäldern. Von dieser Vielzahl ist uns nur ein kleiner Teil bekannt oder bewußt. Wir haben erst angefangen, diesen kleinen Teil auf den wenigen Hektaren halbwegs ungestörter Wälder in Europa zu studieren.

Naturschutzdefizite des naturnahen Waldbaus

Umgekehrt kann jede im Urwald vorkommende Entwicklungsphase bzw. jedes Sukzessionsstadium irgendeinem durch naturnahen Waldbau gestalteten Bestandesentwicklungsstadium strukturell sehr ähnlich sein. Die wesentlichen Unterschiede zwischen naturnahem Wirtschaftswald und Urwald sind:

1. Die Erneuerung des Wirtschaftswaldes erfolgt zeitlich und örtlich gelenkt. Auch der naturnahe Waldbau kann nicht die vollständige natürliche Dynamik von Waldökosystemen zulassen. Störungen sind nicht das Ziel des naturnahen Waldbaus, sondern der naturnahe Waldbau hat das Ziel, mit Störungen fertig zu werden.
2. Die Vitalität als konkurrenzentscheidender Faktor im Wettbewerb der Individuen wird teilweise durch bestimmte Qualitätskriterien ersetzt. Es erfolgen in allen Entwicklungsphasen lenkende Eingriffe, um ein bestimmtes Bestockungsziel zu erreichen.
3. Auch dem naturnahen Wirtschaftswald fehlen die letzten Phasen der Urwaldentwicklung, nämlich das natürliche Altern und das kontinuierliche oder katastrophenbedingte Absterben der Bäume und die damit verbundene Anreicherung mit Biotopholz.

Dem naturnahen Wirtschaftswald mit der Ausrichtung auf rein betriebswirtschaftliche Ziele fehlen reife Entwicklungsstadien und deren natürlicher Zerfall, ausreichendes Angebot an Biotopholz und wie immer gerichtete "Störungen" (im anthropozentrischen Sinne - die Natur kennt weder Störung noch Katastrophe). Hier herrscht ein Naturschutzdefizit und hier gilt es anzusetzen. Naturnaher Waldbau alleine ist noch kein aktiver Biotop- und Artenschutz, da er vorrangig die wirtschaftliche Nutzung einschließlich der Schutzwirkung und anderer Infrastrukturleistungen des Waldes zum Ziel hat.

Dynamisch-gestaltender Biotop- und Artenschutz durch naturnahen Waldbau

Naturnaher Waldbau ist die Voraussetzung für einen umfassenden, flächendeckenden Naturschutz im Wald, der neben der Erhaltung der biologischen Vielfalt auch die ökologisch nachhaltige Nutzung von Waldökosystemen anstrebt.

Ein nach den Grundsätzen des naturnahen Waldbaus bewirtschafteter Wald weist Strukturen auf, die in ihrer räumlichen Verteilung dem Mosaik von Entwicklungsphasen (Textur) des Urwaldes nicht unähnlich sind. Durch die Naturverjüngungsverfahren des naturnahen Waldbaus entstehen im Gegensatz zu schlagweisen Beständen fließende Übergänge zwischen den Waldentwicklungsstadien, die den Phasenübergängen in Urwäldern ähnlich sind. Der Grenzlinieneffekt und die Ausbildung von Kleinbiotopen werden durch vielfältig strukturierte und texturierte Waldbestände verstärkt, ohne daß ökologische Barrieren entstehen. Durch zeitlich und räumlich differenzierte Verjüngung entstehen sehr unterschiedliche Habitate, ohne daß es zur Ausbildung statischer Zustände kommt. Auch die Erhaltung und Verjüngung seltener autochthoner Baumarten als aktiver Beitrag zum Artenschutz ist für den Waldbau heute eine Selbstverständlichkeit.

Soll der Waldbau ein echtes Instrument des aktiv-dynamischen Biotop- und Artenschutzes werden, müssen seine Zielsetzungen erweitert werden: Ohne Zweifel besteht in wirtschaftlich genutzten Wäldern ein Defizit an Totholz. Naturnaher Waldbau gewährleistet die Voraussetzungen für die Kontinuität und räumliche Vernetzung des Totholzangebotes, beinhaltet die Bereitstellung jedoch noch nicht in seiner Zielsetzung. Erst die Erweiterung der Waldbauziele um das Teilziel "Erhaltung des Lebensraumes gefährdeter Arten" rechtfertigt die Zulassung oder aktive Förderung der Totholzanreicherung. Analoges gilt für leicht zu realisierende Naturschutzmaßnahmen wie Belassen von Altholzinseln oder Einzelbäumen, Waldrandgestaltung oder andere Unterlassungen und Maßnahmen. Ein umfassender Arten-, Biotop- und Ökosystemschutz erfordert die Integration von Naturschutzzielen und Naturschutzmaßnahmen in die Waldbauplanung - Naturschutz als Teil einer multifunktionalen Waldwirtschaft.

6. Waldbau, Naturschutz und Klimaänderungen

Alle bisher besprochenen und in der Praxis realisierten Naturschutz- und auch Waldbaukonzepte gehen von konstant bleibendem Klima aus. Bereits heute stellt sich die Situation völlig anders dar, wenn die Bereitstellung von Totholz oder die Erhaltung der Biodiversität einschließlich der genetischen Diversität

als Voraussetzung für das nachhaltige Funktionieren des Ökosystems an sich gesehen wird. Die Aufrechterhaltung oder Erhöhung der biologischen Vielfalt bedeutet gleichzeitig waldbauliche und betriebswirtschaftliche Risikostreuung.

Die ursprüngliche bzw. dem aktuellen Standortspotential entsprechende Baumartenzusammensetzung (potentielle natürliche Waldgesellschaft) ist für den naturnahen Waldbau als Zielvorstellung entscheidend. Die Baumartenzusammensetzung der dem jeweiligen Standort entsprechenden natürlichen Waldgesellschaft ist Ergebnis einer jahrhundertelangen Entwicklung. Die natürliche Waldgesellschaft ist den edaphischen und klimatischen Bedingungen einschließlich ihrer Schwankungen am besten angepaßt. Was aber geschieht, wenn sich diese Bedingungen, insbesondere das Klima, rapide ändern? Können wir Klimaänderungen so detailliert voraussagen, daß wir auch die zukünftige potentielle natürliche Waldgesellschaft eines beliebigen Standortes aufgrund der einwirkenden Klimakomponenten und ihrer Auswirkungen auf den Boden und das Konkurrenzverhalten der Arten bereits heute vorhersagen können?

Treten prognostizierte Klimaänderungen ein, erfordert dies eine höhere Anpassungsfähigkeit von Individuen und Ökosystemen an sich schnell ändernde Umweltbedingungen.

Der Naturschutz hat das gleiche Ziel wie ein Waldbau, der erwartete Klimaänderungen in seinen Zielen mitberücksichtigt: Er strebt ein Maximum an Biodiversität (genetische Diversität, Artendiversität, Lebensraumdiversität, strukturelle und funktionelle Diversität) an. Die "Störung" ist ein Bestandteil der funktionellen Diversität und der Motor von Veränderungen und damit der Anpassungsfähigkeit.

Die Zulassung bzw. Förderung natürlicher Entwicklung (einschließlich der sogenannten "Störung") ist aus folgenden Gründen der vorbeugenden Aufforstung mit zukünftig angepaßten Baumarten vorzuziehen:

1. Klimaänderungen sind derzeit weder nach dem Ausmaß noch nach ihrer Art (jahreszeitliche Verteilung von Temperatur und Niederschlag, Strahlung, Luftfeuchtigkeit, Schneedeckendauer, Witterungsextreme und viele weitere Klimafaktoren und deren Wechselwirkungen) auch nur annähernd vorausberechenbar. Heute einen Baum zu pflanzen, der in Jahrzehnten an noch unbekannte Klimabedingungen angepaßt sein soll, entspricht daher dem Zufallsprinzip. Abgesehen davon kann ein für zukünftige Klimabedingungen

"vorgesehener" Baum am selben Standort den heutigen Klimabedingungen nicht angepaßt sein.

2. Weder die Programme der Hochlagenaufforstung noch der Schutzwaldsanierung sind in realistischer Zeit realisierbar. Als wenig erfolgversprechend dürfen daher Bemühungen angesehen werden, auf der gesamten Waldfläche Klimaänderungen - auch wenn diese genau prognostizierbar wären - durch die Aufforstung mit eventuell angepaßten Baumarten zu begegnen.
3. Es lassen sich zwar Bäume verpflanzen, aber nicht Waldökosysteme.

Die Orientierung an der natürlichen Waldgesellschaft muß auch weiterhin der wichtigste Waldbaugrundsatz sein. Entscheidend ist jedoch, daß die natürliche Waldgesellschaft nicht als etwas statisches, sondern als dynamisch ablaufender Prozeß aufgefaßt wird.

7. Zusammenfassung

Die allgemein formulierten Ziele des Naturschutzes und des naturnahen Waldbaus sind kein Widerspruch. Gemeinsame Schwerpunkte sind die ökologisch nachhaltige Nutzung des Waldes und die Erhaltung oder angemessene Erhöhung der Biodiversität.

Konsequenter prozeßorientierter Naturschutz, der faunistische Elemente einschließt, und Waldbau schließen sich aber aus.

Die Rechtfertigung des Kahlschlags durch vermeintliche Analogien mit natürlichen Katastrophen ist nicht stichhältig, da sich der Kahlschlag essentiell von natürlichen Störungen wie flächigem Windwurf oder Waldbrand unterscheidet.

Auch der klassische Plenterwald entspricht nicht der Dynamik von Urwaldökosystemen, da er einem quasi-statischen Zustand entspricht, der nur durch dauernde lenkende Eingriffe aufrecht erhalten werden kann.

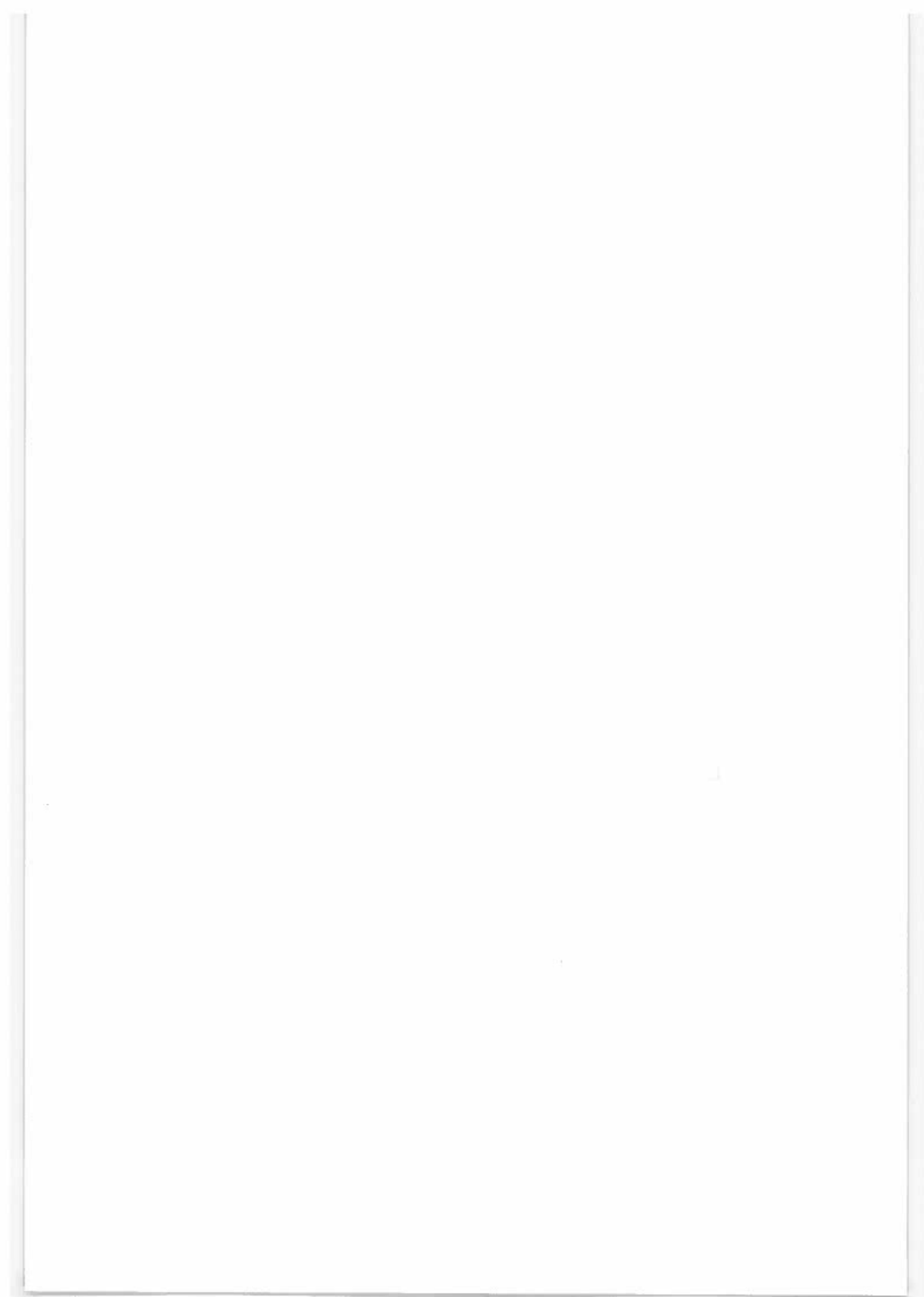
Waldbau und Naturschutz sind nur dann kein Gegensatz, wenn Naturschutzziele und Waldbauziele in ein gemeinsames Oberziel der multifunktionalen Waldwirtschaft integriert sind.

Klimaänderungen erfordern höhere Anpassungsfähigkeit der Ökosysteme und damit höhere Diversität, die durch Zulassung von Störungen erreicht werden soll. Klimaänderungen kann nicht durch heutige Aufforstung mit zukünftig nicht sicher angepaßten Baumarten begegnet werden.

8. Literatur

- COTTA H. 1817: *Anweisungen zum Waldbau*. Dresden, Arnold Verlag, Deutschland, 351 S.
- GLÜCK P. 1994: *Von der ökonomischen zur ökologischen Nachhaltigkeit*. Österr. Forstztg., 105:24-28.
- JEDICKE E. 1994: *Biotopverbund. Grundlagen und Maßnahmen einer neuen Naturschutzstrategie*. Stuttgart, Ulmer Verlag, Deutschland, 287 S.
- LEIBUNDGUT H. 1988: *Waldbau heute*. Bern/Stuttgart, Paul Haupt Verlag, Deutschland, 119 S.
- LEOPOLD A. 1992: *Am Anfang war die Erde: Plädoyer zur Umweltethik*. München, Kneesebeck Verlag, Deutschland, 190 S.
- MANG J. 1992: *Es geht ums Ganze. WWF-Naturschutzkonzept für Österreich*. WWF-Panda Warenversand Ges.m.b.H., Wien, 56 S.
- MINISTERIAL CONFERENCE ON THE PROTECTION OF FORESTS IN EUROPE 1993: *Ministerial Conference on the Protection of Forests in Europe, 16-17 June, Helsinki. Sound Forestry - Sustainable Development. Documents*.
- PLACHTER H. 1994: *Naturschutz in der Kulturlandschaft*. Vortrag anlässlich Österreichs einleitender Fachtagung zum Naturschutzjahr 1995, Graz, 5. Okt. 1994.
- REMMERT H. 1991: *Das Mosaik-Zyklus-Konzept und seine Bedeutung für den Naturschutz: Eine Übersicht*. Laufener Seminararbeit, 5:5-15.
- SCHERZINGER W. 1990: *Das Dynamik-Konzept im flächenhaften Naturschutz, Zieldiskussion am Beispiel der Nationalpark-Idee*. Natur und Landschaft 65:292-298.
- SCHERZINGER W. 1991: *Das Mosaik-Zyklus-Konzept aus der Sicht des zoologischen Artenschutzes*. Laufener Seminararbeit 5:30-42.
- SCHERZINGER W. 1994: *Großräumige Schutzgebiete - Ein geeignetes Instrument zur Sicherung natürlicher Dynamik in der Waldentwicklung*. Kurzfassung eines Vortrages der Arbeitstagung der Wienerwaldkonferenz am 27. Januar 1994 in Purkersdorf. In: VEREIN "FREUNDE DER WIENERWALDKONFERENZ ZUR ERHALTUNG DER WIENERWALD-LANDSCHAFT" (Hrsg.): "Urwälder" für die Zukunft: Naturwald-Reservate im Wienerwald. Purkersdorf, Eigenverlag, Österreich.
- THOMASUS H. 1992: *Grundlagen eines ökologisch orientierten Waldbaus*. Der Dauerwald, 7:2-21.

Verfasser: Dr. Georg Frank
Forstliche Bundesversuchsanstalt
Institut für Waldbau
Hauptstraße 7
A-1140 Wien



Kriterien zur Erhaltung forstlicher Genressourcen

TH. GEBUREK

Institut für Forstgenetik Forstliche Bundesversuchsanstalt

Kurzfassung

Die Erhaltung der genetischen Anpassungsfähigkeit in Waldbaumpopulationen ist von herausragender Bedeutung, wenn die prognostizierten Klimaänderungen tatsächlich eintreten sollten. Im Gegensatz zu statischen Verfahren der Generhaltung (z. B. der Saatgutlagerung) können nur dynamische Verfahren in Form von Generhaltungsbeständen und -reservaten (*in situ*-Beständen) diesem Anspruch gerecht werden. Diese müssen aber bestimmte Anforderungen erfüllen. Verschiedene zu berücksichtigende Kriterien für die zu wählende Größe der Genreservate und die Auswahl der Ausgangspopulation werden erwähnt. So wird gezeigt, daß für eine Deklaration von *in situ*-Beständen eine Mindestgröße von fünf Hektar (Reinbestand) nicht unterschritten werden darf. Anhand von Beispielen wird verdeutlicht, daß aufgrund des geographischen Differenzierungsmusters Generhaltungsmaßnahmen nicht für alle Baumarten in gleicher Weise durchzuführen sind. Um Waldbestände als erhaltungswürdige Genressourcen identifizieren zu können, sind neben biochemisch-genetischen Kenntnissen über die genetische Variation innerhalb und zwischen Waldbaumpopulationen auch Informationen über morphologische und streßbedingte Variation bedeutsam. Die Überlegungen schließen mit der Formulierung eines Konzeptes zur Erhaltung der genetischen Anpassungsfähigkeit, welches neben genetischen Kenntnissen (Isoenzyme, DNA), morphologische Variation und auch die Streßbelastbarkeit der Ausgangspopulationen implementiert

Stichworte: Anpassungsfähigkeit, Fichte, Generhaltung, Generhaltungskonzept, geographisch-genetische Variation, Isoenzyme

Abstract

Criteria to preserve forest gene resources

In view of global climatic change, the preservation of genetic adaptability of forest tree populations is crucial to long-term stability in forest ecosystems. In contrast to static means (e.g. seed banks), only dynamic gene conservation by establishments of forest gene reserves (*in situ*-stands) can fulfill this demand. Criteria for the minimal size and genetical requirements of gene reserves are mentioned. It is shown that for gene reserves a minimal area is required that should not be smaller than five hectares in a pure stand. Due to a spatial genetic differentiation that is to be expected to be species specific in the alpine region, conservation endeavor cannot be identical for different forest tree species. Since genetic markers (isozymes, DNA-polymorphisms) can potentially yield different information about genetic adaptive potential, variation at marker loci should not be exclusively used when gene reserves

have to be identified. Only together with other characteristics, such as morphological traits and/or resilience under stress, the potential genetic values of forest tree populations can be more thoroughly assessed. The considerations finally lead to a concept to preserve genetic adaptability which is based on variation at marker loci and above-mentioned traits.

Key words: adaptability, concept, gene conservation, geographic genetic variation, isozyme, Norway spruce

1. Einleitung

Weltweit werden durch Entwaldung, Immissionen und globale Klimaänderung Waldökosysteme in ihrer Existenz bedroht. Die Zunahme der Weltbevölkerung in den Entwicklungsländern und die Steigerung eines vermeintlichen Lebensstandards der Industrienationen fordern ihren Tribut. Allein im Tropenwald wird jährlich eine Fläche von 11 Millionen ha vernichtet (COMMITTEE ON MANAGING GLOBAL GENETIC RESOURCES 1991), und damit einer Fülle von Pflanzen- und Tierarten der Lebensraum entzogen. Ökonomische, ökologische und auch ethische Gründe machen es daher unumgänglich, pflanzengenetische Ressourcen für künftige Generationen zu erhalten. Noch bevor Pflanzenarten auf ihren potentiellen Nutzen, vor allem im medizinischen Sektor, untersucht werden können, werden aber bereits tausende von ihnen ausgestorben sein. Der eintretende wirtschaftliche Verlust ist *eo ipso* nicht quantifizierbar, muß aber vermutlich als hoch angesehen werden. Ökologische Katastrophen können zumindest lokal eintreten, auch wenn nur wenige Baumarten aussterben, die Schlüsselpositionen innerhalb eines Ökosystems haben. Und schließlich hat die lebende Generation eine ethische Verpflichtung die heute bestehende biologische Diversität zu erhalten. Die Erhaltung genetischer Ressourcen ist damit kein Selbstzweck des Naturschutzes oder anderer biologischer Disziplinen, sondern eine notwendige interdisziplinäre Aufgabe der Wissenschaft und Politik.

Noch vor etwa 10 Jahren hat die *Food and Agriculture Organization* der Vereinten Nationen (FAO) geschätzt, daß etwa 400 Baumarten zumindest in wesentlichen Teilen ihrer Areale existenziell gefährdet sind (FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION 1985). Heute muß bereits davon ausgegangen werden, daß allein mehr als 400 Koniferenarten, Unterarten und Varietäten im Fortbestand bedroht sind (FARJON ET AL. 1993). Diese Anzahl schließt aber solche Arten, die lokal bereits sehr selten geworden sind, wie z.B. *Taxus baccata*, nicht einmal ein.

Daher verwundert es nicht, daß auch auf internationaler Ebene genetische Diversität von Waldbaumarten als bedeutsam erachtet wird, wie überstaatliche Konventionen, die Biodiversitätskonvention (CONVENTION ON BIOLOGICAL DIVERSITY 1992) oder das Helsinki-Abkommen zum Schutz der nachhaltigen Nutzung europäischer Wälder (MINISTERIAL CONFERENCE ON THE PROTECTION OF FORESTS IN EUROPE 1993) zeigen. Mit der Ratifizierung dieser Abkommen besteht auch in Österreich für die Erhaltung forstlicher Genressourcen ein auf internationalen Übereinkommen basierender politischer Auftrag.

2. Was sind forstliche Genressourcen ?

Als Genressourcen im weitesten Sinne können alle Organismen oder Teile derselben bezeichnet werden, wie dies beispielsweise im Artikel 2 der Biodiversitätskonvention angeführt ist. Mit dieser Definition ist jedoch die Genressource gleichbedeutend mit biologischem Material, und kann daher nur wenig aussagekräftig sein. Deshalb ist eine Bezeichnung, welche die Genressource vom biologischen Material weiter abgrenzt, sinnvoller. Es wird daher als forstliche Genressource ein Kollektiv von Bäumen, Pflanzenteilen (z.B. Geweben), Samen, Pollen oder einzelnen klonierten DNA-Fragmenten verstanden, welches entweder eine spezifische genetische Information aufweist oder sich durch eine hohe genetische Diversität auszeichnet (ZIEHE ET AL. 1989).

3. Erhaltung forstlicher Genressourcen

Die Erhaltung forstlicher Genressourcen kann drei unterschiedliche Ziele verfolgen (ZIEHE ET AL. 1989)

1. Erhaltung der genetischen Anpassungsfähigkeit
Die Anpassungsfähigkeit der Waldbaumpopulationen basiert auf der genetischen Vielfalt und der genetischen Diversität; d.h. qualitative genetische Unterschiede an den Genloci (Allele vorhanden oder nicht vorhanden) als auch quantitative (unterschiedliche Allelfrequenzen) bestimmen maßgeblich die genetische Anpassungsfähigkeit. Mit zunehmenden Veränderungen der Umwelt muß dieses Ziel in besonderem Maße verfolgt werden.
2. Erhaltung von Populationen, die aus heutiger forstlicher Sicht wünschenswerte Eigenschaften aufweisen
Die forstliche Leistung von bestimmten Populationen, d.h. die durchschnittliche phänotypische Ausprägung ist das Ergebnis aus ihren genetischen Eigenschaften und der Umwelt. Ändern sich die Umweltbedingungen, so kann sich auch die Leistung der Population ändern. Es muß daher beachtet werden, daß die Leistungsermittlung immer nur retrospektiv erfolgen kann. Die Empfehlung, beispielsweise eine bestimmte Herkunft zu verwenden, basiert auf der Annahme, daß weder die Marktverhältnisse noch die Umwelt sich signifikant ändern. Diese Annahmen werden aber wohl nur sehr selten auch in der Realität eintreffen. Ein Generhaltungskonzept muß zwar solche aus heutiger Sicht erhaltungswürdige Populationen einschließen, darf aber nicht ausschließlich auf ihnen basieren.
3. Erhaltung unbekannter genetischer Diversität
Der ökonomische oder der ökologische Wert bestimmter genetischer Eigenschaften von Populationen ist angesichts der drastischen globalen Veränderungen auf lange Sicht nicht prognostizierbar. Jeder Verlust an genetischer Diversität kann daher potentiell auch ein ökonomischer und/oder ökologischer sein. Daher muß unabhängig vom derzeitigen oder zu erwartenden Wert einer Population, soviel genetische Information, wie es die Rahmenbedingungen zulassen, erhalten werden.

[1] Fachlich richtiger wäre es, wenn hier nicht die Leistung, sondern die phänotypische Responsfunktion genannt würde. Zum einfacheren Verständnis wird dieser genetische Fachbegriff im weiteren Text jedoch nicht benutzt.

3.1 Erhaltungsverfahren

Auf die verschiedenen Erhaltungsverfahren soll hier nur kurz eingegangen werden. Grundsätzlich wird bei der Konservierung von Genressourcen zwischen statischen und dynamischen Verfahren unterschieden. Bei statischen Verfahren wird versucht, evolutionäre Faktoren zu minimieren, sodaß sich die Häufigkeiten der Genotypen des Kollektivs möglichst nicht ändern. Wird von der Konservierung einzelner Gene abgesehen, kann eine statische Erhaltung durch die Einlagerung von Saatgut, Pollen und makro- bzw. mikrovegetativ vermehrtem Pflanzenmaterial erfolgen (MELCHIOR ET AL. 1986, LEDIG 1988). Bei vielen Koniferen kann die Einlagerung von Saatgut über viele Jahrzehnte unter geringem Verlust an Keimfähigkeit erfolgen, bei rekalkitranten Baumarten treten bereits nach wenigen Jahren hohe Keimfähigkeitsverluste auf (BONNER 1990). Voraussichtlich wird aber die Kryolagerung (Lagerung unter sehr niedrigen Temperaturen, meist in flüssigem Stickstoff -196° C) von rekalkitranten Arten *in praxi* künftig möglich sein (JØRGENSEN 1990). Obwohl die genetische Zusammensetzung von Saatgut aus Erhaltungssamenplantagen nicht von Jahr zu Jahr eine identische genetische Zusammensetzung aufweist, sind Erhaltungssamenplantagen eher den statischen Verfahren zuzuordnen.

Für die Erhaltung der genetischen Anpassungsfähigkeit ist die dynamische Genkonservierung geeignet. Sie erlaubt während der Konservierungsphase evolutionäre Änderungen der genetischen Zusammensetzung der Ressourcenpopulation. Baumarten sind wie kaum eine andere existierende Art aufgrund ihrer meist sehr großen natürlichen Verbreitungsgebiete einer großen räumlichen Umweltheterogenität ausgesetzt. Da Bäume zudem extrem lange leben, muß das einzelne Individuum eine hohe zeitliche Heterogenität der Umweltbedingungen tolerieren. Zur Existenzsicherung müssen die Art über eine große genetische Diversität (genetische Variation auf Populationsebene) und der einzelne Baum über einen hohen Heterozygotiegrad (genetische Variation auf Individualebene) verfügen, wie eindrucksvoll experimentelle Befunde bestätigen (HAMRICK ET AL. 1992).

3.2 Auswahl der erhaltungswürdigen Populationen

Da die Erhaltung eines Ökotyps *in praxi* immer nur anhand einer Stichprobe durchzuführen ist, stellt sich die Frage, welche Bestände für die Generhaltung auszuwählen sind. Bei landwirtschaftlichen Nutzpflanzen

richtet sich die Erhaltung ihrer Genressourcen oftmals auf Populationen, die eine oder wenige genetische Eigenschaften, z.B. bestimmte genetisch bedingte Resistenzen aufweisen. Während im Agrarbereich der Schutz bestimmter oftmals genetisch fixierter Eigenschaften die Generhaltungsmaßnahmen bestimmt, sollte im forstlichen Sektor die Erhaltung der genetischen Anpassungsfähigkeit angestrebt werden. Dies bedeutet, daß eine forstliche Genressource nicht aufgrund weniger spezifischen Gene, sondern aufgrund ihrer hohen genetischen Anpassungsfähigkeit zu erhalten ist. Da derartige genetische Informationen von Beständen meist nicht zur Verfügung stehen, basiert die Auswahl von forstlichen Genressourcen in vielen Ländern auf anderen Befunden. So wurde beispielsweise in Deutschland vorgeschlagen, bevorzugt Saatguterntebestände als Genressource zu deklarieren (BUND-LÄNDERARBEITSGRUPPE GENRESSOURCEN 1990). FINKELDEY (1992) hat zu Recht darauf hingewiesen, daß eine derartige Auswahl nicht zwangsläufig auch eine hohe genetische Anpassungsfähigkeit gewährleisten muß.

Kenntnisse über die genetische Diversität innerhalb und zwischen verschiedenen Populationen einer Baumart sind daher zwingend erforderlich. Die starke topographische Gliederung, die kleinräumig wechselnden pedologischen und klimatischen Verhältnisse Österreichs haben zu einer großen Vielfalt verschiedener Standorte geführt, welche eine starke geographische genetische Differenzierung erwarten lassen. Da sich die genetische Diversität auf das gesamte Genom bezieht, d.h. auf einige Zehntausend von Genen, kann deren wahre Größe nur stichprobenhaft geschätzt werden. Hier bietet sich der Einsatz von verschiedenen genetischen Markern (Isoenzyme und DNA-Polymorphismen) an.

Die Entscheidung, ob nun eine Population zu erhalten ist oder nicht, sollte jedoch nicht ausschließlich auf biochemisch-genetischen Untersuchungen basieren. Neben genetischen Befunden können auch Ergebnisse aus morphologischen und physiologischen Untersuchungen als Entscheidungshilfe dienen. Derzeit herrscht aber noch ein erheblicher Mangel an solchen koordinierten Untersuchungen.

3.3 Anpassungsfähigkeit und genetische Last

Genetische Anpassungsfähigkeit basiert auf dem Vorhandensein genetischer Varianten. Ist diese Anzahl hoch, so kann vereinfachend auch auf eine hohe Anpassungsfähigkeit geschlossen werden. Natürliche Auslese führt bei extremen Umweltbedingungen durch ei-

ne hohe Selektionsintensität zu einer Favorisierung solcher Bäume, deren Merkmalsausprägung zum Überleben beitragen. Entsprechend genetischer Modellvorstellungen werden etwa nahe der baumspezifischen Höhengrenze als Spezialisten eher reinerbige (= homozygote) Individuen vorzufinden sein, als unter Umweltbedingungen, welche an die Bäume keine speziellen Anforderungen stellen. Hohe Anpassungsfähigkeit ist daher i.d.R. mit niedriger Angepaßtheit einer Population gekoppelt. Umgekehrt wird ein Bestand aus genetischen Generalisten nicht unmittelbar, d.h. ohne genetische Rekombination solche "Höchstleistungen" vollbringen können, zu denen nur genetischen Spezialisten befähigt sind. Hohe Angepaßtheit und hohe Anpassungsfähigkeit können daher nicht gleichzeitig von einem Bestand erwartet werden. Das bedeutet, daß ein niedriger Grad an Angepaßtheit zugunsten einer höheren Anpassungsfähigkeit in einer Population vorliegen muß. In der Forstgenetik wird dieses Phänomen als genetische Last ("genetic load") bezeichnet. Ein bestimmter Genotyp trägt dann zur genetischen Last einer Population bei, wenn dessen Eliminierung die durchschnittliche Angepaßtheit der verbleibenden Individuen erhöhen würde. Wann kann sich die genetische Last einer Population ändern? Eine Änderung wird dann eintreten, wenn sich für eine Population mit einer bestimmten genetischen Zusammensetzung die Umweltbedingungen und/ oder wenn sich unter konstanten Umweltbedingungen die Häufigkeitsverteilungen der Gene (etwa durch Driftprozesse) ändern. Eine variierende Umwelt modifiziert stets die genetische Struktur. Diese genetische Änderung als Ausdruck des Anpassungsprozesses wird aber zeitlich immer etwas verzögert sein. Bei variierenden Umweltbedingungen kann daher ein Maximum der Angepaßtheit von der Population nicht erreicht werden. Ist aber die Umwelt konstant, so wird durch evolutionäre Kräfte die genetische Last minimiert und ist im Extremfall bei asexueller Vermehrung nicht mehr vorhanden. Basierend auf diesen Überlegungen kann eine hohe genetische Last in autochthonen Waldbaumpopulationen erwartet werden, die ein Areal besiedeln, welches rasche und/oder gravierende Umweltveränderungen aufweist. Dies gilt jedoch nur dann, wenn die genetische Variation durch eine starke Reduktionen der Populationsgröße (etwa während der Glazialzeit in den Refugialgebieten) nicht stark erodiert worden ist. Verringerte genetische Last

ohne Verlust an genetischer Diversität wird erreichbar, indem die zeitliche Umweltheterogenität durch eine räumliche ersetzt wird. In der Praxis ließen sich gemäß dieser Maxime statt einer Population von Generalisten mehrere kleinere Populationen von Spezialisten erhalten. Genetische Drifteffekte dürften jedoch nicht in hohem Maße wirksam werden (GREGORIUS 1991).

3.4 Wie groß sollten Ressourcenpopulationen sein ?

Grundsätzlich ist die Populationsgröße abhängig von dem noch zu tolerierenden genetischen Verlust während der Konservierung. Verschiedene genetische Modelle sind zur Klärung dieser Frage entwickelt worden. Die Größe der Ressourcenpopulation kann so bemessen werden, daß sich die Heterozygotie² über die Zeit nicht ändert (BROWN & MORAN 1979). Dies ist der Fall, wenn

$$H = 4N_{\text{eff}}u(1 + 4N_{\text{eff}}u)^{-1}$$

für

H = Heterozygotie im Gleichgewichtszustand der Population

N_{eff} = tatsächliche, d.h. in genetischen Sinne effektive Populationsgröße

u = Mutationsrate

gilt. Wird als Schätzung für die Heterozygotie (H) ein Wert von etwa 15 % für Waldbaumarten (vgl. HAMRICK ET AL. 1992) und als konservative Schätzung der Mutationsrate (u) ein Wert von 10^{-7} angenommen, so ergibt sich als Größe ein Populationsumfang von etwa $N_{\text{eff}} = 500\,000$ oder eine Mindestreservatsfläche von ca. 1700 ha, wenn die Bestockungsdichte etwa 300 Bäume pro ha beträgt. In der Regel werden Erhaltungsmaßnahmen auf eine bestimmte Zeit bezogen. Während dieser Erhaltungsdauer soll die Ressourcenpopulation mit einer verminderten genetischen Diversität überleben. Es ergeben sich dann nach GREGORIUS (1991)

$$N_{\text{eff}} = \left(\frac{\frac{1}{4}(1-s)}{(1-v)^{1/t} - \frac{1}{2}} - (1-v)^{1/t} + \frac{1}{2}(1+s) \right)^{-1}$$

[2] Diese genetische Kenngröße der individuellen genetischen Variation gibt die Anzahl der gemischterbigen (heterozygoten) Gene bezogen auf die untersuchten an.

für	
N	= effektive Populationsgröße
s	= Selbstbefruchtungsrate
v	= Verlust an genetischer Diversität während t Generationen
t	= Anzahl der Generationen

wesentlich geringere Größen der Ressourcenpopulationen. Für mittelfristige Anpassungsvorgänge wird wahrscheinlich ein Verlust von etwa 1 % der Diversität während der Generhaltungsmaßnahme nicht bedeutsam sein. Nimmt man etwa eine 10%ige Selbstbefruchtungsrate an und plant die Erhaltungsmaßnahme auf 10 Baumgenerationen, so ergibt sich dann ein effektiver Populationsumfang von etwa 523 Bäumen. Auch wenn die Mindestanzahl auf der Grundlage berechnet wird, daß alle Allele zumindest einmal in der Ressourcenpopulation mit einer bestimmten Wahrscheinlichkeit enthalten sein müssen, wird eine ähnliche Größenordnung des Umfanges ermittelt. Wenn zur Schätzung beispielsweise das Generhaltungsmodell von HERNANDEZ & CROSSA (1993) zugrunde gelegt wird, so sind bei einer Populationsgröße von etwa 500 Individuen alle Allele der Ausgangspopulation zumindest einmal auch in der Ressourcenpopulation vorhanden ($\alpha \leq 0,01$). Dies gilt für den Fall, daß an 150 Genloci, an denen zwei Allele mit gleichen Häufigkeiten angenommen wurden und ein drittes Allel nur selten mit einer Frequenz von 2% in der Ausgangspopulation vorhanden ist³. Die Anzahl 500 als kleinste überlebensfähige Population ergibt sich auch aus anderen Überlegungen (cf. GEBUREK 1992). Zu beachten ist jedoch, daß es sich bei der hier genannten Anzahl um die sog. effektive Populationsgröße handelt. Nicht die tatsächlich vorhandenen Individuen, sondern nur die an der Reproduktion beteiligten Individuen tragen zur effektiven Populationsgröße bei. Darüber hinaus können starke Reduktionen der effektiven Populationsgrößen, etwa durch Katastrophen, erfolgen. Die mittlere effektive Populationsgröße N_{eff} ergibt sich dann als

$$\frac{1}{N_{eff}} = \frac{1}{t} \left[\frac{1}{N_1} + \frac{1}{N_2} + \frac{1}{N_3} + \dots + \frac{1}{N_t} \right]$$

wenn $N_1, N_2, \dots, N_t$ dem Populationsumfang der ersten, zweiten bzw. letzten Generation entsprechen. Wird

beispielsweise angenommen, daß die Ressourcenpopulation mit der Größe von 500 Bäumen für 10 Generationen erhalten werden soll und nur während einer Generation etwa durch Schädlingsbefall die ursprüngliche Größe auf ein Zehntel reduziert wurde, ergibt sich approximativ als mittlere Populationsgröße lediglich ein Umfang von 263 Bäumen. Da ferner auch innerhalb eines Bestandes nur ein bestimmter Prozentsatz an Bäumen ihre Erbinformation zur nächsten Generation beiträgt, ist die o.g. Anzahl von 500 Individuen als kleinste Ressourcenpopulation im Umfang auf etwa 2000⁴ zu erhöhen. Damit werden Bestände unter fünf Hektar, selbst wenn die betreffende Baumart im Reinbestand dort vorkommt, diese minimalen Forderungen nicht erfüllen. Derartige Bestände sind daher für Generhaltungsmaßnahmen allein aufgrund zu geringer Größe nicht geeignet. In Nordamerika werden selbst unter Zulassung eines genetischen Managements wesentlich größere Bestände als notwendig erachtet: "With active intervention to maintain viable [forest tree] population, perhaps even controlled breeding and restocking, small areas of a few hundred hectares could function as a [gene] reserve" (LEDIG 1988).

Die Größe der Ressourcenpopulationen richtet sich aber auch nach der Baumart. Es ist offensichtlich, daß für eine Art, welche nur eine geringe genetische Variation aufweist, andere Genreservatsgrößen zu wählen sind als für Baumarten, welche genetisch bereits stark eingengt sind. So hat die Erhaltung einer Art mit großer genetischer Variation, wie beispielsweise der Kiefer (*Pinus sylvestris*), anders zu erfolgen als wenn eine Baumart bereits genetisch eingengt ist, wie z.B. die amerikanische Rotkiefer (*Pinus resinosa*). Während bei erstgenannter Baumart eine hohe genetische Diversität bei vergleichsweise geringer genetischer Last durch die Erhaltung zahlreicher und nachweislich genetisch differenzierter (!) Lokalpopulationen möglich ist, wird dieses Vorgehen allein aufgrund fehlender geographischer Differenzierung für letztgenannte Baumart als Generhaltungsmaßnahme ausscheiden. Für europäische Baumarten ist das heutige genetische Variationsmuster ein Resultat verschiedener natürlicher und anthropogener Faktoren. So ist die Anzahl und Größe der Refugialgebiete bedeutsam für die genetische Differenzierung durch evolutionäre

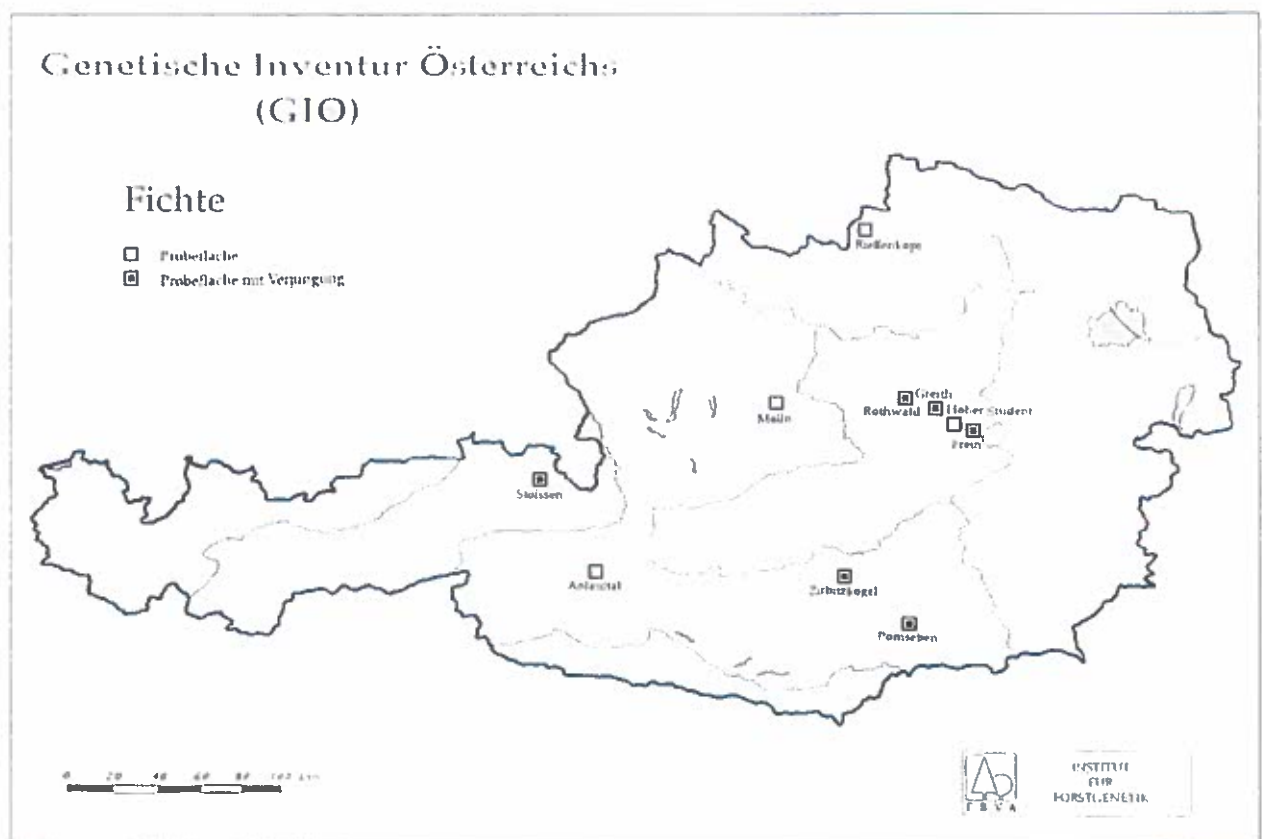
[3] Weist zum Vergleich eine Ressourcenpopulation, z.B. eine Samenplantage, nur 50 verschiedene Genotypen auf, so tritt ein genetischer Verlust unter o.g. Modellannahmen mit mehr als 99,9 % Sicherheit ein.

[4] Bei sehr seltenen Baumarten können u.U. 2000 verschiedene Einzelindividuen für Generhaltungsmaßnahmen nicht mehr innerhalb eines Landes zur Verfügung stehen. Ein internationaler Austausch der noch vorhandenen Genressourcen könnte dazu beitragen, die genetische Diversität der betroffenen Baumart zu erhalten

Einflußgrößen (Drift, Selektion, etc.). Damit in direktem Zusammenhang stehen die nacheiszeitlichen Einwanderungswege bei der Wiederbesiedlung eisfreier Lebensräume. Insbesondere im Alpenraum ist der Effekt unterschiedlicher Einwanderung noch heute genetisch feststellbar (BREITENBACH-DORFER ET AL. 1992). Letztlich hat aber die teilweise wahllose Verwendung von Saat- und Pflanzgut zu einer künstlichen Vermischung von Populationen geführt, wie viele experimentelle Befunde zeigen (u.a. KONNERT & FRANKE 1990). Generhaltungsmaßnahmen müssen daher die natürliche und anthropogene, baumartspezifische Differenzierung im Raum berücksichtigen. Hierzu hat BERGMANN (1991) interessante Mitteilungen gemacht. In 22 westdeutschen Beständen wurde das geographisch-genetische Differenzierungsmuster von Weißtanne (*Abies alba*) und Fichte (*Picea abies*) verglichen. Die untersuchten Fichtenbestände wiesen eine hohe genetische Variation innerhalb der Bestände auf (hohe Intrapopulationsvariation), zeigten aber nur geringe Unterschiede zwischen den Beständen (geringe Interpopulationsvariation). Demgegenüber war die genetische Variation innerhalb der Tannenbestände vergleichsweise gering (geringe Intrapopulationsdifferenzierung), während die Variati-

on zwischen den Beständen hoch war (hohe Interpopulationsdifferenzierung). Inwiefern diese Differenzierungen auch im Alpenraum zutreffen, kann noch nicht sicher beurteilt werden. Wird die Genpooledifferenzierung δ an solchen Genloci betrachtet, welche sowohl in den deutschen als auch in den schweizerischen (STUTZ 1990) bzw. italienischen Populationen (MORGANTE & VENDRAMIN 1991) untersucht wurden, so waren die alpinen Bestände in der überwiegenden Zahl stärker untereinander differenziert. Bisherige Ergebnisse der Genetischen Inventur Österreichs (GIO) bestätigen dieses geographische Differenzierungsmuster in österreichischen Beständen jedoch nicht. Bei sieben wahrscheinlich autochthonen Fichtenpopulationen (Abb. 1, Tab. 1) wurde zwar ebenfalls eine hohe genetische Variation mit mittleren beobachteten Heterozygotiegraden von 0,150 ermittelt, und auch die genetische Variation innerhalb der Bestände ist mit $F_{IS} = 0,04$ vergleichsweise hoch. Im Vergleich ist bei den untersuchten österreichischen Fichtenpopulationen die genetische Variation zwischen den Beständen mit $F_{ST} = 0,011$ (Abb. 2) sehr gering. Dieses Maß für die Interpopulationsvariation war in italienischen Bestände mehr als doppelt so groß (MORGANTE & VENDRAMIN 1991). Trotz vergleichsweise geringer

Abb. 1: Lage der Fichtenprobestände, die im Rahmen der GIO derzeit ausgewertet werden.



Tab. 1: Standörtliche Kenngrößen von sieben Fichtenprobebeständen der Genetischen Inventur Österreichs (GIO).

	Anlaufstal	Stoissen	Greith	Hoher Student	Rothwald	Pomseben	Rießenkopf
Wuchsgebiet	I	II	II	II	II	II	VI
Wuchsbezirk	3	A3	A4	A4	A4	B2	2
Wuchsraum	Innenalpen - Ost	Nördliche Randalpen - West	Nördliche Randalpen - Ost	Nördliche Randalpen - Ost	Nördliche Randalpen - Ost	Östl. Zwischenalpen - Süd	Wald- und Mühlviertel
Seehöhe	1 600 - 1 800 m	850 - 1 150 m	1 200 m	1 300 m	1 100 m	1 700 m	850 m
Geologischer Standort	Zentralalpine Granite-Gneise	Mesozoikum der nördl. und südl. Kalkalpen	Mesozoikum der nördl. und südl. Kalkalpen	Mesozoikum der nördl. und südl. Kalkalpen	Mesozoikum der nördl. und südl. Kalkalpen	Metamorphe Granite-Gneise	Böhmische Masse
Klimatischer Standort	Hochalpine Stufe feucht - kühl	Alpine Stufe feucht - ozeanisch	Alpine Stufe feucht - ozeanisch	Alpine Stufe feucht - ozeanisch	Alpine Stufe feucht - ozeanisch	Alpine Stufe feucht - ozeanisch	Pann. Klimatyp mäßig feucht-kühl

geographischer genetischer Differenzierung, quantifiziert als F_{ST} , ist bemerkenswert, daß sich die genetische Vielfalt (M) (Abb. 3) und die latenten genetischen Anpassungspotentiale (LP) (Abb. 4) zwischen den untersuchten Beständen deutlich unterscheiden. Dieser auf den ersten Blick erscheinende Widerspruch wird dadurch erklärbar, daß in den Beständen teilweise genetische Varianten (Allozyme) vorkommen, die nur in sehr geringen Häufigkeiten auftreten. Diese genetischen Varianten tragen damit nur wenig zur geographischen Differenzierung bei, beeinflussen jedoch genotypische Vielfalt und latente Potentiale merklich.

Sollten künftige österreichische Untersuchungen bestätigen, daß Fichte und Tanne im alpinen Bereich ähnlich differenziert sind, wie dies BERGMANN (1991) für deutsche, meist nicht alpine Populationen gezeigt hat, so wird dies bei Generhaltungsmaßnahmen zu berücksichtigen sein. Für die Baumart Fichte müßten dann bereits wenige, allerdings große Generhaltungsbestände ausreichend sein. Diese Generhaltungsbestände würden bereits einen Großteil des vom Menschen relativ stark beeinflussten Genpools umfassen. Diese Bestände müssen nicht unbedingt auch autochthon sein. Zusätzlich müßten einige autochthone Bestände als Generhaltungsbestände in Hochlagen ausgewiesen werden, die sich als genetisch differenziert erwiesen haben. Diese Vorgehensweise ist wahrscheinlich auch für die Weißkiefer (*Pinus sylvestris*) in Österreich zu verfolgen. Demgegenüber werden aber aufgrund der vermuteten lokalen Differenzierung bei *Abies alba*, *Fagus sylvatica* und *Quercus spec.* andere Erhaltungsmaßnahmen durchzuführen sein. Bei diesen Baumarten wird es erforderlich sein, viele verschiedene, möglichst autochthone Bestände bekannter genetischer Differenzierung zu erhalten. Diese Beispiele zeigen, daß Generhaltungsmaßnahmen nicht in gleicher Weise für alle Baumarten durchgeführt werden können. Ohne nähere Kenntnisse über die Genetik einer Baumart werden Maßnahmen zur ihrer Erhaltung meist nur unbefriedigend durchgeführt werden können.

4. Ein Konzept zur Erhaltung der genetischen Anpassungsfähigkeit von österreichischen Waldbaumpopulationen

Die Entscheidung, welche der österreichischen Waldbestände als Genressource Bedeutung haben, sollte im Gegensatz zu der Verfahrensweise der meisten anderen Länder auf experimentellen Befunden basieren.

Diese genetischen Kerninformationen werden anhand von Stichproben im Rahmen der Genetischen Inventur Österreichs (GIO) erarbeitet. Die Stichprobennahme in den Beständen erfolgt zum einen in Eigenregie. Ferner sollten auch bestimmte Samenproben, die im Rahmen regulärer Beerntungen gewonnen werden, genetisch analysiert werden. An biochemisch-genetischen Markern (Isoenzymen und DNA-Polymorphismen) können dann zunächst die genetischen Strukturen der jeweiligen Bestände ermittelt werden. Die Ergebnisse aus diesen biochemischen Untersuchungen stellen eine wesentliche, aber nicht die alleinige Grundlage für die später zu erfolgenden Maßnahmen dar. Da genetische Polymorphismen die notwendige Voraussetzung der genetischen Anpassungsfähigkeit sind, wird diesen genetischen Rohdaten jedoch besonderes Gewicht zukommen. Neben der Erfassung genetischer Variation an bestimmten Isoenzym- und DNA-Genloci sollte auch die Variation an morphologischen und eventuell physiologischen Merkmalen des jeweiligen Bestandes anhand der Samenprobe ermittelt werden. Insbesondere hier wird vorgeschlagen, die Streßbelastung unter kontrollierten Bedingungen zu überprüfen. So sollte es Ziel sein, das Pflanzenmaterial möglichst heterogenen Umweltbedingungen auszusetzen. Hierzu könnten wechselnde Umweltbedingungen durch verschiedene Streßbedingungen in Pflanzenwuchskammern simuliert werden, indem beispielsweise Trocken- mit Feuchtestreß unter variierenden suboptimalen Temperatur- und Lichtbedingungen abwechseln. Es kann

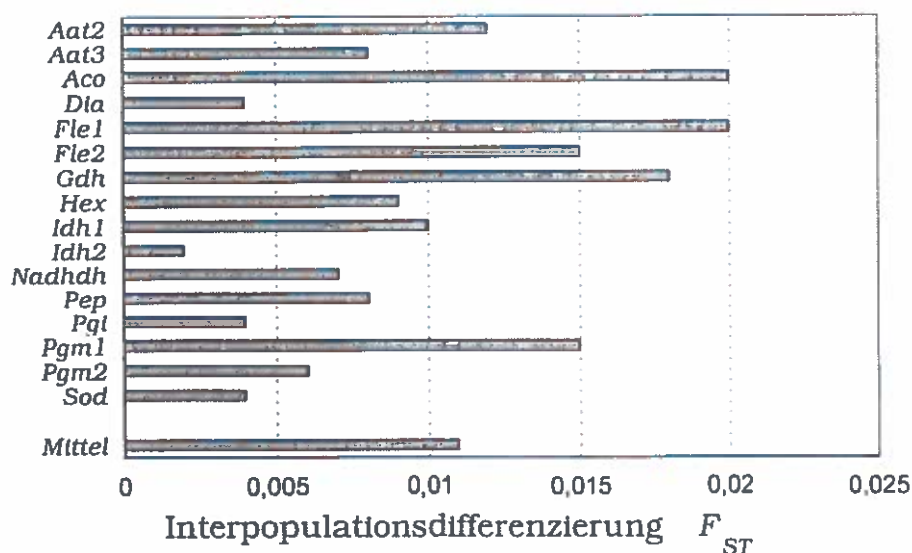


Abb. 2:
Genetische geographische Differenzierung in österreichischen Fichtenbeständen. Graphische Darstellung der genetischen Differenzierung (F_{ST}) in sieben vermutlich autochthonen Probebeständen (siehe auch Tab. 1)
(Aat - Aspartatamino-transferase, Aco - Aconitase, Dia - Diaphorase, Fle - fluoreszierende Esterase, Gdh - Glutamat-dehydrogenase, Hex - Hexokinase, Idh - Isocitratdehydrogenase, Nadhdh - Nicotinamid-adenin-dinucleotid-dehydrogenase, Pepca - Phosphoenolpyruvate-carboxylase, Pgi - Phosphoglucose-isomerase, Pgm - Phospho-glucomutase, Sod - Superoxiddismuante). Pro Bestand wurden etwa 100 Bäume genotypisiert.

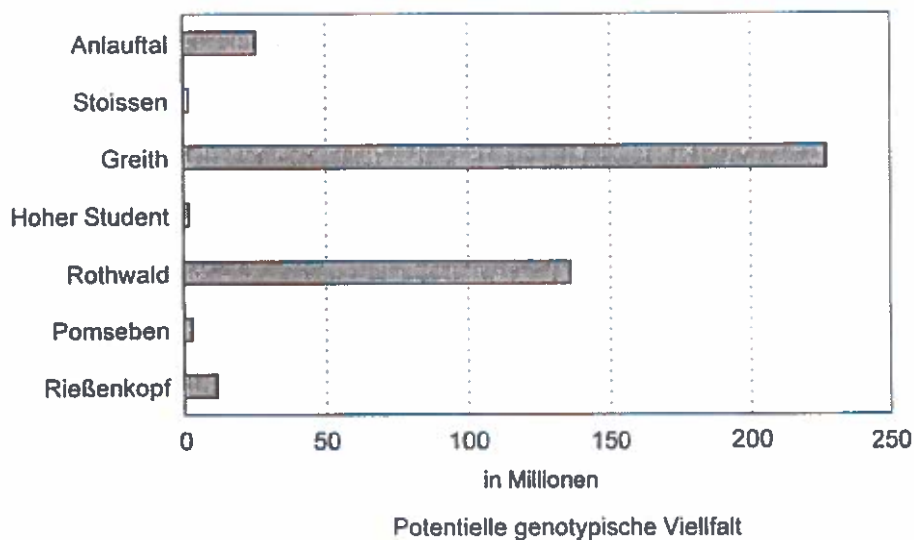


Abb. 3:
Potentielle genotypische Vielfalt in österreichischen Fichtenbeständen. Graphische Darstellung dieses genetischen Variationsmaßes in sieben vermutlich autochthonen Probebeständen (siehe auch Tab. 1).

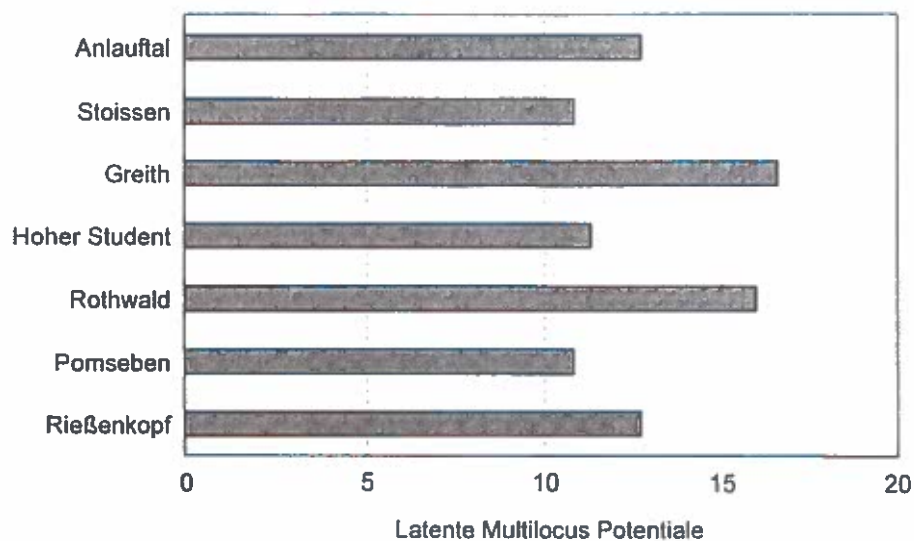


Abb. 4:
Graphische Darstellung der latenten genetischen Multilocus-Potentiale in sieben österreichischen Fichtenbeständen (siehe auch Tab. 1).

und soll nicht Ziel sein, in den Pflanzenwuchskammern natürliche Umweltbedingungen zu kopieren. Vielmehr soll die Abfolge verschiedener suboptimaler Lebensbedingungen lediglich dazu beitragen, genetisch variable von weniger variablen Sämlingskollektiven zu unterscheiden. Sind die basierend auf genetischen Markern berechneten Anpassungspotentiale hoch, zeigen Sämlinge der Samenproben bei morphologischen sowie gegebenenfalls physiologischen Untersuchungen eine hohe Variation, und toleriert das Pflanzenmaterial vergleichsweise hohe Streßbelastungen, so kann auf eine Waldbaumpopulation mit hoher genetischer Anpassungsfähigkeit geschlossen werden. Im Idealfall stehen auch Ergebnisse aus Feldversuchen zur Verfügung. Leider wird dies jedoch die Ausnahme sein.

Direkt meßbare genetische Variation an Enzym-Genloci, DNA-Polymorphismen, morphologische und physiologische Variation sowie Ergebnisse der Streßuntersuchungen sind Eingangsgrößen für eine Datenmatrix, die multidimensional skaliert werden könnte. So kann für den beernteten Ausgangsbestand die genetische Anpassungsfähigkeit, eine nicht direkt quantifizierbare Eigenschaft, evaluiert werden. Die hier skizzierte Vorgehensweise ist aber erst dann möglich, wenn das Samen- und Pflanzenmaterial, welche untersucht wurden, auch direkt vergleichbar sind. So ist beispielsweise Saatgut von Bestandesbeerntungen, das von einer unterschiedlichen Anzahl von beernteten Bäumen abstammt, die darüber hinaus u.U. unterschiedlich zum Saatgutaufkommen beigetragen haben, nicht geeignet. Voraussetzung ist, daß von einer Mindestanzahl von Bäumen eine jeweils getrennt gehaltene Saatgutprobe für die Untersuchungen zur Verfügung steht. Im novellierten Forstgesetz, Abschnitt XI, ist vorgesehen, bei bestandesbildenden Baumarten 20 Samenstichproben von einzelnen Bäumen zur Überprüfung der korrekten Beerntungsweise an die Forstliche Bundesversuchsanstalt (FBVA) einzusenden. Anhand von diesen Samenstichproben kann dann nicht nur überprüft werden, ob die Beerntung auch tatsächlich an der vom Gesetzgeber vorgesehenen Mindestanzahl von Bäumen erfolgte. Dieses Samenmaterial kann dann auch hinsichtlich genetischer Variation an verschiedenen Genen sowie morphologischer und stressbedingter Variation untersucht werden. Nur wenn einzelbaumweise geerntetes Saatgut für die Analysen zur Verfügung steht, können Befunde über die genetische Anpassungsfähigkeit des jeweils beernteten Bestandes gewonnen werden. Diese Informationen sind aber nicht nur für ein optimiertes Generhaltungsprogramm, sondern auch

hinsichtlich Verjüngungsfrage für den jeweiligen Forstbetrieb von großer Relevanz. Die experimentellen Befunde über die genetische Anpassungsfähigkeit werden dann im Rahmen der GIO dazu benutzt, um das geographisch-genetische Differenzierungsmuster zu ermitteln. Gebiete mit Waldbeständen, welche unterschiedliche Anpassungsfähigkeit aufweisen, werden identifiziert. Hierzu sind multivariate Verfahren, wie z.B. die kanonische Trendoberflächenanalyse [*canonical trend surface analysis* (CTSA)] (LEE 1969) geeignet.

Die identifizierten Gebiete könnten sodann vor Ort auf ihre Eignung als Generhaltungsbestand beurteilt werden. Lage des Bestandes, Erhaltungswürdigkeit der Population etwa aus naturschützerischer Sicht und auch die Besitzverhältnisse müßten dann im Hinblick auf die Eignung als genetische Ressource beurteilt werden. Konkrete und speziell auf den Einzelfall abgestimmte Regeln zur Bewirtschaftung, etwa um genetische Verluste oder unerwünschte Vermischung aus benachbarten Beständen zu vermeiden, Festlegung der Förderungswürdigkeit und die vertragliche Absicherung, den Bestand auch als Genressource zu nutzen, sollten festgelegt werden. Gegebenenfalls müssen auch Kern- und Pufferzonen des Generhaltungsbestandes ausgewiesen werden. Zur Identifizierung der Kernerhaltungszonen könnte ferner eine Analyse des genetischen Transferrisikos eingesetzt werden, wie dies bereits bei der Ausweisung von Generhaltungsbeständen vom *USDA-Forest Service* praktiziert wird (MILLAR & WESTFALL 1992). Schließlich wird der Bestand als Genressource deklariert. Hierbei sollte sich der Waldeigentümer verpflichten, für eine bestimmte Zeit den Bestand gemäß abgestimmter Richtlinien zu behandeln, welche die Erhaltung als Genressource langfristig sicherstellen. Da Nutzungsausfälle dieser Generhaltungsbestände durch die eingeschränkte Bewirtschaftung wohl kaum vermeidbar sein werden, muß aus Landes- und/oder Bundesmitteln der entgangene Ertrag ersetzt werden. Ist ein Bestand aufgrund lokaler Begutachtung als Generhaltungsbestand ungeeignet oder kann mit dem Eigentümer kein Übereinkommen erzielt werden, können alternative Gebiete aufgrund vorliegender Daten ausgewiesen werden.

Obwohl auch andere Konzeptionen zur Erhaltung forstlicher Genressourcen das erklärte Ziel verfolgen, genetische Anpassungsfähigkeit prioritär zu erhalten, basiert die Auswahl von Erhaltungsbeständen ausschließlich auf nichtgenetischen Merkmalen. So dienen z.B. naturnahe Bestockung eines Bestandes, Autochthonie oder die natürliche Verjüngung als wichtige

Auswahlkriterien. Diese Merkmale lassen zwar einen begrenzten Schluß über ihre Angepaßtheit an ihrem Standort zu, über die genetische Eigenschaft, sich von Generation zu Generation bei stark wechselnden Umweltbedingungen auch genetisch anzupassen, können diese Merkmale keine Hinweise liefern. So existieren autochthone Populationen mit hoher und auch niedriger genetischer Variation (Abb. 2, Abb. 3), wie bereits gezeigt wurde. Wenn es das Ziel ist, genetische Anpassungsfähigkeit zu erhalten, dann muß zumindest die Voraussetzung derselben, nämlich die genetische Diversität, auch quantifiziert werden und als Auswahlkriterium eine wesentliche Rolle einnehmen. In Österreich existiert für einige Wirtschaftsbaumarten oftmals ein Mosaik von autochthonen und nicht autochthonen Beständen. Dies gilt insbesondere in Tief- und Mittellagen. Es ist durchaus denkbar, daß die in der Vergangenheit häufig wahllose Verwendung von nicht autochthonem forstlichen Vermehrungsgut künstlich die Anpassungsfähigkeit erhöht hat. Ebenso ist aber auch das Gegenteil möglich. Aussagen über die genetische Anpassungsfähigkeit von Beständen, welche genetisch bisher noch nicht analysiert wurden, müssen daher spekulativ bleiben. Da das wissenschaftliche Instrumentarium, genetische Diversität zu bestimmen, vorhanden ist, sollte es auch entsprechend zum Nutzen des österreichischen Waldes eingesetzt werden. Darüber hinaus können durch das stetige Monitoring der genetischen Diversität, Veränderungen der genetischen Eigenschaft der Waldbaumpopulationen, sich anzupassen, erkannt werden. Sollten Veränderungen eintreten, lassen sich Maßnahmen der Generhaltung unmittelbar modifizieren. Der Gesetzgeber käme mit einer Realisierung einer solchen Konzeption zur Erhaltung der genetischen Anpassungsfähigkeit der internationalen Verpflichtung nach, genetische Diversität sehr bedeutsamer Organismen über die Zeit zu "kontrollieren" [cf. Artikel 7 der Biodiversitätskonvention (CONVENTION ON BIOLOGICAL DIVERSITY 1992)]. Da die Entscheidung, einen Bestand als eine Genressource erklären zu müssen, auf experimentellen Befunden basiert, welche die genetische Diversität quantifizieren, ist die Realisierung dieses Konzeptes zwangsläufig teurer als andere Generhaltungskonzepte, welche genetische Ergebnisse nicht als die entscheidenden Komponenten vorsehen. Zudem ist das vorgestellte Konzept nur dann realisierbar, wenn die Probennahme im Rahmen der regulären Beerntungen erfolgt. Hierzu ist aber die einzelbaumweise Beerntung und die Getrennthaltung von Saatgut von mehreren Bäumen pro Bestand zwingend erforderlich. Nur dann ist die Evaluierung der genetischen Diversität und auch die Bestimmung

der physiologischen Anpassungsfähigkeit unter Laborbedingungen hinreichend aussagekräftig. Es wird nicht für alle beernteten Bestände möglich und auch nicht sinnvoll sein, die genetischen Kenngrößen zu ermitteln. Die konzeptionierte Vorgehensweise würde es aber ermöglichen, vergleichsweise rasch Aussagen über die genetische Anpassungsfähigkeit der österreichischen Waldbestände zu machen.

5. Schlußfolgerungen

Nicht die Umweltänderung an sich, sondern deren prognostizierte Schnelligkeit wird an die Anpassungsfähigkeit der Waldbaumarten in den kommenden Jahrzehnten besondere Anforderungen stellen. Obwohl der in Österreich vorhergesagte Klimawandel der kommenden Jahrzehnte nur in ungünstigen Fällen lediglich einzelne Lokalpopulationen existentiell gefährden wird, werden die über die natürliche Schwankungsbreite hinausgehende Änderung der Umweltbedingungen dennoch gravierende evolutionäre Prozesse in Waldbeständen zur Folge haben. Die jährliche Veränderung der Umwelt wird zwar nur (sehr) gering sein, dennoch können verschiedene nur leicht veränderte Umweltkomponenten synergistisch auf die genetische Zusammensetzung einer Population einwirken. Genetische Änderungen der Waldbaumpopulationen stehen somit außer Frage. Auch autochthone Waldbaumpopulationen, die unter natürlichen Bedingungen ein hohes Maß an Angepaßtheit aufweisen, werden nur noch suboptimal an die jeweils herrschenden Umweltbedingungen angepaßt sein. Da *in situ*-Maßnahmen (z.B. Genreservate) genetische Diversität unter sich ändernden Umweltbedingungen besser als andere Verfahren erhalten können, ist eine dynamische Generhaltung für die langfristige Generhaltung von Waldbaumpopulationen anzuwenden (YANG & YEH 1992, ERIKSSON ET AL. 1993).

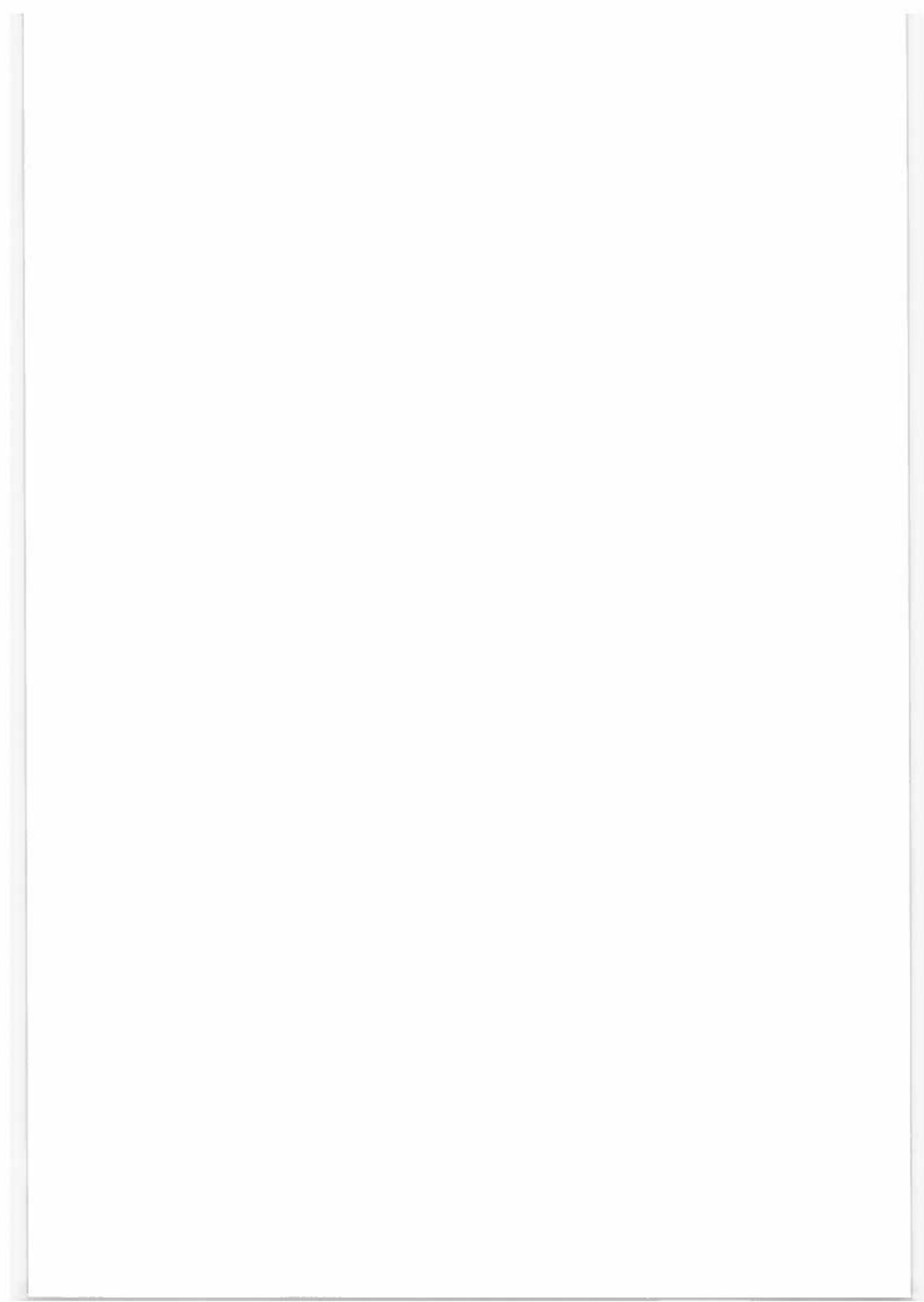
THE NEED IS CLEAR, BUT
THE TASK ENORMOUS,
AND TIME IS RUNNING OUT.

F. Thomas Ledig
(Direktor des USDA-Institute of Forest Genetics,
Berkeley, USA)

6. Literatur

- BERGMANN F. 1991: *Causes and consequences of species-specific genetic variation patterns in European forest tree species: examples with Norway spruce and silver fir*. In: MÜLLER-STARCK G. & ZIEHE M. (eds.): *Genetic Variation in European Populations of Forest Trees*. Frankfurt a.M., Sauerländer's Verlag, Deutschland, 192-204.
- BONNER F.T. 1990: *Storage of seeds: Potential and limitations for germplasm conservation*. *For. Ecol. Manage.*, 35:35-43.
- BREITENBACH-DORFER M., PINSKER W., HACKER R. & MÜLLER F. 1992: *Clone identification and clinal allozyme variation in populations of Abies alba from the eastern alps (Austria)*. *Pl. Syst. Evol.*, 181:109-120.
- BROWN A.H.D. & MORAN G.F. 1979: *Isozymes and the genetic resources of forest trees*. In: CONKLE M.T.H. (techn. coord.): *Isozymes of North American Forest Trees and Forest Insects*. USDA Forest Service. Gen. Techn. Rep. PSW-48, 1-10.
- BUND-LÄNDERARBEITSGRUPPE GENRESSOURCEN 1990: *Bund-Länder Arbeits-gruppe "Erhaltung forstlicher Genressourcen". Konzept zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland*. *Forst und Holz*, 44:379-404.
- COMMITTEE ON MANAGING GLOBAL GENETIC RESOURCES 1991: *Managing Global Genetic Resources, Forest Trees*. Committee on Managing Global Genetic Resources, Board of Agriculture, National Research Council, Washington, National Academy Press, USA., 228 p.
- CONVENTION ON BIOLOGICAL DIVERSITY 1992: *United Nations Environment Programme, Convention on Biological Diversity*, 5 June 1992, UNEP/ Bio.Div/Conf/L. 2.
- ERIKSSON G., NAMKOONG G. & ROBERTS J.H. 1993: *Dynamic gene conservation for uncertain futures*. *For. Ecol. Manage.*, 62:15-37.
- FARJON A., PAGE CH.N. & SCHELLEVIS N. 1993: *A preliminary list of threatened conifer taxa*. *Biodiversity and Conservation*, 2:304-326.
- FINKELDEY R. 1992: *Auswahlkriterien und Anlage genetischer Ressourcen bei der Fichte (Picea abies [L.] Karst.)*. *Forstarchiv*, 63:25-32.
- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION 1985: *Report of the sixth session of the FOA Panel of experts on forest gene resources*. FGR/5/Report, Rome, Italy, Food and Agriculture Organization.
- GEBUREK, TH. 1992: *Wie groß sollten Populationen sein, um bedrohte Tier- und Pflanzenarten zu erhalten?* *Allg. Forst- Jagdztg.*, 163:129-133.
- GREGORIUS H.-R. 1991: *Gene Conservation and the preservation of adaptability*. In: SEITZ A. & LOESCHKE V. (eds.): *Species Conservation: A Population-Biological Approach*. Basel/Boston/Berlin, Birkhäuser-Verlag, Schweiz, 31-47.
- HAMRICK J.L., GODT, M.J.W. & SHERMAN-BROYLES S.L. 1992: *Factors influencing levels of genetic diversity in woody plants species*. *New Forests*, 6:95-124.
- HERNANDEZ C.M. & CROSSA J. 1993: *A program for estimating the optimum sample size for germplasm conservation*. *J. Heredity*, 84:85-86.
- JORGENSEN J. 1990: *Conservation of valuable gene resources by cryo-preservation in some forest tree species*. *J. Plant Physiol.*, 136:373-376.
- KONNERT M. & FRANKE A. 1990: *Nachkommenschaftsprüfung und Generhaltung von Fichtenbeständen im Schwarzwald*. In: HATTEMER H.H. (Hrsg.): *Erhaltung forstlicher Genressourcen*. Frankfurt a.M., Sauerländer's Verlag, Deutschland, 165-177.
- LEE P.J. 1969: *The theory and application of canonical trend surfaces*. *J. Geology*, 77:303-318.
- LEDIG F.TH. 1988: *The conservation of diversity in forest trees*. *Bio-Science*, 38:471-479.
- MELCHIOR G.H., MUHS H.-J. & STEPHAN B.R. 1986: *Tactics for the conservation of forest gene resources in the Federal Republic of Germany*. *For. Ecol. Manage.*, 17:73-81.
- MILLAR C.I. & WESTFALL R.D. 1992: *Allozyme markers in forest genetic conservation*. *New Forests*, 6:347-371.
- MINISTERIAL CONFERENCE ON THE PROTECTION OF FORESTS IN EUROPE 1993: *Ministerial Conference on the Protection of Forests in Europe*, 16-17 June 1993, Helsinki.
- MORGANTE M. & VENDRAMIN G.G. 1991: *Genetic variation in Italian Populations of Picea abies (L.) Karst. and Pinus leucodermis Ant.*. In: MÜLLER-STARCK G. & ZIEHE M. (eds.): *Genetic Variation in European Populations of Forest Trees*. Frankfurt a.M., Sauerländer's Verlag, Deutschland, 205-227.
- STUTZ H.P. 1990: *Eigenschaften und Ursachen der genetischen Differenzierung der Fichte im Wallis*. In: HATTEMER H.H. (Hrsg.): *Erhaltung forstlicher Genressourcen*. Frankfurt a.M., Sauerländer's Verlag, Deutschland, 99-114.
- YANG R.-C. & YEH F.C. 1992: *Genetic consequences of in situ and ex situ conservation of forest trees*. *For. Chronicle*, 68:720-729.
- ZIEHE M., GREGORIUS H.-R., GLOCK H., HATTEMER H.H. & HERZOG S. 1989: *Gene resources and gene conservation in forest trees: General concepts*. In: SCHOLZ F., GREGORIUS H.-R. & RUDIN D. (eds.): *Genetic Effects of Air Pollutants in Forest Tree Populations*. Berlin/Heidelberg/New York/Tokyo, Springer-Verlag, Deutschland, 173-189.

Verfasser: DDr. habil. Thomas Geburek
Forstliche Bundesversuchsanstalt
Institut für Forstgenetik
Hauptstraße 7
A-1140 Wien



Maßnahmen der Gen-Erhaltung in Österreich

R. LITSCHAUER

Institut für Waldbau, Forstliche Bundesversuchsanstalt Wien

Kurzfassung

Im Rahmen eines Gemeinschaftsprojektes der Forstlichen Bundesversuchsanstalt werden seit 1986 Maßnahmen zur Erhaltung der genetischen Vielfalt des Waldes im gesamten Bundesgebiet gesetzt. Der Handlungsbedarf wird aufgrund bereits länger andauernder Einengungen der genetischen Vielfalt, Entmischungstendenz, ungeeigneter Bewirtschaftungsformen und Umweltbelastungen sowie in letzter Zeit zusätzlich durch drohende Klimaveränderungen noch verstärkt.

Die Zielsetzung und die Vorgangsweise werden eingehend dargestellt, die zukünftigen Schwerpunkte der forstlichen Gen-Erhaltung in Österreich beschrieben. Bisher gesetzte Maßnahmen werden in Tabellenform wiedergegeben.

Schlüsselworte: Gen-Erhaltung, Gen-Erhaltungswälder, Samenbank, Erhaltungsplantagen.

Abstract

Measures for gene-conservation in Austria

In 1986, the joint project "Measures to Conserve Genetic Multiplicity in Forests" was launched by the Federal Forest Research Centre. Continuing gene erosion in forests, tendency to pure stands, inappropriate silvicultural managements, air pollution, and additionally climate change during the last years make further-reaching actions necessary. The concept to conserve forest gene resources is thoroughly described and future main conservation means in Austria are proposed. Previous conservation measures are presented in tables.

Key words: gene conservation, seed bank, in-situ stands, forest gene resources, conservation orchards.

1. Genetische Vielfalt

Die Basis für stabile Wälder liegt in der Artenvielfalt. Genetische Vielfalt innerhalb der Arten ist die Grundlage für deren Anpassungsfähigkeit und für die andauernde evolutionäre Entwicklung. Besonders in einem Land wie Österreich, mit markanter naturräumlicher Gliederung, im Einflußbereich mehrerer Klimaregionen sowie differenzierter Umwelt- und Wettbewerbsverhältnisse, führten diese natürlichen Bedingungen zu genetisch reichlich gegliederten Strukturen innerhalb der einzelnen Waldgesellschaften (MÜLLER, 1993). Seit Beginn der intensiven Waldnutzung treten immer stärkere anthropogene Einflüsse in den Vordergrund:

Genetisch stabile, naturnahe Wälder wurden durch instabile "naturferne" Wälder ersetzt (NATHER, 1990). Durch Kahlschlagbetrieb und künstliche Verjüngung mit oft fragwürdigen und ungeeigneten Herkünften kam es sukzessive, nicht nur regional, zu beträchtlichen Einengungen der Baumartenvielfalt bis zum Aufbau von wirtschaftlich erwünschten Reinbeständen. Waldweide, Berg- und Walddourismus in allen Erscheinungsformen sowie überhöhte Schalenwildbestände verstärken diese Auswirkungen zusätzlich und erschweren eine naturnahe Waldbewirtschaftung.

Bei kommender oder bereits stattfindenden Änderung der Umweltbedingungen ist die genetische Mannigfaltigkeit Grundlage für das Überleben der Baumarten.

Die Sorge um die Erhaltung der genetischen Vielfalt der Tier- und Pflanzenarten hat weltweit seit den Empfehlungen durch die von der FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION (FAO) 1975 veröffentlichte Studie "On the Methodology of Conservation of Forest Genetic Resources" zugenommen. Sie war sowohl ein zentrales Thema bei der Konferenz über Umwelt und Entwicklung in Rio de Janeiro im Juni 1992 als auch bei den Ministerkonferenzen zum Schutz der Wälder Europas 1990 in Straßburg und im Juni 1993 in Helsinki. In Helsinki haben 37 europäische Staaten "Allgemeine Leitlinien für die Erhaltung der biologischen Vielfalt der europäischen Wälder" unterzeichnet, die zum Ziel haben, die Vielfalt von Ökosystemen zwischen den Arten und innerhalb der Arten zu erhalten und angemessen zu fördern. Gleichzeitig hat die Kommission der EG einen Verordnungsentwurf erarbeitet, um die Aktivitäten zur Generhaltung zu koordinieren (KLEINSCHMIT, 1994).

In Europa entwickeln sich erst jetzt Strukturen für eine internationale Zusammenarbeit auf dem Gebiet der Erhaltung forstlicher Genressourcen. Daher soll am Beispiel Österreichs das Vorgehen bei der Sicherung der genetischen Vielfalt im Wald beschrieben und der derzeitige Stand der Arbeiten kurz dargestellt werden.

2. Maßnahmen der Generhaltung

2.1 Konzept

Erste sichtbare Waldschädigungen zu Beginn der Achtzigerjahre führten vorerst zur Bildung einer Arbeitsgruppe "Waldzustandsinventur", bestehend aus dem Forstpersonal der Bundesländer unter Anleitung der FBVA, die die erforderlichen Dauerbeobachtungsflächen einrichtete, um so das Schadensausmaß und die Veränderungen des Waldzustandes möglichst aktuell darstellen zu können. Andererseits wurde im Jahre 1984 bereits ein Symposium über Möglichkeiten und Grenzen der Sanierung immissionsgeschädigter Waldökosysteme abgehalten. Schon hier konnten Grundsätze auf einer breiten Basis erarbeitet und somit die Weichen für generhaltende Maßnahmen gestellt werden. Als forstgenetische und waldbauliche Schlußfolgerungen aus diesem Symposium wurden angeführt:

- Maßnahmen zur Erhaltung stabiler Wälder (Gen-substanz, Standortszustand),
- Maßnahmen zur Erneuerung der Bestände,
- Maßnahmen der Bewirtschaftung.

Im Zuge dieser Zusammenstellung kann nur ein Überblick der Generhaltungsmaßnahmen vermittelt werden. Im Vorstadium dieses Projektes wurden bereits 1984 von einer Expertengruppe (HOLZER, LANG & NATHER) die wesentlichen Grundzüge der Erhaltungsbeiträge erarbeitet und drei Erhaltungsschwerpunkte dargelegt:

- Abgrenzung von Genreservaten (in situ) - Ökosysteme sollen durch Naturverjüngung erhalten werden.
- Aufbau von Samenbanken - Beerntung von mindestens einigen hundert Bäumen aus jeder regionalen Einheit und Einlagerung der Samen.
- Errichtung von Erhaltungsplantagen und Klonarchiven (ex situ).

Schließlich wurde anlässlich einer Besprechung im Bundesministerium für Land- und Forstwirtschaft am 4. März 1986 an der Forstlichen Bundesversuchsanstalt eine Arbeitsgruppe (ECKHART, HOLZER, MÖLLER, NATHER & SCHULZE) gebildet, mit der Zielsetzung, ein Konzept für die "Erhaltung der genetischen Vielfalt" auszuarbeiten.

Primäres Ziel des Erhaltungskonzeptes ist es, Erhaltung und Nutzung miteinander zu verknüpfen. Dies ist insbesondere bei den seltenen Baumarten von herausragender Bedeutung. Solche, oft nur mehr sporadisch eingestreute Baumarten müssen abgepfropft und zu Samenplantagen zusammengeführt werden,

die dann auch wieder Material für die forstliche Praxis liefern können. Viele dieser Nebenbaumarten haben wirtschaftlich ein sehr viel höheres Potential, als in der Vergangenheit angenommen wurde. Vogelkirsche und Elsbeere z.B. können Holzpreise erzielen, die guten Furniereichenpreisen entsprechen (KEINSCHMIT, 1994).

Wegen der speziellen Eigenschaften von Waldbäumen muß die Erhaltung am Ort (in situ) Vorrang haben, bei der die Baumarten den Einflüssen der natürlichen Auslese unterworfen bleiben und die Evolutionsprozesse fort dauern. Allerdings kann diese Art der Erhaltung nur bei den Hauptbaumarten zum Ziel führen, die noch große Populationen bilden. Wesentlich für ein brauchbares Erhaltungskonzept ist die Kenntnis über die Verbreitung der Baum- und Straucharten einerseits, aber auch das Wissen von den möglichen genetischen Strukturen andererseits. Es liegen seit den Anfängen forstgenetischer Untersuchungsmethoden, die bis ins vorige Jahrhundert zurückreichen, zahlreiche Befunde zur Gliederung und Abgrenzung von Standortsrassen oder Ökotypen vor, die in jüngster Zeit durch Anwendung biochemischer Verfahren ergänzt werden (GEBUREK, 1992).

Nur solange noch ursprüngliche, autochthone Populationen zur Verfügung stehen, werden Gen-Erhaltungsmaßnahmen aussichtsreich sein. Da sie nicht nur in einigen geschützten Waldgebieten und von einzelnen Institutionen durchgeführt werden können, ist die Sicherung genetischer Ressourcen nur durch Mitwirkung der gesamten Forstwirtschaft des Bundesgebietes zu erreichen.

2.2 Gen-Erhaltungswälder

Aus waldbaulicher Sicht wird Österreich in Wuchsgebiete, Herkunftsgebiete und vertikal in Höhenstufen mit einer entsprechenden Anzahl "Natürlicher Waldgesellschaften" gegliedert. Bei der Auswahl von Beständen für "in situ"-Maßnahmen wird darauf geachtet, daß möglichst viele dieser natürlichen Wuchseinheiten und Gesellschaften im Erhaltungsprogramm Berücksichtigung finden. Diese Vorgangsweise gewährt bei noch fehlender Inventur genetischer Strukturen noch am sichersten die stichprobenweise Erfassung der genetischen Mannigfaltigkeit. Rand- und Reliktpopulationen sowie Sonderstandorte sollen sogar überrepräsentiert sein, weil die Gefahr von Verlusten seltener Genkombinationen besonders groß ist. Bei guter Verteilung sollten mindestens ca. 3-5% der österreichischen Waldfläche als Erhaltungswälder (-bestände) erfaßt werden (NATHER, 1990).

Die Vorgangsweise und Auswahlkriterien für die Aufnahme von möglichen Erhaltungswäldern in das Erhaltungskonzept wurden von der Projektgruppe der FBVA erarbeitet und in einem eigenen FBVA-Bericht (MÜLLER, 1993) veröffentlicht:

- Unterscheidung je nach Ausschluß oder Einbeziehung von Nutzungs- und Bewirtschaftungsmaßnahmen,
- Größe der Erhaltungseinheit
- Gen-Reservate für ausgedehnte Waldgesellschaften (ab ca. 30 - 100 ha) mit weitgehend eigenständiger Dynamik,
- Gen-Erhaltungsbestände für kleinflächig auftretende Waldgesellschaften (ab 3 - 5 ha) mit eingeschränkter eigenständiger Entwicklung,
- Bestandeszellen (< 3 ha) für seltene Baumarten oder Reliktbestände.
- Baumartenzusammensetzung, Bestandesaufbau und Struktur. Zur Bewertung werden die Merkmale der auf den Standort bezogenen "Natürlichen Waldgesellschaft" herangezogen,
- Bodenständigkeit und Vitalität,
- Repräsentanz der natürlichen Waldgesellschaften und Höhenstufen,
- Möglichkeiten der Naturverjüngung.

Die genannten Merkmale bestimmen die Erhaltungskonzeption und bei bewirtschafteten Wäldern die erforderlichen waldbaulichen Maßnahmen.

Nach Möglichkeit wird die Naturverjüngung als einfachste, kostengünstigste und wirkungsvollste Maßnahme zur Weitergabe genetischer Information an nachfolgende Generationen genutzt. Durch Naturverjüngung wird auch eine dynamische Anpassung der genetischen Strukturen an Umweltänderungen erreicht. Zur Erzielung dauerhafter, selbstregulierender Gleichgewichtszustände und zur Entwicklung erwünschter gestufter Bestandesstrukturen mit kleinflächigem Wechsel von Keim- und Anwuchsbedingungen sind die einzelnen Naturverjüngungsverfahren unterschiedlich zu werten.

Entscheidende Kriterien zur Beurteilung des Gen-Erhaltungserfolges sind die Dauer des Verjüngungszeitraumes und die Kontinuität der Verjüngung. Je länger der Verjüngungszeitraum, desto größer ist die Wahrscheinlichkeit, daß die volle genetische Information in der Folgegeneration repräsentiert wird.

Stufigkeit der Bestandesstrukturen, räumliche Verteilung der in Konkurrenz befindlichen Individuen von Jungwüchsen sowie Durchforstungsrichtlinien bestimmen das Ausmaß möglicher Verluste an gene-

tischer Variation durch Auswahlvorgänge während der Bestandesentwicklung.

In großflächig gleichaltrig aufgebauten Jungwuchsstadien entsteht durch verschärften Selektionsdruck eine vermehrte Reduktion wuchsunterlegener Individuen, daher sind Plenterung und gestaffelte Femelschlagverfahren für die Zwecke der Gen-Erhaltung geeigneter als Saum- und Schirmschlagverfahren.

Gemäß den Richtlinien für die Förderung forstlicher Maßnahmen an Bundesmitteln besteht die Möglichkeit, Mittel zur Verjüngung von Erhaltungsbeständen und Naturwaldgesellschaften zur Sicherung der genetischen Vielfalt der forstlichen Baumarten nach Maßgabe eines diesbezüglichen Projektes der FBVA in Anspruch zunehmen.

2.2.1 Auswahl von Erhaltungswäldern

Vorschläge zur Aufnahme eines Gen-Erhaltungswaldes in das Projekt "Erhaltung der genetischen Vielfalt", können vom Waldbesitzer oder von der Forstbehörde nach Zustimmung des Waldbesitzers bei der FBVA, Institut für Waldbau, eingebracht werden. Diese Meldungen werden nach entsprechender Terminvereinbarung anlässlich einer gemeinsamen Begehung (Waldeigentümer, Forstbehörde, FBVA) auf Eignung geprüft. Wird aufgrund der Besichtigung die vorgeschlagene Erhaltungseinheit als geeignet beurteilt, so erfolgt nach Zustimmung des Eigentümers eine Aufnahme standortsbezogener und waldbaulicher Merkmale sowie deren Abspeicherung in der Datenbank der FBVA. Dem Waldbesitzer wird über die Forstbehörde nach durchgeführter Registrierung eine entsprechende Mitteilung einschließlich Kurzfassung der Erhebungsdaten ausgefolgt. Sind zusätzliche Maßnahmen zur Sicherung der Erhaltungseinheit vorgesehen, so werden diese in einem Beilagenblatt aufgelistet.

Grundsätzlich sollte bei Auswahl und Abschätzung von Prioritäten keine Reihung nach "Wertigkeiten" einzelner Waldgesellschaften erfolgen, aber bestimmten Ökotypen, die aufgrund ihrer Seltenheit, ihres reliktschen Charakters (Reliktgesellschaften inneralpiner Wuchsgebiete), ihrer Lage am Arealrand oder auf Sonderstandorten mit extremen Umweltbedingungen sollte besondere Beachtung geschenkt werden. Diese Einheiten sind infolge der hohen Wahrscheinlichkeit des Verlustes seltener Gen-Kombinationen besonders gefährdet (MÜLLER, 1993). Solche Bestände müssen daher im Erhaltungskonzept überrepräsentiert erfaßt werden.

Aus Gründen eines unerwünschten Polleneintrags sollten Erhaltungswälder aus einer unbeeinflussten Kernzone sowie einer, je nach Hauptbaumart, 200 - 500 m breiten Pufferzone bestehen. Diese Übergangszone muß noch den Entscheidungskriterien der Kernzone entsprechen. Können diese Anforderungen nicht erfüllt werden, so sind diese Bestände für "in situ" Erhaltungsmaßnahmen und Saatgutbeerntungen nicht geeignet. Eventuell sind geringe Flächenteile unerwünschter Herkunft vor Einsetzen der Fruktifikation zu entfernen.

2.3 Samenbank

2.3.1 Zielsetzung

Die Konservierung von forstlichem Saatgut ist als statisches Element Fixbestandteil sämtlicher Erhaltungsstrategien des In- und Auslandes. Sie kann nicht als isolierte Maßnahme verstanden werden sondern ist vielmehr in das umfassende Erhaltungskonzept eingebettet. In erster Linie sollen durch die Lagerhaltung von Saatgut Zeiträume überbrückt werden: Perioden fehlender oder ungenügender Blüten- oder Samenproduktion ebenso wie Zeiten, in denen die natürliche Regeneration eines Bestandes aus anderen Gründen nicht möglich ist.

Ungenügende Samenproduktion kann neben biologischen Ursachen oftmals in Witterungsunbilden - besonders auf Extremstandorten - begründet sein. Es ist aber auch nicht auszuschließen, daß jene Streßfaktoren, die mitverantwortlich für das Waldsterben sind, den Reproduktionsvorgang schon während der Blühphase und Befruchtung beeinträchtigen. Klimaschwankungen der letzten Jahre führen einerseits zu einer beachtlichen Blühstimulanz, andererseits können überaus trockene Monate während der Samenreife die Qualität der Fruktifikation überaus negativ beeinflussen.

Selbst waldbauliche und letztlich auch züchterische Maßnahmen enthalten gefährdende Momente:

- Angepaßte Populationen gehen durch künstliche Bestandeserneuerungen verloren,
- die Naturverjüngung gleichaltriger Bestände bleibt auf wenige einzelne Samenjahre beschränkt,
- durch unzureichende Beerntung von nur wenigen benachbarten Samenbäumen kann es zur Einarbeitung der genetischen Vielfalt kommen.

Eine komplette Samenbank würde nicht nur Saatgut aus anerkannten Samenerntebeständen, sondern ebenso von naturnah entwickelten autochthonen

oder offensichtlich angepaßten Waldgesellschaften, möglichst in allen ihren charakteristischen Ausbildungsformen - von Standort und Höhenlage geprägt - enthalten. Es ist jedoch offensichtlich, daß trotz aller Anstrengungen nur ein Teil der gesamten Population und nur einige typische, als besonders wichtig eingeschätzte Stichproben gespeichert werden können. Die Menge des einzulagernden Saatgutes kann die Größenordnung wirtschaftlicher Bedeutung nicht erreichen, doch sollte die aufzubewahrende Stichprobe so groß sein, daß die genetische Struktur einer Baumartenpopulation erfaßt wird.

2.3.2 Lagerfähigkeit von Forstsamen

Die mögliche Aufbewahrungsdauer von Saatgut ist von der Baumart und von den Lagerbedingungen abhängig. Während vor allem die kleinen Nadelholzsamen 15 bis über 20 Jahre ihre Keimfähigkeit erhalten, ist die Lebensdauer der meisten Laubholzsamen auf wenige Jahre beschränkt - bei Eiche am kürzesten - nur 3(4) Jahre. Besonders wichtig ist die Erhaltung eines bestimmten Wassergehaltes, der mit der Lagertemperatur abgestimmt sein muß. Die Erforschung der optimalen Behandlung zur Langzeitlagerung forstlicher Sämereien erreicht bereits die Größenordnung eines eigenen Wissenszweiges. Die Keimfähigkeit des gelagerten Saatgutes muß jährlich kontrolliert werden und die Rückführung der gekühlten und zumeist getrockneten Sämereien in den keimfähigen Zustand für eine Aussaat erfordert sorgfältigste Behandlung.

2.3.3 Die Samenbank der FBVA

In den Jahren 1986 bis 1988 wurde auf dem Gelände des Versuchsgartens der FBVA in Tulln ein Kühlhaus für die Samenbank errichtet. In einer 380m² großen Halle wurde Platz für 260m³ Kühlraum geschaffen, wo in mehreren getrennt klimatisierbaren Kühlzellen, bei einem Temperaturbereich von +5° bis -20°C, bis zu 7t Saatgut aufbewahrt werden können. Die Errichtung der Samenbank im Versuchsgartengelände bietet die Möglichkeit, am gleichen Ort die Anzucht der Sämlinge und - wenn erforderlich - die Vervielfachung als generative Vermehrung durchzuführen. Es besteht sicherlich noch hoher Forschungsbedarf, sowohl die optimalen Konservierungsmethoden betreffend, als auch zur Erfassung eventueller Veränderung der genetischen Information während der Lagerung.

2.4 Erhaltungs- und Samenplantagen

2.4.1 Zielsetzung

Ein weiteres Teilvorhaben des Projektes der FBVA zur Sicherung von Genressourcen betrifft die Anlage von Erhaltungsplantagen repräsentativer Genotypen forstlicher Baumarten. Im allgemeinen sind Samenplantagen gezielt zusammengestellte Zuchtpopulationen von Waldbäumen, die der Erzeugung von Saatgut dienen. Die Bepflanzung mit ausgewählten Klonen oder Sämlingen erfolgt derart, daß eine von außerhalb der Anpflanzung kommende Fremdbestäubung vermieden oder, wenn dies nicht möglich ist, zumindest durch Heckenanbau in Grenzen gehalten wird. Bei richtiger Standortwahl (Boden, Klima und Waldgebiet) und sachgemäßer Behandlung (Düngung, Bewässerung und Schutzmaßnahmen) sind frühe, häufige, reichliche und vor allen Dingen leicht durchführbare Saatguternten möglich. Forstliche Erhaltungs- und Samenplantagen bieten gegenüber Samenerntebeständen den Vorteil, daß eine Saatgutgewinnung über die Lebensdauer des Ausgangsmaterials (Mutterbäume) hinaus möglich ist (Gen-Konservierung).

Nach einer ersten Planung des Plantagenprogrammes Ende der 80er Jahre sollte innerhalb eines Zeitrahmens von 15 bis 20 Jahren die Anlage von 168 Einheiten zu je 1 bis 2 ha (teilweise in Parallelanlagen in Kooperation mit den Bundesländern) durchgeführt werden. Daß dieser Zeitplan bei derzeit verfügbaren Mitteln und Personal nicht einzuhalten sein wird, ist mittlerweile absehbar.

Je nach Zielsetzung wird zwischen Plusbaum-Samenplantagen und Erhaltungsplantagen unterschieden:

- Plusbaum-Samenplantagen dienen der Erzeugung von Saatgut, das von Auslesebäumen (Plusbäumen) stammt, die in einem oder mehreren wirtschaftlich wichtigen Merkmalen überdurchschnittlich sind. Die Auswahl der Plusbäume erfolgt nach phänotypischen Gesichtspunkten, insbesondere aufgrund der Massenleistung, der Güte des Holzes, der Form, des Gesundheitszustandes und der Widerstandsfähigkeit unter den gegebenen Standortbedingungen und der bisherigen forstlichen Behandlung. (FORSTLICHE VERSUCHS- UND FORSCHUNGSANSTALT BADEN-WÜRTTEMBERG, 1991)
- Erhaltungssamenplantagen dienen der Erzeugung von Saatgut, das von zu erhaltenden, wertvollen autochthonen Populationen oder Bäumen stammt, die selten oder bereits regional vom Aussterben bedroht sind. Gründe für die Anlage von Erhaltungs-

samenplantagen liegen auch dann vor, wenn die betreffenden Populationen oder Bäume auf Standorten stocken, auf denen sie nicht ausreichend fruktifizieren, weil Bestäubungspartner fehlen, oder wo sie einer unerwünschten Fremdbestäubung ausgesetzt sind wie z.B.: Baumarten am Rande ihres Verbreitungsgebietes, extreme Hochlagenbestände, Reliktbestände, gefährdete Populationen in Schadensgebieten etc.

2.4.2 Anlage und Pflege von Plantagen

Schon bei der Anlage von Samenplantagen ist zu beachten, daß Fremdpollenquellen der zu pflanzenden Baumart einen Mindestabstand von 300 - 400 m zur Plantage haben. Zusätzlich wird in Österreich durch die FBVA auf einer vorgesehenen Plantagenfläche eine Gravitationspollenfalle zu Beginn der Blühzeit (Februar) errichtet. Nach mikroskopischer Auszählung läßt sich der Polleneintrag von allen windblütigen Baumarten der Plantagenumgebung relativ genau darstellen. Diese Daten dienen einerseits der Entscheidungsfindung für die Baumartenwahl der Plantage, andererseits können Blühbeginn, Blühmaximum und Blühintensität von Waldbaumarten der Umgebung erforscht werden.

Für Klonsamenplantagen werden durchwegs Pfropflinge verwendet, die durch Reiserentnahme von Beerntungsbäumen und Pfropfung auf geeignete Unterlagen hergestellt werden. Nach Erstellung eines Klonverteilungsplanes werden 2 - 4 Jahre alte Veredelungen so ausgepflanzt, daß jedes Individuum eines Klons von Individuen eines fremden Klons umgeben ist. Auf diese Weise wird eine ausreichende Möglichkeit für die erwünschte gegenseitige Bestäubung erzielt. Im übrigen soll die Verteilung nicht systematisch, sondern zufällig sein.

Bei der Bestimmung der Anzahl der Klone einer geplanten Samenplantage besteht das Hauptproblem in der Quantifizierung der durch die Auswahl der Klone bedingten Verlustmöglichkeiten genetischer Information. Eine solche Quantifizierung müßte ihren Ausgang natürlich von Vorinformationen über die genetische Zusammensetzung der Population nehmen, aus welcher die Plantagenklone ausgewählt werden sollen. Diese Vorinformation etwa über die Anwesenheit gewisser Allele sowie deren Repräsentanz in Genotypen wären nach HATTEMER (1982) geeignet, die Unsicherheit bei der Auswahl der Träger von Genotypen zu verringern. In Österreich werden daher die Beerntungsbäume einer Region je nach Häufigkeit der betreffenden Baumart ausgewählt. Als Untergren-

ze werden mindestens 60 Mutterbäume gefordert, so daß nach eventuellen Ausfällen von Pfropfungen die Mindestzahl von 50 Klonen pro Plantage erreicht werden kann. Der Pflanzverband richtet sich nach dem Wuchs- und Blühverhalten der jeweiligen Baumart und wird auch von der Möglichkeit der maschinellen Bearbeitbarkeit der Plantage beeinflusst und liegt bei ca. 7 m im Dreiecksverband. Bei einer durchschnittlichen Plantagengröße von 1,5ha finden ca. 300 - 400 Veredelungen Platz, d.h. es werden etwa 60 Klone mit 5 - 6facher Wiederholung ausgepflanzt. Der Arbeitsumfang und die Tätigkeiten durch die FBVA für diesen Teilbereich des Erhaltungsprojektes soll nur kurz dargestellt werden:

- Koordination und Mitarbeit bei der Auswahl der Mutterbäume sowie deren Beerntung in Zusammenarbeit mit den forstlichen Dienststellen der einzelnen Bundesländer.
- Erhebung der Mutterbaumdaten (Datenbank).
- Durchführung der Verpfropfungen vom Personal der Versuchsgärten (2000 - 3000 pro Einheit) und deren Pflege (2 - 3 Jahre) im Forstgarten.
- Planung von Plantagenflächen (Vermessung, Boden- und Polleneintragsuntersuchungen, Klonverteilungsplanung).
- Verpflockung und Pflanzung (Versuchsgartenpersonal).
- Zäunungen werden von Unternehmern durchgeführt.

Erst mit Beginn der notwendigen Pflege- und Schutzmaßnahmen kommt es zu einer Aufteilung der Arbeiten auf Landes- und Bundesebene unter Koordination durch die FBVA. Während der Anwuchsphase (bis zum 5. Jahr) sind neben den üblichen Kulturpflegemaßnahmen als wesentliche Tätigkeiten zu nennen:

- Wöchentliche Zaun- und Flächenkontrolle (Wild!),
- monatliche Einzelpflanzenbesichtigung (Vitalität, Schädlinge),
- jährliches Hochbinden der Pflanzen (nach Baumart unterschiedlich),
- eventuelle Bewässerungsmaßnahmen, Insektizideinsatz und Kronenschnitt werden nur nach Absprache mit der FBVA/Institut für Waldbau durchgeführt.

2.4.3 Beerntungen und Saatgut

Eine Blühkontrolle aller Einzelpflanzen ist ab dem 5. Jahr nach der Plantagenanlage vorgesehen, so daß rechtzeitig vor der möglichen Plantagenfruktifikation statistische Werte vorliegen. Eine Freigabe zur

Beerntung erfolgt durch die FBVA nur dann, wenn mindestens 50% aller Klone oder bei zweihäusigen Baumarten mindestens die Hälfte der weiblichen und die Hälfte der männlichen Individuen geblüht haben und auch fruchten. Für die innere Güte des Saatgutes (genetische Vielfalt) ist es erforderlich, daß alle ausreichend fruktifizierenden Klone und nicht nur einzelne reichfruchtende oder nur großzapfige Pflanzen beerntet werden.

Neben der Zielsetzung der Erhaltung bestimmter Baumarten aus gefährdeten Regionen (Höhenstufen) soll gleichzeitig ein Angebot an hochwertigem, autochthonem Saatgut erfolgen. Zu diesem Zweck wird ein Vertragsentwurf zwischen der Republik Österreich, vertreten durch den Bundesminister für Land- und Forstwirtschaft einerseits und den zu einer Arbeitsgemeinschaft "ARGE-FORST-SAAT" vereinigten Forstsaatgutproduzenten, ausgearbeitet, der die Vermarktung des Plantagensaatgutes regelt. Dieser Vertrag betrifft alleine das auf den Bundesplantagen (Königshof und Allentsteig) produzierte Saatgut, während die in Zusammenarbeit mit den Bundesländern errichteten Plantagen in Einzelverträgen geregelt ist.

3. Derzeitiger Umfang der Erhaltungseinheiten

3.1 Erhaltungsbestände

Seit Beginn der Fragebogensendung im Jahre 1986 und deren Auswertung, wurden die Tätigkeiten wie Auswahl, Beschreibung und Betreuung von Gen-Erhaltungsbeständen mit Unterstützung der Waldbesitzer und Forstbehörden intensiv fortgeführt. Die zur Hilfestellung bei der Mitwirkung der Forstbetriebe und Behörden wichtigsten Richtlinien wurden in der Publikationsreihe "Waldbau-Merkblätter" (MÜLLER 1993) veröffentlicht. Gleichzeitig mit dem Versand dieser Publikation an die Dienststellen der Forstbehörde wurden Fragebögen betreffend die Auswahl von Gen-Erhaltungswäldern mit dem Ersuchen um Rückmeldung von Vorschlägen übermittelt.

Die Aufnahme von Gen-Erhaltungswäldern wurde im Bundesland Kärnten begonnen (Tab. 1). Da die Aufnahme und Erfassung der Gen-Erhaltungswälder in den übrigen Bundesländern erst nach Vorliegen der gesammelten Vorschläge erfolgen konnte, wurde im Jahr 1993 begonnen, die in den Bundesländern Salzburg, Niederösterreich und Tirol bereits dokumen-

tierten Naturwaldreservate durch gemeinsame Begehung mit Vertretern des Naturschutzreferates bzw. der Forstbehörde vorauszuwählen.

Im laufenden Jahr wurden in Niederösterreich 23 Gen-Erhaltungseinheiten mit 26 Waldgesellschaften, in Salzburg 13 Gen-Erhaltungseinheiten mit 22 Waldgesellschaften sowie in Tirol 15 Gen-Erhaltungswälder mit 22 Waldgesellschaften ausgewählt und im Zuge der Begehung Detailerhebungen durchgeführt.

Derzeit werden die registrierten Bestandesmerkmale in eine Datenbank der FBVA eingespeichert und entsprechende Kurzfassungen, sogenannte Dokumentationsblätter, erstellt und an die beteiligten LFI, BFI und Waldbesitzer übermittelt. Sie dienen in der Folge als Grundlage für die Umsetzung von betrieblichen und waldbaulichen Maßnahmen und gelten gleichzeitig als Gutachten für Förderungsanträge.

Tab. 1: Verteilung der natürlichen Waldgesellschaften in den Gen-Erhaltungswäldern Kärntens

	Flächengröße	
	<30ha	>30ha
Lärchen-Zirbenwälder	2	3
Lärchenwald	1	1
Subalpiner Fichtenwald	10	6
Montaner Fichtenwald	1	-
Fichten-Tannenwald	21	6
Fichten-Tannen-Buchenwald	25	12
Buchenwald	2	-
Eichenreiche Wälder	7	1
Laubmischwälder auf Sonderstandorten	7	-
Schwarzkiefer- (Hopfenbuchen-) Wald	2	1
Eiben-Standorte	4	-
Summe:	82 Einh.	30 Einh.
Anzahl der beteiligten Waldbesitzer (Betriebe):	78	
Gesamtfläche:	2731 ha	

3.2 Einlagerungen in der Samenbank Tulln

Im Jahre 1989, knapp nach Fertigstellung des Kühlhauses, wurde mit der Einlagerung von repräsentativem Saatgutmaterial begonnen. Im Gesamtwert von ca. S 700.000,- konnten nach Testung

289 kg Fichtensaatgut von 84 ausgewählten Ernte-einheiten

45 kg Lärchensaatgut von 16 ausgewählten Ernte-einheiten, sowie

3 kg Weißkiefern Saatgut von 2 ausgewählten Ernte-einheiten

als Basis für eine Genreserve eingelagert werden. Ergänzt werden diese Samenvorräte durch eine Vielzahl

jährlichen Kleinprobenmaterials zu je 300 bis 500 g aus allen im Handel befindlichen Beerntungen Österreichs. Der momentane Stand der Einlagerungen (Sommer 1994) wird baumartenweise in den folgenden Tabellen (2-5) gezeigt:

Tab. 2: Eingelagertes Fichtensaatgut (Reifejahr ab 1988)

Wuchsgebiet	Höhenstufe	Einlagerung	Total kg
I	-9	11,0	131 kg
	9-14	54,0	
	14+	66,0	
IIa	4-9	15,5	51 kg
	9-13	30,5	
IIb	13+	5,0	54 kg
	4-9	18,0	
	9-13	19,0	
III	13+	17,0	31 kg
	4-9	16,0	
	9-13	15,0	
IV	4-9	3,0	13 kg
	9-13	10,0	
V	3-6	3,0	3 kg
VI	3-6	6,0	35 kg
	6-9	21,0	
	9+	8,0	
			318 kg

Tab. 3: Eingelagertes Tannensaatgut

Wuchsgebiet	Höhenstufe	Einlagerung	Total
I	nur 9-14	5,0 (RJ 90)	5,0 kg
IIa	9-13	32,0 (RJ 86)	47,0 kg
		10,0 (RJ 90)	
	13+	5,0 (RJ 90)	
			52,0 kg

Tab. 4: Eingelagertes Lärchensaatgut

Wuchsgebiet	Höhenstufe	Einlagerung	Total
I	-9	2,0	11,0 kg
	14+	9,0	
IIa	4-9	6,0	33,0 kg
	9-13	18,0	
	13+	9,0	
III	nur 9-13	4,0	4,0 kg
			48,0 kg

Tab. 5: Eingelagertes Weißkiefern Saatgut

Wuchsgebiet	Höhenstufe	Einlagerung	Total
I	14+	2,0	2,0 kg
IIa	4-9	1,5	3,5 kg
	13+	2,0	
VII	3-6	2,0	2,0 kg
			7,5 kg
Eingelagerte Saatgutmenge total:			425,5 kg

3.3 Erhaltungs- und Samenplantagen

Dieser Teilbereich des Projekts "Erhaltung der genetischen Vielfalt" wurde mit Einzelbaumauswahl und Beerntungen der Baumarten Tanne (01) und Bergahorn (01) im Jahre 1986 begonnen. Als Plantagenareal war ursprünglich nur eine entsprechende Fläche der Bundesversuchswirtschaft-Königshof bei Bruck/Leitha vorgesehen. Die ersten Bundesplantagen wurden hier im Jahre 1989 errichtet. Seit 1991 stehen für die Anlage von Bundesplantagen auch ehemalige landwirtschaftliche Flächen im Bereich des Truppenübungsplatz Allentsteig zur Verfügung, was sich im besonderen bei der Ausbringung der Tanneinheiten (Streulage) als Vorteil erweist (Tab. 6 und 7).

neneinheiten (Streulage) als Vorteil erweist (Tab. 6 und 7).

Neben diesen Bundesplantagenbegründungen erfolgt jeweils eine Parallelanlage der entsprechenden Beerntungseinheiten im Herkunftsbereich des zuständigen Bundeslandes (Tab. 8 - 13).

Die Errichtung von 42 Plantageneinheiten im Zeitraum von nur 6 Jahren konnte nur durch besondere gemeinsame Anstrengungen (Bund und Land) durchgezogen werden. Die Hauptlast der Veredelungsarbeiten (ca. 90000) und auch viele Pflegetätigkeiten auf den Bundesplantagen wird hier vor allem durch das Personal der Abteilung Veruchsgärten (Leitung Ing. K. Sieberer) der FBVA getragen.

Bundesplantagen

Tab. 6: BVW Königshof						
Baumart	BE	Wuchsgebiet	Höhenstufe	Anzahl der Pflanzen	Fläche (ha)	Anlagejahr 19..
<i>Acer pseudoplatanus</i>	01	Nörtl. Randalpen - Ost	sub- bis tiefmontan	250	1,9	89
<i>Abies alba</i>	01	Wald- u. Mühlviertel	tief- bis mittelmontan	400	1,8	90
<i>Prunus avium</i>	01	Pannonisches Tief- u. Hügelland	kollin bis submontan	250	1,7	91
<i>Tilia cordata</i>	01	Pannonisches Tief- u. Hügelland	kollin bis submontan	252	1,5	91
<i>Larix decidua</i>	01	Innenalpen-West	subalpin	1928	7,0	92
<i>Carpinus betulus</i>	01	Pannonisches Tief- und Hügelland	kollin bis submontan	255	1,5	91
<i>Acer pseudoplatanus</i>	03	Innviertel, nördl. Alpenvorland-West	submontan	237	1,4	91
<i>Alnus glutinosa</i>	02	Subillyrisches Hügel- und Terrassenland	kollin bis submontan	260	1,7	92
<i>Fraxinus excelsior</i>	01	Nörtl. Randalpen, Ostteil	sub- bis tiefmontan	265	1,9	92
<i>Acer pseudoplatanus</i>	04	Oststeirisches Hügel- und Bergland	sub- bis tiefmontan	350	2,7	93
<i>Fraxinus excelsior</i>	02	Innviertel, nördl. Alpenvorland-West	submontan	255	2,1	93
<i>Carpinus betulus</i>	02	Nörtl. Alpenvorland-Westteil	submontan	260	2,4	93/94
<i>Ulmus glabra</i>	01	Nörtl. Randalpen-Ostteil	sub- bis tiefmontan	130 (Sämlinge)	1,0	94
Königshof:		13 Einheiten			28,6	

Tab. 7: Raum TÜPI-Allenstein						
Baumart	BE	Wuchsgebiet	Höhenstufe	Anzahl der Pflanzen	Fläche (ha)	Anlagejahr 19..
<i>Alnus glutinosa</i>	01	Wald u. Mühlviertel	sub- bis tiefmontan	200	1,8	92
<i>Abies alba</i>	02	Oststeirisches Bergland, Bucklige Welt	sub- bis mittelmontan	252	1,4	92
<i>Abies alba</i>	04	Nö.-Alpenostrand u. Ostteil d. nördl. Randalpen	sub- bis mittelmontan	280	1,8	92
<i>Acer pseudoplatanus</i>	02	Nördl. Randalpen-Ost	mittel- bis hochmontan	220	1,3	92
<i>Abies alba</i>	01	Wald- u. Mühlviertel	tief- bis mittelmontan	400	2,5	92
<i>Larix decidua</i>	02	Wald-, Mühl- u. Weinviertel	kollin bis mittelmontan	250	1,6	92/93
<i>Abies alba</i>	03	Tirol; nördl. Rand- und Zwischenalpen	sub- bis mittelmontan	345	1,7	92
<i>Abies alba</i>	05	Vorarlberg, Randalpen	sub- bis mittelmontan	290	1,5	93
<i>Abies alba</i>	06	Vorarlberg, Rand- und Zwischenalpen	mittel- bis hochmontan	305	1,5	94
Allenstein:		9 Einheiten			15,1	
Summe der Bundesplantagen (Königshof und Allenstein):						
	22 Einheiten	(7634 Pflanzen)		auf insgesamt	43,7 ha	

Landesplantagen

Tab. 8: Niederösterreich						
Baumart	BE	Wuchsgebiet	Höhenstufe	Anzahl der Pflanzen	Fläche (ha)	Anlagejahr 19..
Pyhra						
<i>Acer pseudoplatanus</i>	01	Nördliche Randalpen-Ost	sub- bis tiefmontan	172	1,6	90
<i>Abies alba</i>	01	Wald- u. Mühlviertel	tief- bis mittelmontan	400	2,9	90
Untertullnerbach						
<i>Tilia cordata</i>	01	Pannonisches Tief- und Hügelland	kollin bis submontan	191	1,2	91
<i>Abies alba</i>	04	Alpenostrand, Thermenalpen	sub- bis mittelmontan	288	1,6	92
Summe Niederösterreich		4 Einheiten		1051	7,3	

Tab. 12: Vorarlberg						
Baumart	BE	Wuchsgebiet	Höhenstufe	Anzahl der Pflanzen	Fläche (ha)	Anlagejahr 19..
Feldkirch/Gaisbühel:						
Abies alba	05	Vorarlberg; Rand- und Zwischenalpen	sub- bis mittelmontan	232	1,3	93
Abies alba	06	Vorarlberg; Rand- und Zwischenalpen	mittel bis hochmontan	265	1,5	94
Summe Vorarlberg:		2 Einheiten		497	2,8	

Tab. 13: Sonderplantagen						
Baumart	BE	Wuchsgebiet	Höhenstufe	Anzahl der Pflanzen	Fläche (ha)	Anlagejahr 19..
ÖBF Wieselburg						
Prunus avium	03	Alpenvorland NÖ	kollin bis submontan	293	1,5	93
WLV Ossiacher Tauern						
Larix decidua	01	Inneralpen	subalpin	410	2,8	94
Summe Sonderplantagen:		2 Einheiten		703	4,3	

SUMME Landesplantagen:	18 Einheiten auf	27,4 ha
SUMME Bundesplantagen:	24 Einheiten auf	48,0 ha
(+ÖBF u. WLV)		
Summe:	42 Einheiten auf	75,4 ha

4. Künftige Arbeitsschwerpunkte

Die Erfassung und Bearbeitung von Gen-Erhaltungswäldern "in situ" wird weiterhin im Vordergrund der Bemühungen stehen. Im besonderen sollen Urwälder und Naturwaldreservate in den nächsten Jahren vorrangig miteinbezogen werden, wenn Mindestforderungen wie Autochthonie und Bildung von Rand- und Pufferzonen erfüllt werden können. Zusätzlich werden Gitternetzpunkte eines FBVA-Projekts, das die Untersuchung der Reproduktionsfähigkeit des Waldes mittels Samenfallen zum Ziele hat, mit Priorität in Urwäldern und Naturwaldreservaten angelegt. Erst dadurch können mögliche Auswirkungen von Klimaveränderungen auf Fruktifikation und Naturverjüngung mittelfristig erfaßt und beschrieben werden.

Die Inventur der Struktur der Arten mit Hilfe genetischer, biochemischer, morphologischer und physio-

logischer Merkmale muß weiter vorangetrieben werden, um solide Entscheidungsgrundlagen für die Erhaltungsarbeit zu schaffen (GEBUREK, pers. Mitt.).

Der Schwerpunkt bei der Anlage von Erhaltungsplantagen wird sich in Richtung seltener Laubbaumarten verschieben, wobei künftig auch autochthone Straucharten berücksichtigt werden sollen.

5. Zusammenfassung

Unzureichende Bewirtschaftungsformen, Umweltbelastung und mögliche Klimaveränderungen bedrohen die Stabilität unserer Wälder. Die Forstliche Bundesversuchsanstalt hat ein umfassendes Konzept zur Erhaltung der genetischen Vielfalt des österreichischen Waldes entworfen, wobei die Erhaltung alpiner Anpassungsformen besondere Bedeutung hat. In Zusammenarbeit mit allen Bereichen der österreichi-

schen Forstwirtschaft wird seit 1986 an der Verwirklichung dieser wichtigen Aufgabe gearbeitet.

Das Konzept zur Erhaltung der genetischen Vielfalt umfaßt verschiedene Maßnahmen, die einander in ihrer Wirkungsweise ergänzen:

- Einrichtung von Gen-Erhaltungswäldern (Erhaltungsräume, -bestände) mit dem Ziel, ein repräsentatives Netz aufzubauen, das die wichtigen natürlichen Waldgesellschaften umfaßt.
- Samenbevorratung und Samenbank durch Langzeitlagerung von Samenproben aus allen Wuchsgebieten und Höhenstufen zur Überbrückung von Zeiträumen fehlender oder ungenügender Fruktifikation.
- Klonarchive und Samenplantagen erhalten die Erbanlagen der Ausgangsbäume und sichern die Produktion wertvollen Saatgutes.

Literatur

- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION 1975: *On the Methodology of Conservation of Forest Genetic Resources*. Food and Agriculture Organization of United Nations (FAO), Rome.
- FORSTLICHE VERSUCHS- UND FORSCHUNGSANSTALT BADEN-WÜRTTEMBERG 1991: *Samenplantagen in Baden-Württemberg*. Merkblätter der Forstl. Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg, Nr. 29, 8 S.
- GEBUREK TH. 1992: *Genetische Struktur und Architektur bei Waldbäumen - Implikationen für die Erhaltung von forstlichen Genressourcen?* Cbl. f. d. ges. Forstwesen, 109:193-203.
- HATTEMER H.H., GREGORIUS H.R., ZIEHE M. & MÜLLER-STARCK G. 1982: *Klonzahl forstlicher Samenplantagen und genetische Vielfalt*. Allg. Forst- Jagdztg., 153:183-190.
- KLEINSCHMIT J. 1994: *Sicherung der genetischen Ressourcen im Wald*. Mitt. Bundesforsch.anst. Forst- Holzwirtsch., Nr. 176, 153-157.
- LÜPKE B. VON 1993: *In situ-Erhaltung: Möglichkeiten der Integration in den praktischen Forstbetrieb*. Forstarchiv, 64:73-78.
- MÜLLER F. 1988: *Die forstliche Samenbank in Tulln*. Österr. Forstztg., 99:42.
- MÜLLER F. 1993: *Auswahl und waldbauliche Behandlung von Gen-Erhaltungswäldern*. FBVA-Berichte, Nr. 73, 22 S.
- NATHER J. 1990a: *Erhaltungsräume und Genreservate: Auswahl und Bewirtschaftung*. Österr. Forstztg., 101:13-16.
- NATHER J. 1990b: *Die Erhaltung forstlicher Genressourcen*. Österr. Forstztg., 101:17-18.
- PIPER H. 1980: *Aufbau und Pflege von Samenplantagen*. Allg. Forstz. München, 35:675-677.

Verfasser: OR Dipl.-Ing. Rudolf Litschauer
Forstliche Bundesversuchsanstalt
Institut für Waldbau
Hauptstraße 7
A-1140 Wien

Kleines forstgenetisches Glossarium

TH. GEBUREK, B. HEINZE & U. SCHULTZE

Institut für Forstgenetik, Forstliche Bundesversuchsanstalt Wien

Albino: Chlorophylldefekt, der unter Umständen als →morphologischer Marker verwendet wird. Blätter bzw. Nadeln, die kein Chlorophyll enthalten. Sind alle Blätter bzw. Nadeln betroffen, tritt der Tod der Pflanze ein. [albino]

Allel: Unterschiedliche Zustandsformen eines →Gens. Allele eines bestimmten Gens (→Genlocus) haben gleiche Funktionen; unterscheiden sich aber geringförmig in ihrer Wirkung. →dominantes Allel, →rezessives Allel. [allele]

Aminosäure: Biochemischer Baustein der Eiweiße (→Proteine). Bis zu 20 verschiedene Aminosäuren können in Proteinen vorkommen. Die Abfolge der Aminosäuren (Aminosäuresequenz) bestimmt die Eigenschaften des Proteins. [aminoacid]

Angepaßtheit: Zustand einer →Population, der es ihr ermöglicht unter den herrschenden Umweltbedingungen auf Dauer zu überleben. →Anpassung, →Anpassungsfähigkeit. [adaptedness]

Anpassung: Populationsgenetischer bzw. evolutionärer Vorgang einer →Population, der auf ihrer →Anpassungsfähigkeit basiert und einen bestimmten Grad der →Angepaßtheit zur Folge hat. [adaptation]

Anpassungsfähigkeit: Vermögen einer Population sich an Umweltveränderungen durch Änderung ihrer Genhäufigkeiten dauernd anzupassen. Ausreichende →genetische Variation ist eine notwendige Bedingung. →Anpassung, →Angepaßtheit. [adaptability]

Asexuelle Vermehrung: Ungeschlechtliche Vermehrung durch verschiedene Formen der →Vegetativvermehrung. Bei der asexuellen Vermehrung findet keine Neukombination der →Gene statt. Der →Genotyp des Ausgangsindividuums ist mit dem Genotyp seiner Nachkommen identisch. [asexual reproduction]

autochthon: Noch nie vom natürlichen Standort verfrachtet. Autochthone Bestände weisen aufgrund der über mehrere Generationen stattgefundenen und auch heute stets stattfindenden →Anpassung ein hohes Maß der →Angepaßtheit an die jeweiligen Umweltbedingungen auf. [autochthonous]

Basen (Purin- und Pyrimidinbasen): Bestandteile der →DNA. Die Abfolge der Basen (Basensequenz) bestimmt die →genetischen Informationen des betreffenden DNA-Abschnittes. [base]

Baumrasse: Eine durch bestimmte Standortsfaktoren geprägte Waldbaumpopulation, die ihre rassespezifischen und genetisch bedingten Eigenschaften von Generation zu Generation weitgehend beibehält. →Provenienz, →Herkunft. [tree race]

Chloroplast: Bestandteil in einer Pflanzenzelle, der an der Photosynthese maßgeblich beteiligt ist und eine geringe Menge an →DNA (sog. extranukleare →Erbinformation) besitzt. [chloroplast]

Chromosom: Meist im Zellkern befindlicher, mikroskopisch erkennbarer Träger einer →Erbinformation. Chromosomen bestehen aus →DNA und angelagerten →Proteinen. [chromosome]

Diözie: Zweihäusigkeit. Eingeschlechtliche weibliche oder männliche Blüten sind auf verschiedene Bäume verteilt (bei Eibe, Ginkgo, Pappel, Wacholder und Weiden). →Monözie. [dioecism]

diploid: den doppelten Chromosomensatz besitzend. In →diploiden Zellen liegen für jedes →Chromosom zwei homologe Exemplare vor. Bezüglich eines →Gens können auf den betreffenden Stellen der homologen Chromosomen zwei →Allele vorliegen, die identisch (→Homozygotie) oder nicht identisch (→Heterozygotie) sein können. [diploid]

DNA (DNS): Abkürzung für Deoxyribonucleic acid (Deoxyribonukleinsäure). →Erbinformation aufweisende Makromoleküle bestehend aus einem "Rückgrat" aus Phosphorsäurerest und Zucker (Deoxyribose) sowie daran gebundene →Basen. Die Abfolge der Basen (Basensequenz) bestimmt die →genetischen Informationen des betreffenden DNA-Abschnittes. Liegt in den Zellen als Doppelhelix und bildet mit →Proteinen die →Chromosomen. DNA wird bei der biochemischen Analyse meist in kleinere Bruchstücke (Fragmente) zerlegt. [DNA]

- dominantes Allel:** Ein →Allel, welches die Wirkung eines zweiten, →rezessiven Allels vollständig oder teilweise unterdrückt. →Dominanz bzw. →Rezessivität können immer nur im Vergleich der Effekte zweier Allele bestimmt werden. →Kodominanz. [dominant allele]
- Dominanz:** Aufgrund des Vorliegens eines →dominanten Allels beruhende, maskierender Effekt bei einer Merkmalsausprägung. →Kodominanz, →Rezessivität. [dominance]
- Einhäusigkeit:** →Monözie. [monoecism]
- Eiweiß:** →Protein [protein]
- Endosperm:** Nährgewebe des Samens. Für Koniferen ist das primäre, →haploide Endosperm charakteristisch, welches genetisch mit dem weiblichen →Gameten zum Embryo identisch ist. Bei Laubbaumarten ist das sekundäre, triploide Endosperm aus →diploiden Embryosackkern und haploiden Pollenkern entstanden. [endosperm]
- Enzym:** Aus →Proteinen und teilweise auch anderen Stoffgruppen bestehender Biokatalysator, welcher Stoffwechselumsetzungen durch Herabsetzung der Aktivierungsenergie beschleunigt. [enzyme]
- Epistasie:** Phänotypische Maskierung eines →Allels eines →Genlocus durch ein Allel eines anderen Genlocus. [epistasis]
- Erbinformation:** Idiotyp. Gesamtheit oder Teile der im Zellkern (→Genom), Plastiden (Plastidom), Mitochondrien (Chondriom) sowie im übrigen Zytoplasma (Zytoplasmon) in Nukleinsäuren gespeicherten genetischen Informationen. [hereditary information]
- Evolution:** Langfristige Veränderungen der Genhäufigkeiten und damit verbundenen Änderungen der →Phänotypen einer →Population. [evolution]
- ex situ:** außerhalb des Ursprungsortes. Gegensatz zu →in situ. [ex situ]
- Fitness:** relativ zu anderen →Genotypen oder dem Populationsmittel ermittelte, die nächste Generation bildende Anzahl von Nachkommen eines →Genotyps. [fitness]
- Fremdbefruchtung:** Befruchtung der weiblichen Eizelle (weiblicher →Gamet) durch männlichen Keimzellen (Pollen) eines anderen Baumes. [outcrossing]
- Gamet:** Den einfachen Chromosomensatz aufweisende weiblich oder männliche Keimzelle. [gamete]
- Gelelektrophorese:** Physikalisches Trennverfahren für elektrisch geladene Moleküle. [gel electrophoresis]
- Gen:** Erbanlage, Erbfaktor, Cistron. Abschnitt auf der →DNA, welcher ein bestimmtes →Protein kodiert und dadurch den Stoffwechsel und die phänotypische Merkmalsausprägung kontrolliert. →Allele, →Genlocus. [gene]
- Genbank:** Einrichtung zur längeren Lagerung von Saatgut, Pollen, Geweben oder bestimmten →DNA-Fragmenten. [gene bank]
- genetische Belastung:** →genetische Last. [genetic load]
- genetische Distanz:** Grad der genetischen Differenzierung eines Baumkollektivs zu einem anderen durch den relativen Anteil →genetischer Varianten, durch deren Besitz sich das eine Kollektiv vom anderen unterscheidet. [genetic distance]
- genetische Diversität:** Heterogenität der Häufigkeitsverteilungen der →Allele in einem Baumkollektiv. Im allgemeinen Sprachgebrauch auch synonym mit →genetischer Variation und →genetischer Vielfalt verwendet. [genetic diversity]
- genetische Drift:** Auf Zufallseffekten basierende Fluktuation der Genhäufigkeiten in einer →Population aufgrund von Änderungen der Populationsgröße. Genetische Drift führt im Extrem zum Verlust an →genetischer Information. [genetic drift]
- genetische Information:** →Erbinformation. [genetic information]
- genetische Last:** genetische Belastung. Die von einer Population hingenommene Reduktion maximaler Angepaßtheit, d.h. Reduktion der →Fitness, durch Bewahrung letaler, semiletaler oder subvitaler Allele im →Genpool. [genetic load]
- genetische Struktur:** Häufigkeitsverteilung von →Genen bzw. →Genotypen in einer →Population oder Teilen derselben. [genetic structure]
- genetische Varianten:** verschiedene →Gene, →Allele bzw. →Genotypen. [genetic variants]
- genetische Variation:** Allgemeines genetisches Differenzierungsmaß basierend auf dem Vorhandensein verschiedener →genetischer Varianten innerhalb eines Baumkollektivs. [genetic variation]
- genetische Vielfalt:** Konkretes genetisches Differenzierungsmaß. Absolute oder relative Anzahl von →genetischen Varianten innerhalb eines Baumkollektivs. Im allgemeinen Sprachgebrauch fälschlicherweise synonym mit →genetischer Variation oder →genetischer Diversität gebraucht. Die potentielle genotypische Vielfalt gibt an, wieviele verschiedene →Genotypen mit der tatsächlich vorhandenen Anzahl der →Allele theoretisch im Baumkollektiv gebildet werden können. [genetic multiplicity]

- genetischer Fingerabdruck: DNA-Fragmenttrennungsmuster, welches bei der Analyse von →Mini- und Mikrosatelliten entsteht. [genetic fingerprint]
- genetischer Kode: Die Basenabfolge in der →DNA, welche direkt die Aminosäurenabfolge im →Protein bestimmt. Drei aufeinanderfolgende →Basen kodieren eine Aminosäure. [genetic code]
- genetischer Marker: Marker-gen. Ein →Gen, welches aufgrund bekannter sicht- oder meßbarer Merkmalsausprägung in seiner Funktion bekannt ist. →morphologischer Marker. [gene marker]
- genetischer Polymorphismus: →genetische Variante. [genetic polymorphism]
- Genfluß: Migration. Die räumliche Verteilung der →Gene durch Pollen- und Samenausbreitung. [gene flow]
- Genkarte: Graphische Darstellung, welche die Lage der →Genloci auf dem →Chromosom oder auf kleineren Abschnitten desselben kennzeichnet. [genetic map]
- Genkomplex: Ein auf die →Anpassung ausgerichtetes balanciertes Zusammenwirken von verschiedenen →Genen. [gene complex]
- Genlocus (Plural Genloci): Stelle im →Genom, an welcher die dort vorliegenden →Allele ein bestimmtes Merkmal kodieren. Meist synonym mit →Gen gebraucht. [gene locus]
- Genmutation: Spontane oder induzierte Veränderung eines →Gens. Durch Mutationen wird die Basensequenz der →DNA verändert. Die Mutationsrate gibt als Maßzahl die Häufigkeit einer Mutation innerhalb einer bestimmten Zeitdauer (meist Generationsdauer) an. [gene mutation]
- Genom: Gesamtheit der im Zellkern lokalisierten →Gene. [genom]
- Genomkarte: →Genkarte. [genomic map]
- Genpool: Gesamtheit der →genetischen Informationen aller Mitglieder einer →Population zu einer bestimmten Zeit. [gene pool]
- Gensonde: →DNA-Fragment, das Abschnitte mit identischer oder ähnlicher Basensequenz in der DNA des untersuchten Baumes auffinden kann. [probe]
- Genotyp: 1. Gesamtheit der in der →DNA des Zellkerns vorhandenen →genetischen Informationen (→Genom). 2. Teile dieses Genoms in Form einer bestimmten Allelbesetzung eines →Genlocus oder mehrerer Genloci. 3. Im allgemeinen Sprachgebrauch auch der Baum eines bestimmten oder unbestimmten Genotyps. [genotype]
- Genreservat: Deklariertes Waldschutzgebiet von einer bestimmten Mindestgröße, zur Erhaltung eines Bestandes als →Genressource. [gene reserve]
- Genressource: Kollektiv von Bäumen, Pflanzenteilen (z.B. Geweben), Samen, Pollen oder einzelnen klonierten →DNA-Fragmenten, welches entweder eine spezifische →genetische Information aufweist oder sich durch eine hohe →genetische Diversität auszeichnet. [gene resource]
- haploid: den einfachen Chromosomensatz besitzend. →diploid. [haploid]
- Heritabilität: Erblichkeitsgrad. Genetische Kenngröße, die den durch genetische Ursachen bedingten Anteil an der gesamten phänotypischen Varianz schätzt. [heritability]
- Herkunft: Standort, an dem sich eine autochthone oder nicht autochthone →Population befindet [origin]. Im forstlichen Sprachgebrauch auf die Bäume an diesem Ort und deren Vermehrungsgut übertragen. [provenance]
- heterozygot: gemischerbig. Eigenschaft, welche das Vorhandensein von zwei verschiedenen →Allelen an einem →Genlocus beschreibt. Gegensatz zu →homozygot. [heterozygous]
- Heterozygotie: →heterozygoter Zustand. Gegensatz zu Homozygotie. [heterozygosity]
- Heterozygotiegrad: Anteil →heterozygoter →Genloci an allen oder den untersuchten Genloci eines Baumes. Häufig auch als mittlerer Heterozygotiegrad auf die →Population bezogen. [degree of heterozygosity]
- homozygot: reinerbig. Eigenschaft, welche das Vorhandensein von zwei identischen →Allelen an einem →Genlocus beschreibt. Gegensatz zu →heterozygot. [homozygous]
- Homozygotie: →homozygoter Zustand. Gegensatz zu →Heterozygotie. [homozygosity]
- in situ: am Ursprungsort. Gegensatz zu →ex situ. [in situ]
- Inzucht: Verwandtenpaarung. [inbreeding]
- Inzuchtkoeffizient: Wahrscheinlichkeit, daß zwei →Allele eines →Genlocus durch Abstammung identisch sind. [inbreeding coefficient]
- Isoenzyme: →Enzyme mit sehr ähnlicher Funktion, deren unterschiedliche Struktur durch genetische und/oder nicht genetische Ursachen bedingt sind. Die unterschiedlichen Formen können anhand der →Gelelektrophorese nachgewiesen werden. Im forstgenetischen Sprachgebrauch meistens auf genetische bedingte Formen bezogen. [iso(en)zyme]

- Isolation:** Durch räumliche Distanz oder Reproduktionsbarrieren bedingte Trennung eines →Genpools. [isolation]
- Klin:** Ein Gradient der Häufigkeiten von →Genotypen in einer meist großen, nicht räumlich isolierten →Population. [cline]
- Klon:** Alle Pflanzen (→Ramets) einer Ursprungspflanze (→Ortet) einschließlich derselben. [clone]
- Klongemisch:** Mischung von verschiedenen →Klonen, um die →genetische Variation des Pflanzenkollektivs zu erhöhen. [clonal mixture]
- kodominante Allele:** Zwei →Allele sind kodominant zueinander, wenn ihre Wirkung bei gleichzeitiger Anwesenheit an einem →Genlocus dem Durchschnitt ihrer Einzelwirkungen entspricht. →dominantes Allel, →rezessives Allel. [codominant allele]
- Koadaptation:** →Selektion, welche die Häufigkeiten von harmonisch zusammenwirkenden →Genen (→Epistasie) im →Genpool einer Waldbaumpopulation erhöht. [coadaptation]
- Kodominanz:** Aufgrund des Vorliegens →kodominanter Allele beruhende phänotypische Merkmalsausprägung. →Dominanz, →Rezessivität. [codominance]
- latentes genetisches Potential:** Ein auf dem Vorliegen von →genetischer Last basierendes Vermögen einer →Population, sich anzupassen. [latent genetic potential]
- Micro- und Minisatelliten:** Abschnitte der →DNA höherer Lebewesen, in denen eine Basensequenz mehrmals hintereinander wiederholt wird. Diese Abschnitte zeigen eine hohe →genetische Variation und sind deshalb gut zur genetischen Charakterisierung von Individuen (Klonidentifizierung) geeignet (→genetischer Fingerabdruck). [microsatellite, minisatellite]
- Migration:** →Genfluß. [migration]
- Monoterpene:** Hauptbestandteile von ätherischen Ölen und Harzen. Diese chemische Stoffklasse spielt eine wichtige Rolle bei der Chemotaxonomie von Koniferen. Gehalt variiert teilweise in Abhängigkeit des →Genotyps, Alter und Jahreszeit. [monoterpene]
- Monözie:** Einhäusigkeit. Männliche und weibliche Blüten kommen auf demselben Individuum vor und ermöglichen damit die →Selbstbefruchtung. →Diözie. [monoecism]
- morphologischer Marker:** Äußerlich feststellbares Merkmal eines Baumes, welches ganz oder zumindest überwiegend durch ein →Gen kontrolliert wird. Vom →Phänotyp kann daher leicht auf den →Genotyp geschlossen werden. →Genmarker. [morphological marker]
- Ökoklin:** Räumliches genetisches Variationsmuster. Entlang eines ökologischen und/oder geographischen Gradienten kontinuierlich variierende →genetische Variation innerhalb einer Baumart. →ökotypische Variation. [ecocline]
- Ökotypische Variation:** Räumliches genetisches Variationsmuster. Vorwiegend diskontinuierliche →genetische Variation innerhalb einer Baumart. →Ökoklin. [ecotypic variation]
- Ortet:** Ausgangspflanze, von der vegetativ entstandene Nachkommen entstanden sind. →Klon, →Ramet. [ortet]
- PCR:** [polymerase chain reaction] →Polymerase-Kettenreaktion. [PCR]
- Phänotyp:** Erscheinungsform eines Baumes bezogen auf ein einzelnes Merkmal oder auf die Gesamtheit aller sicht- oder meßbaren Einzelmerkmale, die von genetischen und/oder umweltbedingten Ursachen abhängen. [phenotype]
- phenolische Komponenten:** biochemische Substanzklasse. Manche dieser Komponenten zeigen in manchen Baumarten genetisch bedingte Variation. [phenolic compounds]
- Pleiotropie:** Kontrolle mehrerer Merkmale durch ein →Gen. [pleiotropy]
- Polygen:** Durch mehrere →Gene bedingt. [polygenic]
- Polymerase-Kettenreaktion:** Künstliches Verfahren zur Vervielfältigung von →DNA, welches nach Vorgabe spezifischer Anfangsstücke (→Primer) aus sehr geringen Mengen DNA einen bestimmten DNA-Abschnitt millionenfach kopieren kann. [polymerase chain reaction]
- Population:** Gemeinschaft von tatsächlich oder zumindest potentiell sich untereinander fortpflanzenden Bäumen, die zueinander in einer bestimmten räumlichen und zeitlichen Beziehung stehen. [population]
- Populationsgröße:** Umfang einer →Population. Die effektive Populationsgröße gibt den Umfang der sich tatsächlich fortpflanzenden →Genotypen an. [population size]

Primer: Kurzer, einzelsträngiger →DNA-Abschnitt, der als Startpunkt für die →Polymerase-Kettenreaktion dient. [primer]

Protein: Eiweißmolekül, welches aus Aminosäureketten besteht und spezifische Lebensfunktionen in der Zelle (Stoffumwandlungen) erfüllt. [protein]

Provenienz: →Herkunft. [provenance]

Ramet: Die durch Vegetativvermehrung entstandenen Nachkommen eines →Ortets. [ramet]

RAPD: Random amplified polymorphic DNA. Ein auf der →Polymerase-Kettenreaktion basierendes Verfahren, mit dem genetische Unterschiede in der →DNA aufgezeigt werden können. [RAPD]

Restriktionsnuklease: →Enzym, das →DNA an einer spezifischen Basensequenz spalten kann. [restriction nuclease]

Rezessivität: Aufgrund des Vorliegens eines →rezessiven Allels nicht vorhandene (sichtbaren) phänotypische Merkmalsausprägung. →Dominanz, →Kodominanz. [recessivity]

rezessives Allel: Ein Allel, welches der Wirkung eines zweiten, →dominanten Allels vollständig oder teilweise unterlegen ist. →Dominanz bzw. →Rezessivität können immer nur im Vergleich zweier bestimmter Allele bestimmt werden. →Kodominanz. [recessive allele]

RFLP (restrictionfragmentlengthpolymorphisms): Verfahren zur Analyse genetischer Variation in der →DNA; verwendet radioaktiv markierte →Sonden und →Restriktionsnukleasen. [RFLP]

Selbstbefruchtung: Befruchtung der weiblichen Erbanlagen durch männliche →Gameten desselben Baumes. →Monözie. [selfing]

Selektion: Natürliche oder künstliche Eliminierung von Bäumen, welche eine bestimmten →Phänotyp aufweisen. In ihrer Folge ändert sich die →genetische Struktur des Baumkollektivs. [selection]

STS (sequence-tagged site): Verfahren zur Analyse von Variation in der →DNA; verwendet spezifische →Primer für die →Polymerase-Kettenreaktion, um einen bestimmten Abschnitt der DNA auf Polymorphismen untersuchen zu können. [STS]

Supergen: Mehrere, auf einem →Chromosomen lokalisierte →Gene, welche meist als eine Einheit vererbt werden. Sofern koadaptiert (→Koadaptation), kontrollieren solche Gene gemeinsam ein oder mehrere anpassungsrelevanten phänotypische Merkmale. [super gene]

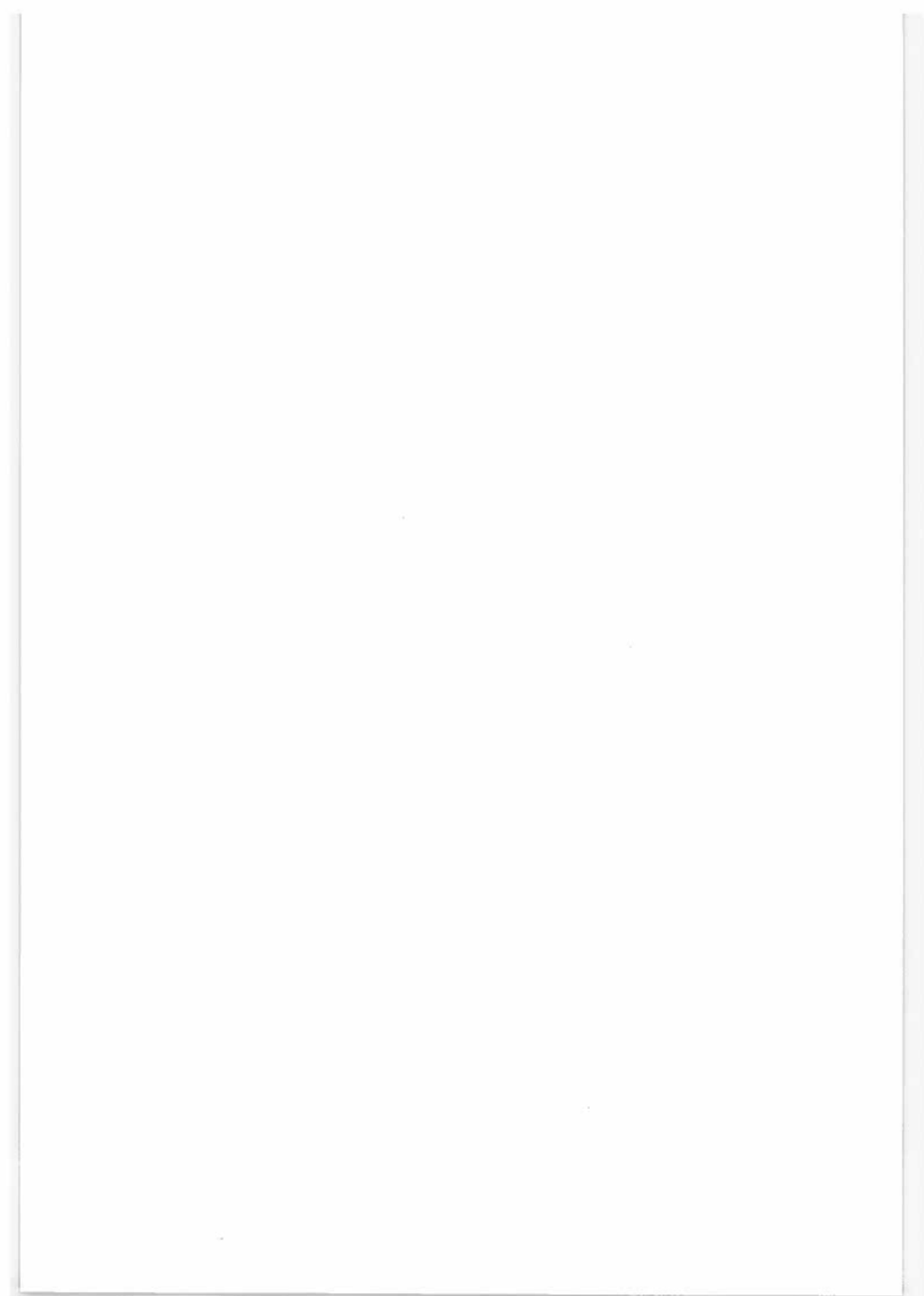
Ursprung: Ort, + von dem eine nicht →autochthone →Population ursprünglich abstammt. [origin]

Vegetativvermehrung: Nicht sexuelle Vermehrung, welche durch Pfropfung, Reproduktion von Stecklingen, Luftabsenkern, Wurzelbrut und verschiedenen Verfahren der Gewebekultur ermöglicht wird. →asexuelle Vermehrung. [vegetative reproduction]

Zweihäusigkeit: →Diözie. [dioecism]

Autoren: DDr. habil. Thomas Geburek
Dr. Berthold Heinze
HR Dipl.-Ing. Ulrich Schultze

Forstliche Bundesversuchsanstalt
Institut für Forstgenetik
Hauptstraße 7
A-1140 Wien



FBVA-BERICHTE

Schriftenreihe der Forstlichen Bundesversuchsanstalt Wien

- | | | |
|------|--------------|--|
| 1991 | 56 | Rachoy, Werner; Exner, Robert: Erhaltung und Verjüngung von Hochlagenbeständen.
Preis ÖS 95.— 93 S. |
| 1991 | 57 | Smidt, Stefan; Herman, Friedl; Leitner, Johann: Höhenprofil Zillertal. Meßbericht 1989/90.
Preis ÖS 30.— 28 S. |
| 1991 | 58 | Stagl, Wolfgang; Hacker, Robert: Weiden als Prosshölzer zur Äsungsverbesserung.
Preis ÖS 60.— 56 S. |
| 1991 | 59 | Holzer, Kurt; Ohene-Coffie, F.; Schultze, Ulrich: Vegetative Vermehrung von Fichte für Hochlagenaufforstungen. Physiologische und phänologische Probleme der Anpassung.
Preis ÖS 75.— 73 S. |
| 1991 | 60 | Holzschuh, Carolus: Neue Bockkäfer aus Asien II.
63 neue Bockkäfer aus Asien, vorwiegend aus China und Thailand, (Coleoptera: Disteniidae und Cerambycidae).
Preis ÖS 140.— 71 S. |
| 1992 | 61 | Stagl, Wolfgang: Auswertung der "Trakte" zum Staatsvertrag "Vereinbarung zwischen Bund und dem Land Kärnten über gemeinsame Maßnahmen zur Sicherung eines ausgewogenen Verhältnisses von Wald und Wild".
Preis ÖS 105.— 62 S. |
| 1992 | 62 | Jeglitsch, Friedrich: Wildbachereignisse in Österreich 1983-1985.
Preis ÖS 75.— 72 S. |
| 1992 | 63 | Fürst, Alfred: Blatt- und nadelanalytische Untersuchungen im Rahmen des Waldschaden - Beobachtungssystems. Ergebnisse 1989.
Preis ÖS 40.— 37 S. |
| 1992 | Sonderheft 1 | Dragovic, Nada: Terminologie für die Wildbachverbauung. Fachwörterbuch deutsch - serbokroatisch. Terminologija Uredjenja Bujicnih Tokova. Recnik Strucnih Termina Srpskohrvatsko - Nemacki.
Preis ÖS 50.— 43 S. |
| 1992 | 64 | Jeglitsch, Friedrich: Wildbachereignisse in Österreich 1986-1988.
Preis ÖS 95.— 91 S. |
| 1992 | 65 | Nather, Johann (Hrsg.): Proceedings of the meeting of IUFRO - WP S2.02-21 on "Actual problems of the legislation of forest reproductive material and the need for harmonization of rules at an international level". Gmunden / Vienna - Austria, June 10. - 14. 1991.
Preis ÖS 200.— 180 S. |
| 1992 | 66 | Jeglitsch, Friedrich: Wildbachereignisse in Österreich 1989.
Preis ÖS 60.— 60 S. |
| 1992 | 67 | Ökosystemare Studien in einem inneralpinen Tal. Ergebnisse aus dem Projekt "Höhenprofil Zillertal".
Preis ÖS 180.— 152 S. |

1992	68	Luzian, Roland: Lawinenereignisse und Witterungsablauf in Österreich. Winter 1987/88, 1988/89, 1989/90, 1990/91. Preis ÖS 200.— 188 S.
1992	69	Holzschuh, Carolus: Neue Bockkäfer aus Asien III. 57 neue Bockkäfer aus Asien. Vorwiegend aus China, Thailand und Vietnam (Coleoptera, Cerambycidae). Preis ÖS 120.— 63 S.
1992	70	Ökosystemare Studien im Kalkalpin. Erste Ergebnisse aus dem Projekt "Höhenprofile Achenkirch". Preis ÖS 100.— 103 S.
1992	71	Österreichisches Waldschaden-Beobachtungssystem. Beiträge zum WBS-Seminar vom 23. April 1992. Preis ÖS 115.— 111 S.
1992	72	Voshmgir, D. (Bearb.). Das Schrifttum der Forstlichen Bundesversuchsanstalt. Teil IV: 1974 bis 1990. Preis ÖS 80.— 115 S.
1993	73	Müller, F. Auswahl und waldbauliche Behandlung von Gen-Erhaltungswäldern. Preis ÖS 25.— 24 S.
1993	74	Lawinenbericht 1991/92. Dokumentation und Fachbeiträge. Preis ÖS 80.— 110 S
1993	75	Holzschuh, C. Neue Bockkäfer aus Europa und Asien IV. 60 neue Bockkäfer aus Asien, vorwiegend aus China und Thailand (Coleoptera: Cerambycidae). Preis ÖS 100.— 63 S.
1994	76	Schadauer, K. Baumartenatlas für Österreich. Die Verbreitung der Baumarten nach Daten der Österreichischen Waldinventur. Preis ÖS 200.— 160 S.
1994	77	Kaiser, A. Projekt "Höhenprofil Zillertal" Analyse der vertikalen Temperatur- und Windstruktur und ihr Einfluß auf die Immissionskonzentrationen Preis ÖS 80.— 95 S.
1994	78	Herman, Friedl; Smidt, Stefan: Ökosystemare Studien im Kalkalpin. Höhenprofil Achenkirch. Ergebnisse aus dem Bereich Phyllosphäre Preis ÖS 120.— 134 S.
1994	79	Fürst, Walter; Johann, Klaus: Modellkalkulationen zum Naturverjüngungsbetrieb Preis ÖS 55.— 53 S.
1994	80	Andrecs, Peter: Schadensereignisse in Wildbacheinzugsgebieten Österreichs 1990 und 1991 Preis ÖS 50.— 47 S.
1994	81	Klimaänderung in Österreich. Herausforderung an Forstgenetik und Waldbau Preis ÖS 100.— 113 S.

