

Genetische Inventur der Fichte in Österreich: große Vielfalt, unterschätzte Naturnähe

Die Fichte hat sich in großen Teilen Österreichs trotz intensiver Bewirtschaftung ihre genetische Identität und genetische Vielfalt erhalten können. Erstmals liegt eine genetische Karte der österreichischen Fichten-Population vor.

In Kooperation mit dem Institut für Waldinventur wurde am Institut für Genetik das Projekt „Geographisch-genetische Karte der österreichischen Population der Fichte“ durchgeführt. Dabei wurden im Zuge der Österreichischen Waldinventur (ÖWI) Nadelproben von Fichten aller Probeflächen, auf denen die Baumart vorkommt, in den Perioden 2000/02 und 2007/09 gesammelt und anschließend einer molekulargenetischen DNA-Analyse unterzogen.

Einwanderungsgeschichte und genetische Vielfalt

Die daraus resultierenden Daten sollten wichtige Erkenntnisse zur Einwanderungsgeschichte der Fichte sowie zur Abschätzung des Grades der menschlichen Beeinflussung und damit ihrer Naturnähe (Hemerobie) liefern. Darüber hinaus sollte anhand von genetischen Markern untersucht werden, wie groß die genetische Vielfalt und damit auch das adaptive Potenzial im Hinblick auf den Klimawandel ist.

Insgesamt wurden fast 2800 DNA-Proben an verschiedenen Genorten (Mitochondrien und Zellkern) untersucht. Diese Daten wurden zum einen für die Untersuchung der Einwanderungsgeschichte und der Naturnähe herangezogen, zum anderen um die genetische Vielfalt der Baumart abschätzen zu können. Während Genmarker aus dem Zellkern sich hauptsächlich für die Analyse der genetischen Vielfalt und Untersuchung von geographischen Mustern eignen, können mit Genmarkern aus den Mitochondrien (hier wird die ge-



Die Pollen der Fichte können sich innerhalb einer Höhenstufe über mehrere Kilometer verbreiten.

netische Information nur über die Samen weitergegeben) Aussagen über die Ausbreitungsgeschichte getroffen werden.

Fichte aus drei Gebieten eingewandert

Die Ergebnisse zeigen, dass die nacheiszeitliche Einwanderung vorwiegend von drei Regionen aus erfolgte: Refugien am Ostalpenrand, im Böhmerwald und aus dem Nordbalkan. Die Bedeutung des Refugiums am Nordbalkan für die Besiedelung des Ostalpenraumes dürfte in früheren Untersuchungen unterschätzt worden sein. Die österreichischen Untersuchungen wurden deshalb durch Analysen mit Material aus Bosnien-Herzegowina und Serbien ergänzt.

Insgesamt ist bei den Ergebnissen der mitochondrialen Genmarker eine Dreiteilung der Population erkennbar (Abbildung 1): Die deutliche Dominanz des Haplotyps (Variante) 815 in Westösterreich deutet entweder auf ein separates Refugium am Ostalpenrand hin bzw. ist Ergebnis

eines Flaschenhalseffektes, das heißt es konnte sich dieser Typ in relativ kurzer Zeit über das gesamte Gebiet verbreiten. Haplotyp 842 kommt am zweithäufigsten vor, und zwar vor allem im Norden und Nordosten Österreichs. Dieser Haplotyp ist hauptsächlich zentraleuropäisch verbreitet und repräsentiert vermutlich ein Glazialrefugium im Bereich des Böhmerwaldes. Überraschend weit verbreitet ist auch Haplotyp 778; dieser kommt nicht nur im Süden und Südosten Österreichs (vermutlich natürlich) vor, sondern auch in Teilen der Kalkalpen und Tirols.

Im Westen Österreichs ist genetisches Muster sehr natürlich

Im Vergleich von autochthonen (Schutzwäldern) und bewirtschafteten Wäldern zeigt sich, dass die genetischen Muster vor allem im Westen - trotz intensiver Bewirtschaftung und langjährigem übernationalen Saatguttransfer - sehr dem potenziell natürlichen Zustand ähneln.

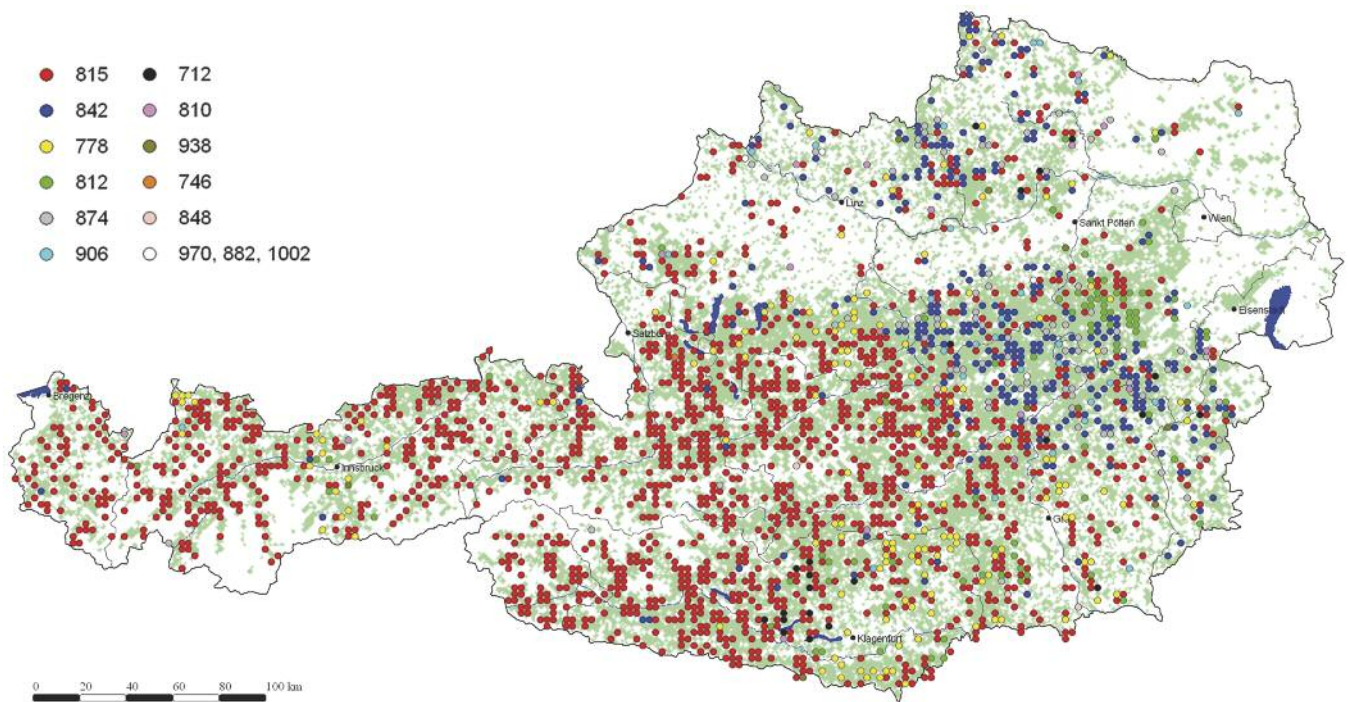


Abbildung 1: Verbreitung der mitochondrialen Varianten (Haplotypen) in Österreich. Haplotyp 815 (rot) dominiert in Westösterreich, Haplotyp 842 (blau) ist im Nordosten weit verbreitet, während Haplotyp 778 (gelb) vor allem in Südösterreich vorkommt.

Erwartungsgemäß war die Variation und Durchmischung in Ostösterreich größer. Hier wäre allerdings auch unter natürlichen Bedingungen mit höherer Vielfalt zu rechnen, da mehrere Refugien an der nacheiszeitlichen Besiedlung dieses Areals beteiligt waren. In einigen Regionen Österreichs weicht die Verteilung der genetischen Varianten allerdings örtlich auffallend ab (zum Beispiel Teile Nordtirols, des Salzkammergutes, in der Mur-Mürz-Furche sowie im Waldviertel), was auf die (historische) Verwendung von nicht autochthonem Vermehrungsgut hinweist.

Ausgeprägter Pollenflug innerhalb einer Höhenstufe

Die Ergebnisse der Genmarker aus dem Zellkern zeigen, dass die Fichte eine sehr hohe genetische Vielfalt an den untersuchten Genorten aufweist. Der Heterozygotiegrad (Grad der Mischerbigkeit) ist sehr hoch und beträgt im Durchschnitt fast 90%. Die Ergebnisse bestätigen außerdem einen ausgeprägten Pollenflug bei der Fichte innerhalb einer Höhenstufe (viele Kilometer). Aufgrund der hohen genetischen Vielfalt kann ein hohes Anpassungspotenzial für die Fichte in Österreich angenommen werden. Da das nukleare Genom neben den Samen

auch durch Pollen verbreitet wird, zeigt sich kein so deutliches Muster in der Populationsstruktur wie beim mitochondrialen Genom, das nur über die Samen verbreitet wird.

In der „Genetic Landscape Shape“-Analyse (Abbildung 2) zeichnet sich aber ebenfalls eine deutliche West-Ost-Gliederung ab. In dieser Analyse scheint die Topologie Österreichs

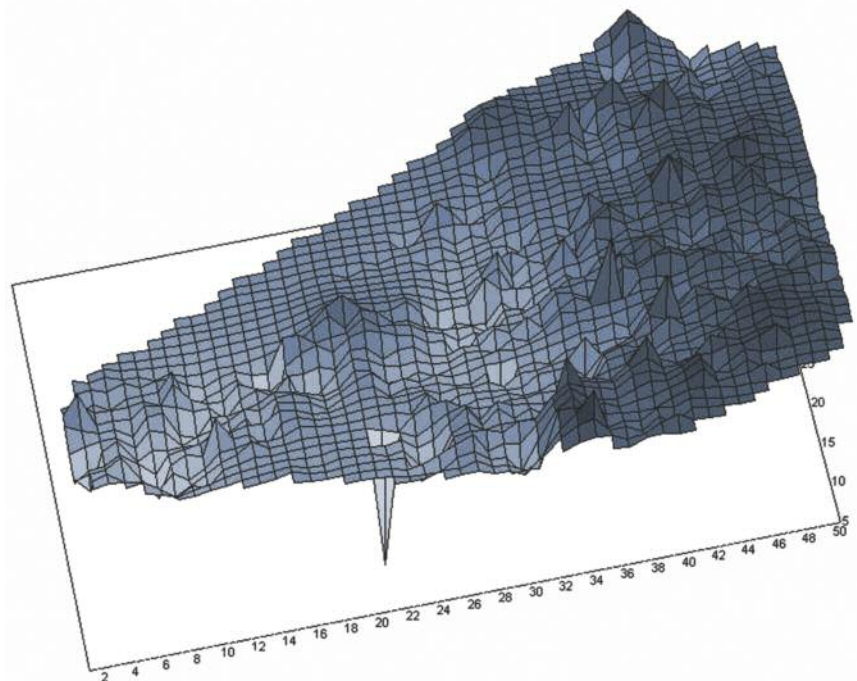


Abbildung 2: Geographisch-genetisches Muster der Fichte in Österreich (Analyse der Zellkern-DNA). Die Grafik zeigt, ob Markervarianten räumlich geklumpt auftreten. Bereiche mit homogener räumlicher Verteilung der Varianten sind heller und flacher dargestellt; Bereiche mit großen Unterschieden auf niedrige räumliche Entfernung sind dunkler und „gebirgig“ dargestellt. Die Topographie Österreichs erscheint in den Ergebnissen umgekehrt: in Westösterreich sind die Varianten relativ gleichmäßig verteilt, während in Ostösterreich kleinräumig große Unterschiede in der Verteilung der Varianten deutlich werden.

umgekehrt: Die gebirgigen Regionen haben niedrige genetische Distanzwerte, während die flacheren Bereiche im Osten hohe genetische Distanzen aufweisen.

Im Westen mehr Naturverjüngung?

In Westösterreich ist die Homogenität der Population auch in den nuklearen Daten auffallend und bestätigt das Vorhandensein von überwiegend natürlichen Verbreitungsmustern. Dies lässt sich wahrscheinlich auf die vorwiegende Anwendung von Naturverjüngung und die Verwendung von lokalen Herkünften von Pflanzgut in weiten Teilen des Alpenraumes zurückführen. Durch die starke Bindung an die Höhenstufe sind die Forstleute hier vermutlich stärker für die Verwendung von geeigneten Herkünften sensibilisiert. Überdies wird in weiten Teilen des Schutzwaldes eine sehr naturnahe Bewirtschaftung gepflegt. In Ostösterreich zeigt sich ein deutlich weniger

homogenes Bild, was sehr wahrscheinlich auf den menschlichen Einfluss durch die Verbringung von Vermehrungsgut zurückzuführen ist.

Empfehlungen zu Höhenstufen und Wuchsgebieten weiter gültig

Die in dieser Untersuchung gewonnenen Erkenntnisse sollen allerdings keinesfalls die bisherigen Empfehlungen zur Verwendung von Herkünften aus entsprechenden Höhenstufen und Wuchsgebieten in Frage stellen. Es wurden hier nur neutrale Marker verwendet. Aufgrund der vorgestellten Daten kann nicht auf lokale Anpassung oder Eignung für Transfer von Vermehrungsgut geschlossen werden. Diese selektiven Prozesse werden durch die verwendeten Markersysteme nicht abgebildet.

Abschließend kann gesagt werden, dass sich die Fichte in großen Teilen Österreichs trotz intensiver Bewirtschaftung ihre genetische Identität und genetische Vielfalt erhalten hat.

Dieses Projekt wurde parallel mit dem Gemeinschaftsprojekt „Green Heritage“ (AIT und BFW) durchgeführt, das Züchtung auf molekularer Basis zum Ziel hat. Aufgrund der Ergebnisse erscheinen diese Auslesebemühungen realistisch. Die im Projekt AUPICMAP durchgeführten Untersuchungen stellen einen wichtigen Beitrag zur Erhaltung und Verbesserung der Leistungsfähigkeit der Fichte und damit der gesamten österreichischen Forstwirtschaft dar. Wir danken dem Lebensministerium, FHP, LIECO, der Österreichischen Bundesforste AG und der Österreichischen Forschungsförderungsgesellschaft (FFG) für die finanzielle Unterstützung.

Dipl.-Ing. Dr. Heino Konrad, Dipl.-Ing. Michael Mengl,
Univ.-Prof. Dr. Thomas Geburek, Institut für Genetik,
Waldforschungszentrum BFW, Hauptstraße 7, 1140
Wien, E-Mail: heino.konrad@bfw.gv.at

wald wissen .net



Informationen für die Forstpraxis



*Waldwissen.net feiert Geburtstag –
und ändert sein Erscheinungsbild.*

*Lesen Sie mehr auf
www.waldwissen.net*

Ihre Waldwissen-Redaktion des BFW