

Zeitschrift: Schweizerische Zeitschrift für Forstwesen = Swiss forestry journal = Journal forestier suisse

Herausgeber: Schweizerischer Forstverein

Band: 167 (2016)

Heft: 6

Artikel: Dynamische Generhaltung in Europas Wäldern : paneuropäische Konzepte nehmen Gestalt an

Autor: Schueler, Silvio / Konrad, Heino

DOI: <https://doi.org/10.5169/seals-1097455>

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften auf E-Periodica. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen sowie auf Social Media-Kanälen oder Webseiten ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. [Mehr erfahren](#)

Conditions d'utilisation

L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. La reproduction d'images dans des publications imprimées ou en ligne ainsi que sur des canaux de médias sociaux ou des sites web n'est autorisée qu'avec l'accord préalable des détenteurs des droits. [En savoir plus](#)

Terms of use

The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. Publishing images in print and online publications, as well as on social media channels or websites, is only permitted with the prior consent of the rights holders. [Find out more](#)

Download PDF: 01.05.2026

ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, <https://www.e-periodica.ch>

Dynamische Generhaltung in Europas Wäldern: Paneuropäische Konzepte nehmen Gestalt an

Silvio Schueler Institut für Waldgenetik, Bundesforschungs- und Ausbildungszentrum für Wald, Naturgefahren und Landschaft (AT)*
Heino Konrad Institut für Waldgenetik, Bundesforschungs- und Ausbildungszentrum für Wald, Naturgefahren und Landschaft (AT)

Dynamische Generhaltung in Europas Wäldern: Paneuropäische Konzepte nehmen Gestalt an

Unsere Wälder bestehen weitgehend aus Beständen von wilden, nicht domestizierten Baumarten und weisen eine hohe genetische Vielfalt auf, die von der nacheiszeitlichen Einwanderung und der Anpassung an lokale Umweltbedingungen geprägt ist. Zur Sicherung dieser genetischen Vielfalt wurden in vielen europäischen Ländern Erhaltungsprogramme aufgebaut, die neben Samenplantagen auch Generhaltungsbestände in situ umfassen. Das langfristige Ziel dieser als dynamische Generhaltung bezeichneten Massnahmen ist die Bewahrung der wichtigsten ökologischen und auf lange Sicht evolutionären Prozesse. Im Rahmen des europäischen Projektes «EUFGIS» wurden erstmals einheitliche Mindestanforderungen für Wälder zur dynamischen Generhaltung (DGEW) definiert. Auf Basis dieser Kriterien wurden alle in Europa ausgewiesenen Erhaltungsbestände in einer Datenbank erfasst und es wurde überprüft, inwieweit die aktuell ausgewiesenen Bestände die verschiedenen Ökozonen und die kontinentalen Schwerpunkte genetischer Vielfalt repräsentieren. Zudem wurde untersucht, wie stark die dynamische Generhaltung von den Auswirkungen des Klimawandels betroffen sein wird. Die Ergebnisse dieser Untersuchungen zeigen, dass das europäische Netzwerk der DGEW für einige Baumarten noch Lücken in der ökologischen und der phylogenetischen Repräsentativität aufweist und bis zu 65% aller Erhaltungsbestände einer Art vom Klimawandel massiv betroffen sein werden. Daher erscheint es dringend geboten, das Netzwerk der Generhaltungsbestände zu erweitern und zusätzliche Schutzmassnahmen inklusive eines stärkeren Saatguttransfers in Betracht zu ziehen.

Keywords: dynamic conservation, forest genetic resources, in situ conservation
doi: 10.3188/szf.2016.0325

* Seckendorff-Gudent-Weg 8, AT-1131 Wien, E-Mail silvio.schueler@bfw.gv.at

Obwohl Wälder seit Jahrtausenden vom Menschen mannigfaltig genutzt werden, sind auch die heutigen Baumbestände weitgehend nicht domestizierte, wilde Populationen und weisen eine hohe genetische Vielfalt auf. Ursache für die hohe Vielfalt innerhalb von Baumpopulationen und die geringen Unterschiede zwischen ihnen (Hamrick & Godt 1996) sind vor allem der hohe Genfluss durch Pollen und Samen, die langen Generationszyklen und die lokale Anpassung an kleinräumige Standortunterschiede (Csilléry et al 2014). Für die langfristige Stabilität des Ökosystems Wald gilt eine hohe genetische Vielfalt als unverzichtbar (Gregorius 1996). Gefährdungen der genetischen Vielfalt gehen von einer Vielzahl von Faktoren aus, gegenwärtig sind die meisten davon menschlichen Ursprungs. Lefèvre (2004) hat die vier wichtigsten Einflüsse zusammengefasst: 1) Züchtung und Auslese, 2) Saatguttransfer, 3) waldbauliche Massnahmen so-

wie 4) Änderungen der abiotischen und biotischen Umweltbedingungen.

Die genetische Variation von Waldbäumen kann mittels phänotypischer Merkmale oder mit verschiedenen genetischen Markern erfasst werden (Finkeldey 2010). Sofern die genetischen Marker nicht für spezifische Kandidatengene entwickelt wurden (Rellstab et al 2016, dieses Heft), analysieren sie derzeit vor allem die selektionsneutrale genetische Vielfalt. Damit geben sie uns Auskunft über die Dynamik der nacheiszeitlichen Einwanderung, über den Genfluss sowie die mögliche Einengung durch genetische Drift und Hybridisierung. Viele phänotypische Merkmale werden dagegen von Umweltbedingungen beeinflusst und als adaptive genetische Variation bezeichnet (Holderegger et al 2006). Dazu gehören phänologische Merkmale, aber auch die oft herkunftsspezifischen Beziehungen zwischen Klima und Wachstum, die beschreiben, wie Kli-

mafaktoren die Wachstumsleistung der jeweiligen Populationen beeinflussen (Kapeller et al 2012). Sowohl die neutrale als auch die adaptive genetische Variation von Waldbäumen ist sehr grossräumig strukturiert (Savolainen et al 2007, Gugerli & Sperisen 2010) und abhängig von der Topografie unserer Kontinente (Hewitt 1999) und den dort wirkenden Umweltfaktoren. Jegliche Aktivitäten zur Erfassung und Erhaltung der genetischen Vielfalt sollten deshalb die gesamten Verbreitungsgebiete der Baumarten berücksichtigen und nicht von nationalen Grenzen bestimmt werden.

Der Schutz der genetischen Vielfalt der Waldbäume wurde bereits 1968 durch die Einrichtung eines Expertenpanels durch die Welternährungsorganisation FAO forciert (Palmberg-Lerche 2007). In den 1980er-Jahren wurden in Europa im Zuge der durch die Luftverschmutzung ausgelösten Waldsterbensdebatte in vielen Ländern Generhaltungsprogramme gestartet, deren vordringlichstes Ziel es war, die natürlich vorhandene genetische Vielfalt möglichst umfassend zu sichern. Die Aktivitäten konzentrierten sich auf Ex-situ-Erhaltungsmassnahmen in Samenbanken, Samenplantagen und Klonsammlungen. Zur Erhaltung der Vielfalt innerhalb des natürlichen Ökosystems – in situ – wurden zudem Bestände als Generhaltungswälder ausgewiesen. Diese Bestände wurden in einem Bottom-up-Ansatz

von regionalen und nationalen Experten aufgrund bestimmter phänotypischer Eigenschaften, eines hohen Grads an Autochthonie oder ihres Vorkommens an besonderen Standorten ausgewählt. Die geografische Verbreitung der Arten, die grossräumigen Anpassungsmuster oder die phylogeografischen Muster wurden aufgrund fehlender wissenschaftlicher Grundlagen dagegen kaum berücksichtigt. Mit Einrichtung des «European Forest Genetic Resources Programme» (EUFORGEN) im Jahr 1994 wurden nationale Aktivitäten zur Generhaltung auf europäischer Ebene berichtet und abgestimmt sowie transnationale Programme zur Generhaltung entwickelt. Das langfristige Ziel dieser europäischen Aktivitäten ist die Priorisierung und Koordination von Generhaltungsmassnahmen unter Berücksichtigung der neuesten wissenschaftlichen Erkenntnisse zur neutralen und zur adaptiven genetischen Variation.

Generhaltungsziele und dynamische Generhaltung

Für Erhaltungsmassnahmen auf der Ebene von Ökosystemen, Arten und Kulturpflanzen können Erhaltungsziele vergleichsweise einfach definiert werden, denn es handelt sich meist um klar abgegrenzte und identifizierbare Einheiten. Dagegen müssen zur



Abb 1 Die natürliche Verjüngung eines Bestandes ist eine wichtige Voraussetzung dafür, dass eine möglichst hohe Anzahl an Genen in die nächste Generation weitergegeben wird.

Erhaltung der genetischen Vielfalt der «wilden» Waldbäume erhaltungswürdige Genotypen oder Populationen ausgewählt werden, die weit schwieriger von ihren Artgenossen abgegrenzt werden können. Am einfachsten ist die Auswahl der Bäume aufgrund von Eigenschaften, die für den Menschen bedeutsam sind, wie Wuchsleistung, Geradschaftigkeit oder Resistenz gegenüber biotischen oder abiotischen Schädigungen. Diese Merkmale sind leicht zu identifizieren, werden zu einem grossen Teil vererbt und können auch in Züchtungspopulationen eingesetzt werden (Sehr & Fluch 2016, dieses Heft). Damit ist nicht nur die Erhaltung dieser Genotypen, sondern auch ihre Nutzung und Weitergabe gesichert. Viele Eigenschaften von Waldbäumen lassen sich allerdings nicht mit phänotypischen Merkmalen erfassen, und auch die bisher vorhandenen molekularen Methoden erlauben keine Erfassung der gesamten genetischen Variation und ihrer Bedeutung. Aus diesem Grund wird bei Waldbäumen seit Langem die dynamische Erhaltung genetischer Ressourcen in situ als wichtigste Erhaltungsmassnahme angesehen (Eriksson et al 1993, Rotach 2005). Dynamische Generhaltung (DGE) bedeutet im Wesentlichen die Erhaltung der wichtigsten ökologischen und auf lange Sicht möglicherweise wirksam werdenden – potenziell – evolutionären Prozesse in ausreichend grossen natürlichen oder gepflanzten Baumbeständen. Zu

diesen Prozessen gehören vor allem der Genfluss durch Pollen und Samen und die Möglichkeit der natürlichen Verjüngung (Abbildung 1). Das Ziel der DGE ist die Sicherung der jeweiligen Waldbestände und deren inhärenten genetischen Vielfalt über viele Generationen. In vielen Fällen ist DGE gleichzusetzen mit In-situ-Erhaltung, allerdings steht bei Letzterer die Erhaltung im natürlichen Ökosystem im Vordergrund und nicht notwendigerweise die Integrität der natürlichen Prozesse. DGE von gefährdeten Populationen kann dagegen auch ausserhalb des ursprünglichen Habitats bzw. Verbreitungsgebiets einer Baumart ex situ stattfinden.

Minimalanforderungen an die dynamische Generhaltung

Für ein länderübergreifendes Netzwerk zur DGE müssen vergleichbare Auswahlkriterien und Aufnahmeparameter zur Charakterisierung der Bestände eingesetzt werden. Dabei sollten wissenschaftlich definierte Minimalanforderungen an Baumbestände gestellt werden, mit denen eine DGE über evolutionär relevante Zeiträume möglich ist. Im Projekt «Establishment of an European information system on forest genetic resources» (EUFGIS) wurden diese Minimalanforderungen in einem Ex-

Merkmal	Minimalanforderungen
Grundlegende Voraussetzungen	Die Generhaltungseinheit benötigt: <ol style="list-style-type: none"> 1) einen definierten Status als Generhaltungseinheit für Waldbäume, der von verantwortlichen Behörden anerkannt sein sollte; 2) einen Managementplan, in dem die Generhaltung als wichtiges Ziel definiert sein muss. Eine oder mehrere Baumarten sollten als Zielbaumarten für Generhaltung festgelegt sein. Eines der nachfolgenden Generhaltungsziele muss für die Zielbaumart zutreffen und für diese definiert sein: <ol style="list-style-type: none"> 1) die Erhaltung der genetischen Diversität in grossen Baumpopulationen; 2) die Erhaltung der spezifischen adaptiven Variation oder besonderer Merkmale in randlichen oder zerstreuten Populationen; 3) die Erhaltung von seltenen oder gefährdeten Baumarten in kleinen Populationen.
Populationsgrösse	Die minimale Populationsgrösse ist abhängig vom Erhaltungsziel: <p>Fall 1): Zur Erhaltung der genetischen Vielfalt in grossen Populationen von bestandsbildenden Baumarten sollte die Generhaltungseinheit mindestens 500 reproduzierende Bäume umfassen.</p> <p>Fall 2): Zur Erhaltung der spezifischen adaptiven Variation oder besonderer Merkmale in randlichen oder zerstreuten Populationen muss die Populationsgrösse mindestens 50 reproduzierende Bäume umfassen, im Falle zweihäusiger Arten mindestens 50 Samenbäume.</p> <p>Fall 3): Zur Erhaltung von seltenen oder gefährdeten Baumarten in kleinen Populationen sollten keinesfalls weniger als 15 reproduzierende Bäume vorhanden sein.</p>
Management	Forstwirtschaftliche Eingriffe sind erlaubt und sollten im Bedarfsfall aktiv unternommen werden, um: <ol style="list-style-type: none"> 1) die Existenz der Zielbaumart in der Generhaltungseinheit zu sichern; 2) geeignete Bedingungen für Vitalität, Wachstum und die natürliche Verjüngung zu schaffen.
Monitoring	Feldinventuren sollten im Abstand von fünf bis zehn Jahren durchgeführt werden, um den Erfolg der natürlichen Regeneration und die Populationsgrössen zu erfassen sowie die Managementpläne entsprechend anzupassen. Auch zwischen den Inventuren sollten die Einheiten regelmässig besucht werden, um zu prüfen, ob die Wälder noch dem Generhaltungsziel dienen und ob Schäden aufgetreten sind.

Tab 1 Paneuropäische Minimalanforderungen an die dynamische Erhaltung genetischer Ressourcen von Waldbäumen (Koskela et al 2013).

Repräsentativität dynamischer Generhaltung in Europa

Mit Stand Mai 2016 umfassen die nationalen Generhaltungsprogramme der 46 mit EUFORGEN kooperierenden europäischen Staaten 3230 DGEW von 100 Baumarten, welche die harmonisierten Minimalanforderungen für DGE erfüllen (Abbildung 2). In diesen Einheiten werden 4081 Populationen erhalten, was bedeutet, dass viele Einheiten mehr als eine Baumart beherbergen. Wie eine detaillierte Analyse durch Lefèvre et al (2013) zeigt, wurden auf nationaler Ebene in der Vergangenheit zwei unterschiedliche Strategien gewählt: Während einige Länder spezifische Reservate für einzelne Baumarten eingerichtet haben («species-oriented»), haben andere Länder versucht, die in natürlichen Waldgesellschaften gemeinsam vorkommenden Arten gleichzeitig zu schützen («site-oriented»). Das letztgenannte Vorgehen macht vor allem dann Sinn, wenn die Ressourcen begrenzt sind und schützenswerte genetische Vielfalt gemeinsam in einem Wald vorkommt, so wie dies zum Beispiel in Refugialgebieten beobachtet wurde (Petit et al 2003).

Die Anzahl DGEW pro Land und Baumart unterscheidet sich beträchtlich. Die bestandsbildenden Hauptbaumarten sind mit den meisten DGEW vertreten (z.B. Fichte [*Picea abies*]: 500 DGEW; Rotbuche [*Fagus sylvatica*]: 476 DGEW). Seltene und zerstreut vorkommende Arten sind dagegen weniger oft vertreten, der Speierling (*Sorbus domestica*) beispielsweise mit nur 2 DGEW. Abhängig von früheren nationalen Anstrengungen zur Generhaltung und deren Eignung für die DGE nach den definierten Mindestanforderungen sind auch die Unterschiede zwischen Ländern beträchtlich: Polen hat zum Beispiel 609 DGEW ausgewiesen, während in der Schweiz bisher nur 3 DGEW die Mindestvoraussetzungen erfüllen (siehe aber Rudow 2016, dieses Heft).

Ein wichtiger Gesichtspunkt für das langfristige Überleben der genetischen Ressourcen sind die Notwendigkeit einer aktiven Bewirtschaftung und die Abstimmung dieser Nutzungen mit den Generhaltungszielen (Lefèvre et al 2013): 60% der Einheiten werden multifunktional genutzt. Von allen Wäldern dienen 49% der Holzproduktion, 42% als Saatguterntebestände, und 13% erfüllen Schutzfunktionen. Die Überschneidung mit anderen Naturschutzzielen ist gering: Nur etwa 10% der Wälder dienen weiteren Massnahmen des Biodiversitätsschutzes.

Ein Grossteil der DGEW (etwa 80%) dient der Erhaltung der genetischen Vielfalt in grossen Baumpopulationen. Das bedeutet, dass diese Bestände mindestens 500 Bäume umfassen. Die Erhaltung der spezifischen adaptiven Variation oder besonderer Merkmale in randlichen oder zerstreuten Populationen wird für 15% der DGEW als Ziel genannt,

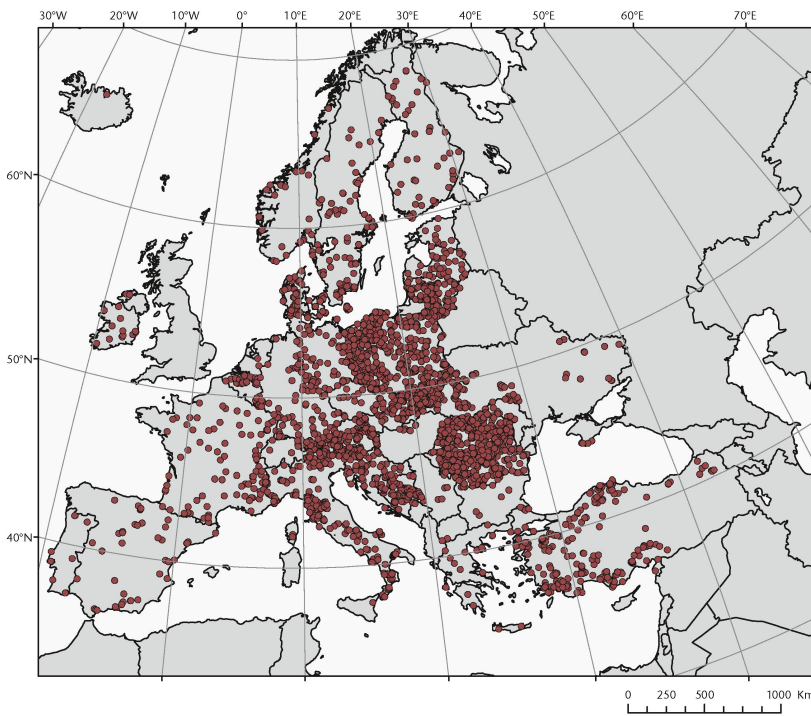


Abb 2 Übersicht über alle Generhaltungswälder zur dynamischen Erhaltung der genetischen Vielfalt der Baumarten. Quelle: <http://portal.eufgis.org> (6.7.2016)

pertenverfahren zunächst auf wissenschaftlicher Basis festgelegt und anschliessend auf ihre Anwendbarkeit in den bereits existierenden nationalen Generhaltungswäldern geprüft (Koskela et al 2013). Ausgangspunkt dafür waren eine umfassende Literaturstudie, das bereits existierende EUFORGEN-Programm mit den für die Baumarten zuständigen Experten und eine Umfrage unter den nationalen Verantwortlichen für forstliche Generhaltung. Nachdem in Workshops und Expertentreffen ein erster Entwurf für die Minimalanforderungen festgelegt wurde, fand ein Testlauf in den sechs Partnerländern von EUFGIS statt, auf dessen Basis die Anforderungen nochmals präzisiert und anschliessend als Grundlage für die DGE in Europa definiert wurden.

Diese Anforderungen legen den Status und die Erhaltungsziele eines Waldes zur dynamischen Generhaltung (DGEW) sowie Mindestpopulationsgrössen, Bewirtschaftungserfordernisse und den Monitoringaufwand fest (Koskela et al 2013). Drei Kategorien von Erhaltungszielen werden anerkannt (Tabelle 1), wobei Hauptbaumarten nur in den Kategorien 1) und 2) aufgenommen werden können und Kategorie 3) den seltenen und gefährdeten Arten vorbehalten ist. Eine weitere Anforderung betrifft das Management (Tabelle 1), das Eingriffe zur Förderung der Zielbaumarten ermöglichen muss. Damit unterscheidet sich DGE von einigen anderen Naturschutzkonzepten, in denen teilweise keinerlei Management erlaubt ist und damit potenziell das lokale Aussterben einer Art möglich ist.

während 5% der Erhaltung von seltenen oder gefährdeten Baumarten dienen.

Viele Baumarten kommen in einem breiten Spektrum an ökologischen Bedingungen vor und weisen Anpassungen an lokale Umweltbedingungen auf (Alberto et al 2013; Rellstab et al 2016, dieses Heft). Daher sollte ein europaweites Netzwerk an Generhaltungswäldern auch das Vorkommen in verschiedenen Ökozonen und damit die adaptive genetische Variation der Arten möglichst umfassend abdecken. Für die Analyse der ökologischen Repräsentativität (Lefèvre et al 2013) wurde die klimatische Einteilung Europas in 13 ökologische Zonen von Metzger et al (2005) genutzt und das Vorkommen der Baumarten in diesen Zonen mit der jeweiligen Anzahl DGEW verglichen. Eine erste Analyse für elf ausgewählte Baumarten weist auf grosse Unterschiede zwischen den Baumarten hin (Lefèvre et al 2013): DGEW der Hauptbaumarten wie Weisstanne (*Abies alba*) und Rotbuche decken 70% bzw. 92% der Ökozonen ihrer natürlichen Verbreitung ab. DGEW für zerstreut vorkommende und seltene Arten erfassen dagegen bisher nur einen geringen Teil der tatsächlich besiedelten Zonen (z.B. Vogelkirsche [*Prunus avium*]: 54%; Elsbeere [*Sorbus torminalis*]: 36%).

Neben der adaptiven genetischen Variation sind für viele Baumarten mittlerweile die phylogeografischen Muster der neutralen genetischen Variation bekannt (Gugerli & Sperisen 2010). Da ein Netzwerk an Generhaltungswäldern die wichtigsten phylogenetischen Linien einer Art erfassen sollte, wurde geprüft, inwieweit die vorhandenen DGEW die in den Refugialgebieten und nacheiszeitlichen Rückwanderungswegen differenzierten genetischen Linien der wichtigsten Baumarten erfassen. Für die Weisstanne erfassen die DGEW die zwei mütterli-

chen Abstammungslinien (Ziegenhagen et al 2005) verhältnismässig gut. Einzig Tannenpopulationen auf dem südlichen Balkan werden derzeit nicht berücksichtigt (Lefèvre et al 2013). Bei der Waldföhre (*Pinus sylvestris*) werden bisher nur zwei von drei mütterlichen Linien von DGEW erfasst (Cheddadi et al 2006, Lefèvre et al 2013).

Die Zuordnung von Populationen zu Abstammungslinien und das Vorkommen eines Bestandes in einer bestimmten ökologischen Zone können nur erste Hinweise auf ihre tatsächliche genetische Variation geben. Im Idealfall sollten verschiedene genetische Marker und Abschätzungen der adaptiven genetischen Variation verwendet werden, um die Repräsentativität des Netzwerks zu bewerten. Ein Beispiel für eine derartige Erhebung auf nationaler Ebene geben Schueler et al (2013) für die Fichte in Österreich: Auf Basis einer Klima-Wachstum-Analyse von 480 Herkünften, die auf 42 Herkunftsversuchsstandorten getestet wurden, und der genetischen Inventur von 1493 Bäumen mit mütterlich vererbten Markern sowie 2773 Bäumen mit Genmarkern des Zellkerns (Finkeldey 2010) konnten die verschiedenen Aspekte der genetischen Variation in einer hohen räumlichen Auflösung für Österreich dargestellt werden. Dabei zeigten sich die höchste adaptive Variation sowie die höchste molekulargenetische Variation am Alpenstrand und in den nördlichen Wuchsregionen. Die südlichen Regionen weisen eine überdurchschnittliche genetische Vielfalt auf, aber nur eine durchschnittliche adaptive Variation. Die 164 DGEW in Österreich erfassen allerdings nur die hohe genetische Variation im Süden, während im Norden und Osten des Landes nur wenige Einheiten zu finden sind. Hier müssen die Anstrengungen für DGE verstärkt werden.

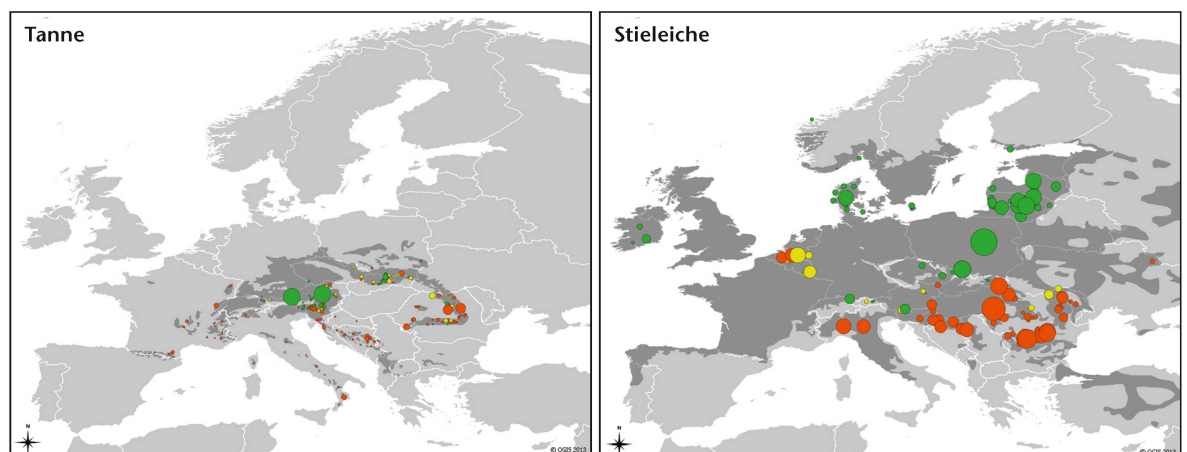


Abb 3 Natürliche Verbreitung von zwei Zielbaumarten der dynamischen Generhaltung (Tanne [*Abies alba*], links; Stieleiche [*Quercus robur*], rechts) und Gefährdung der Erhaltungspopulationen im Klimawandel anhand ihrer klimatischen Eignung und ihrer Möglichkeit, in klimatisch günstigere Standorte in ihrer unmittelbaren Umgebung zu wandern. Die klimatische Eignung wird durch die Farbe der Punkte markiert: grün: sehr gute Eignung; gelb: mässige Eignung, aber Population ist innerhalb der 95% des potenziellen klimatischen Vorkommensgebietes der Art; rot: Population ist ausserhalb der 95% des potenziellen klimatischen Vorkommensgebietes (siehe Schueler et al 2014). Die Möglichkeit, auf klimatisch günstigere Standorte überzusiedeln, wird durch die Grösse der Punkte charakterisiert (je grösser die Punkte, desto schwieriger die Übersiedlung).



Abb 4 Aktuell in Österreich auftretende Waldschäden, die die genetische Diversität der Bestände massiv beeinträchtigen und durch Klimawandel und Globalisierung ausgelöst werden. Links: Vitalitätsverluste und Absterben von Buchen an ihrer warm-trockenen Verbreitungsgrenze im Osten Österreichs. Mitte: massives Absterben der Schwarzkiefer an ihrem nordöstlichen Verbreitungsrand, ausgelöst durch die Hitzewelle im Sommer 2015 und einen Pilz (*Diplodia pinea*). Eschentriebsterben, ausgelöst durch den aus Asien eingeschleppten Schlauchpilz *Hymenoscyphus fraxineus*.

Gefährdung dynamischer Generhaltungseinheiten durch den Klimawandel

Um die langfristige Erhaltungswürdigkeit der DGEW im Klimawandel abzuschätzen und gegebenenfalls zusätzliche Schutzmassnahmen zu initiieren, wurde die Gefährdung der sechs häufigsten Zielbaumarten in den DGEW abgeschätzt und überprüft, inwieweit das Netzwerk auch klimatisch «extreme» Populationen mit entsprechender lokaler Anpassung enthält (Schueler et al 2014). Die Analyse ergab, dass bis zum Jahr 2100 33 bis 65% der DGEW einem Klima ausgesetzt sein werden, das signifikant ausserhalb der heutigen klimatischen Nische der Zielbaumarten liegt. Damit wären grosse Teile der DGEW vor allem im Süden Europas gefährdet, denn dort befinden sich die Baumarten schon heute oft an der warm-trockenen Grenze ihres natürlichen Vorkommens. Allerdings zeichnen sich viele südliche DGEW dadurch aus, dass sie in gebirgigen Regionen beheimatet sind. Das bedeutet, dass auf kleiner räumlicher Skala eine hohe klimatische Heterogenität anzutreffen ist und gefährdete Populationen in höheren Lagen durchaus kleinräumig überleben könnten (Jump et al 2009). In den DGEW der mittel- und nordeuropäischen Tiefebene existieren dagegen weniger räumliche Puffer, und die Baumarten haben keine Möglichkeit, in klimatisch günstigere Nachbarhabitats auszuweichen (Abbildung 3). Welche Auswirkungen die klimatischen Veränderungen für die Zielbaumarten in einzelnen Wäldern haben werden, ist derzeit kaum zu prognostizieren, denn

neben den unmittelbaren Auswirkungen von Temperaturerhöhung und Trockenheit sind Interaktionen mit Schadorganismen ein häufiger Auslöser von Absterbeereignissen (Abbildung 4). In jedem Fall liefert die Einschätzung der klimatischen Gefährdung Hinweise darauf, welche DGEW besonders gefährdet sind und daher verstärkt beobachtet werden sollen. Für derartige Bestände sollten zusätzliche Erhaltungsmassnahmen angedacht werden, wie die Anlage von Samenplantagen oder der Transfer von Vermehrungsgut in klimatisch «sicherere» Umwelten. Derartige Ansätze zur «Assisted Migration» oder zum «Assisted Gene Flow» werden bereits als eine wichtige Säule zur Erhaltung der genetischen Vielfalt von Baumarten angesehen (Leech et al 2011, Aitken & Bemmels 2016, Rellstab et al, dieses Heft 2016) und sollten vorurteilsfrei auch in Europa geprüft werden.

Schlussfolgerungen

Seit mehr als 30 Jahren ist die Erhaltung der genetischen Vielfalt der Waldbäume ein wichtiges Thema für Wissenschaftler, Manager von forstlichem Saat- und Pflanzgut sowie Forstpolitikern. Im letzten Jahrzehnt sind auf Basis vorausgegangener nationaler Initiativen entscheidende Schritte auf europäischer Ebene gemacht worden, die in Zukunft eine paneuropäische Erhaltung der genetischen Vielfalt ermöglichen sollten. Die Analyse der – nun einheitlich definierten – DGEW zeigt, dass das gegenwärtige Netzwerk an Erhaltungseinheiten noch

Lücken im Hinblick auf ökologische und genetische Repräsentativität aufweist (Lefèvre et al 2013) und dass zahlreiche Einheiten aufgrund des rasch fortschreitenden Klimawandels stark gefährdet sind (Schueler et al 2014). Auf Basis dieser Problemanalyse wurden in der vergangenen EUFORGEN-Förderperiode (2010–2015) Strategien zur Entwicklung von Kernnetzwerken (core networks) für einzelne Baumarten entwickelt (de Vries et al 2015) und die Nutzung von forstlichem Vermehrungsgut bei der Anpassung an den Klimawandel näher evaluiert (Konnert et al 2015).

Insgesamt belegen die hier dokumentierten Aktivitäten, dass forstliche Generhaltung ein sehr aktives Feld ist, dass aber weiterhin umfangreiche Bemühungen auf nationaler und europäischer Ebene erforderlich sind, um die genetische Vielfalt der Waldbäume und die darauf aufbauenden Waldfunktionen nachhaltig zu sichern. ■

Eingereicht: 20. Januar 2016, akzeptiert (mit Review): 7. Juli 2016

Dank

Dieser Beitrag basiert unter anderem auf den Ergebnissen des EU-Projektes EUFGIS (Vertrag AGRI-2006-0261). Für die Zusammenarbeit im Projekt möchten wir uns bei den Projektpartnern (J. Koskela, F. Lefèvre, M. Bozzano, J. Hubert, H. Kraigher, R. Longauer, D. C. Olrik, W. Falk) und den Teilnehmern des EUFORGEN-Programms bedanken. Besonderen Dank geht an das EUFORGEN-Sekretariat in Rom und M. Bozzano für die Erstellung der Abbildung 2.

Literatur

- AITKEN S, BEMMELS JB (2016) Time to get moving: assisted gene flow of forest trees. *Evol Appl* 9: 271–290.
- ALBERTO F, AITKEN SN, ALIA R, GONZÁLEZ-MARTÍNEZ SC, HANNINEN H ET AL (2013) Potential for evolutionary responses to climate change – evidence from tree populations. *Glob Chang Biol* 19: 1645–1661.
- CHEDDADI R, VENDRAMIN GG, LITT T, FRANÇOIS L, KAGEYAMA N ET AL (2006) Imprints of glacial refugia in the modern genetic diversity of *Pinus sylvestris*. *Glob Ecol Biogeogr* 15: 271–282.
- CSILLÉRY K, LALAGÜE H, VENDRAMIN GG, GONZÁLEZ-MARTÍNEZ SC, FADY B ET AL (2014) Detecting short spatial scale local adaptation and epistatic selection in climate-related candidate genes in European beech (*Fagus sylvatica*) populations. *Mol Ecol* 23: 4696–4708.
- DE VRIES SMG, ALAN M, BOZZANO M, BURIANEK V, COLLIN E ET AL (2015) Pan-European strategy for genetic conservation of forest trees and establishment of a core network of dynamic conservation units. European Forest Genetic Resources Programme (EUFORGEN). Rome: Biodiversity International. xii + 40 p.
- ERIKSSON G, NAMKOONG G, ROBERDS JH (1993) Dynamic gene conservation for uncertain futures. *For Ecol Manage* 62: 15–37.
- FINKELDEY R (2010) Kleines genetisches Glossar. *Schweiz Z Forstwes* 161: 194–197. doi: 10.3188/szf.2016.0194
- GREGORIUS HR (1996) The contribution of the genetics of populations to ecosystem stability. *Silvae Genet* 45: 267–271.
- GUGERLI F, SPERISEN C (2010) Genetische Struktur von Waldbäumen im Alpenraum als Folge (post)glazialer Populationsgeschichte. *Schweiz Z Forstwes* 161: 207–215. doi: 10.3188/szf.2010.0207
- HAMRICK JL, GODT MJW (1996) Effects of life history traits on genetic diversity in plant species. *Phil Trans Roy Soc B: Biol Sci* 351: 1291–1298.
- HEWITT GM (1999) Post-glacial re-colonization of European biota. *Biol J Linn Soc* 68: 87–112.
- HOLDEREGGER R, KAMM U, GUGERLI F (2006) Adaptive vs. neutral genetic diversity: implications for landscape genetics. *Landsc Ecol* 21: 797–807.
- JUMP AS, MÁTYÁS C, PEÑUELAS J (2009) The altitude-for-latitude disparity in the range retractions of woody species. *Trends Ecol Evol* 24: 694–701.
- KAPELLER S, LEXER MJ, GEBUREK T, HIEBL J, SCHUELER S (2012) Intraspecific variation in climate response of Norway spruce in the eastern Alpine range: Selecting appropriate provenances for future climate. *For Ecol Manage* 271: 46–57.
- KONNERT M, FADY B, GÖMÖRY D, A'HARA S, WOLTER F ET AL (2015) Use and transfer of forest reproductive material in Europe in the context of climate change. European Forest Genetic Resources Programme (EUFORGEN). Rome: Biodiversity International. xvi + 75 p.
- KOSKELA J, LEFÈVRE F, SCHUELER S, KRAIGHER H, OLRİK DC ET AL (2013) Translating conservation genetics into management: Pan-European minimum requirements for dynamic conservation units of forest tree genetic diversity. *Biol Conserv* 157: 39–49.
- LEECH SM, LARA ALMUEDO PL, O'NEILL G (2011) Assisted Migration: adapting forest management to a changing climate. *BC J Ecosyst Manage* 12: 18–34.
- LEFÈVRE F (2004) Human impacts on forest genetic resources in the temperate zone: an updated review. *For Ecol Manage* 197: 257–271.
- LEFÈVRE F, KOSKELA J, HUBERT J, KRAIGHER H, LONGAUER R ET AL (2013) Dynamic conservation of forest genetic resources in 33 European countries. *Conserv Biol* 27: 373–384.
- METZGER MJ, BUNCE RGH, JONGMAN RHG, MÜCHER CA, WATKINS JW (2005) A climatic stratification of the environment of Europe. *Glob Ecol Biogeogr* 14: 549–563.
- PALMBERG-LERCHE C (2007) Technical review of status and trends of the world's forest genetic resources. Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations, Commission for Genetic Resources for Food and Agriculture, Background Study Paper 36.
- PETIT RJ, AGUINAGALDE I, DE BEAULIEU JL, BITTKAU C, BREWER S ET AL (2003) Glacial refugia: hotspots but not melting pots of genetic diversity. *Science* 300: 1563–1565.
- RELLSTAB C, PLUESS AR, GUGERLI F (2016) Lokale Anpassung bei Waldbaumarten: genetische Prozesse und Bedeutung im Klimawandel. *Schweiz Z Forstwes* 167: 333–340. doi: 10.3188/szf.2016.0333
- ROTACH P (2005) In situ conservation methods. In: Geburek T, Turok J, editors. Conservation and management of forest genetic resources in Europe. Zvolen: Arbora Publishers. pp. 535–566.
- RUDOW A (2016) Generhaltung in bestehenden Waldreservaten. *Schweiz Z Forstwes* 167: 344–347. doi: 10.3188/szf.2016.0341
- SAVOLAINEN O, PYHÄJÄRVI T, KNÜRR T (2007) Gene flow and local adaptation in trees. *Ann Rev Ecol Evol Syst* 38: 595–619.
- SCHUELER S, KAPELLER S, KONRAD H, GEBUREK T, MENGL M ET AL (2013) Adaptive genetic diversity of trees for forest conser-

vation in a future climate: a case study on Norway spruce in Austria. *Biodiv Conserv* 22: 1151–1166.

SCHUELER S, FALK W, KOSKELA J, LEFÈVRE F, BOZZANO M ET AL (2014) Vulnerability of dynamic conservation units of forest trees in Europe to climate change. *Glob Chang Biol* 20: 1498–1511.

SEHR EM, FLUCH S (2016) Markerunterstützte Selektion im Forstbereich: theoretisch, praktisch, zukünftig? *Schweiz Z Forstwes* 167: 341–343. doi: 10.3188/szf.2016.0341

ZIEGENHAGEN B, FADY B, KUHLENKAMP V, LIEPELT S (2005) Differentiating groups of *Abies species* with a simple molecular marker. *Silvae Genet* 54: 123–126.

La conservation dynamique de la génétique dans les forêts européennes: les concepts paneuropéens prennent forme

Les forêts européennes se composent principalement de populations d'arbres sauvages et non domestiqués qui montrent un haut taux de variation génétique qui a été façonné par les migrations postglaciaires ainsi que par l'adaptation à leurs environnements locaux. Afin de conserver cette diversité génétique, un grand nombre de pays européens ont développé des programmes pour la conservation des ressources génétiques forestières, ce qui inclut à part des vergers à graines aussi bien des peuplements pour la conservation génétique in situ. Le but à long terme de cette mesure appelée «conservation génétique dynamique» vise à maintenir les processus écologiques les plus importants et à long terme évolutifs. Dans le projet de coopération européenne EUFGIS, des exigences minimales pour la conservation génétique dynamique des forêts ont été développées. Sur la base de ces critères, toutes les unités de conservation génétique nommées en Europe ont été répertoriées dans une banque de données. De plus, leur représentativité pour la conservation des zones écologiques et continentales riches en diversité génétique a été analysée, et la vulnérabilité du réseau a été étudiée dans un contexte de changement climatique. Les résultats montrent que le réseau actuel des unités de conservation génétique dynamique pour différentes espèces d'arbres contient des lacunes dans sa représentativité écologique et phylogénétique, et plus de 65% des unités de conservation désignées pour une espèce cible vont être très vulnérables aux changements climatiques. Ainsi, le réseau des unités de conservation génétique des forêts a besoin d'être étendu, et des actions additionnelles transnationales de conservation incluant des schémas de migration européens doivent être considéré.

Dynamic gene conservation in European forests: Pan-European concepts shaping up

Forests in Europe consist mainly of wild, undomesticated tree populations showing high genetic variation that has been shaped by postglacial migration and manifold adaptations to their local environments. To conserve this genetic diversity, many European countries have developed programs for the conservation of forest genetic resources, which consist not only of seed orchards but also of forest stands for in situ gene conservation. The long-term aim of the so called “dynamic gene conservation” is the maintenance of the most important ecological and, on a longer time scale, evolutionary processes. In the European cooperation project EUFGIS, Pan-European minimum requirements for units of dynamic gene conservation in forests were developed. On the basis of these criteria, a common database of all these identified units was established. Moreover, the representativeness of the nominated conservation units for ecological zones and continental hot spots of genetic diversity was analyzed, and the vulnerability of the network under climate change was investigated. This analysis showed that the present network of dynamic conservation units for various tree species contains significant gaps in its ecological and phylogenetic representativeness and indicates that up to 65% of the nominated conservation units of a target tree species will be highly vulnerable under climate change. Therefore, the network of gene conservation units needs to be extended, and additional transnational conservation actions including European assisted migration schemes should be considered.