

Verordnung zur Erhaltung der Fischereiresourcen und die Fischereigesetze der Länder mit diesem Thema. Aufgrund der grenzübergreifenden Relevanz ist die Einschleppung und Verbreitung invasiver gebietsfremder Arten jedoch vielfach nur global, im internationalen Kontext bzw. im EU-Rahmen zu verhindern oder zu verringern. Im nationalen Alleingang können zwar einzelne Aktionen durchgeführt werden, wie z. B. Ausrottungsmaßnahmen oder Vermarktungs- und Verbringungsverbote einzelner Arten, der Schutz vor Einschleppung von problematischen Arten mit Holzverpackungen, mit Saatgut und Futtermitteln und vor allem durch den internationalen Handel sind national aber nicht lösbar. Durch die Verknüpfungen zwischen internationalen und nationalen Verpflichtungen und Vernetzungen sind die grundsätzlichen Voraussetzungen jedoch gegeben, diese Probleme zu lösen oder zumindest zu reduzieren. Eine Reihe von wirksamen Schutzmaßnahmen ist bereits gegen die Einschleppung solcher Arten etabliert, veränderte Rahmenbedingungen und neue Einschleppungswege machen jedoch eine kontinuierliche Anpassung und Neuentwicklung dieser Maßnahmen erforderlich.

Ausblick

Für die Zukunft ist zu erwarten, dass die Gefahr der Einschleppung bzw. Einbringung und Verbreitung invasiver gebietsfremder Arten durch die weitere Globalisierung und Zunahme des Handels und internationalen Transports, aber auch durch Klimaveränderungen noch steigen wird. Hohe Kosten können durch Bekämpfungs-, Renaturierungs- und Arterhaltungsmaßnahmen entstehen. Vorausschauende Bewertungen und Risikoanalysen sind notwendig, um die Risiken zu erkennen, sie entsprechend einordnen zu können und die notwendigen Schutzmaßnahmen daraus abzuleiten.

Relevante Projekte

019, 020, 024, 025, 026, 034, 036, 037, 038, 093, 112

5 Biodiversität im Kontext genetischer Ressourcen

Heike Liesebach (BFH), Lothar Frese (BAZ)

Hintergrund

Neben der Vielfalt der Ökosysteme und der Artenvielfalt existiert als dritte Ebene der biologischen Vielfalt die genetische Diversität, die sich auf die genetische Variation innerhalb einer Art bezieht. Einerseits ist die Biodiversität insgesamt und deren genetische Ebene insbesondere ein schützenswertes Allgemeingut der Gesellschaft, andererseits bietet sie ein beträchtliches ökonomisches Potential für die Zukunft. Um dieser Verantwortung gerecht zu werden, werden mehr wissenschaftliche Kenntnisse über räumlich und zeitlich strukturierte genetische Variationen und über populationsgenetische Prozesse benötigt. Die innerartliche, genetische Vielfalt wird generell als wichtigste Voraussetzung für eine Anpassungsfähigkeit von Populationen und Arten an sich ändernde Bedingungen angesehen. Dies betrifft z.B. den Aspekt der

Klimaänderungen, aber auch weitere Aspekte zukünftiger, jetzt noch unbekannter Bedürfnisse der Gesellschaft.

Genetische Variationen innerhalb von Arten können durch Anpassung an unterschiedliche Umweltbedingungen im jeweiligen Verbreitungsgebiet zustande kommen (Selektion). Geographisch oder regional strukturierte genetische Variationen resultieren auch aus einer begrenzten Ausbreitung durch aktive Bewegung bei Tierarten und durch begrenzten Pollen- und Samentransport bei Pflanzenarten (Migration = Genfluss). Räumliche Begrenzungen können sich sowohl durch Umweltfaktoren, auch geographische Barrieren, als auch durch Konkurrenzsituationen mit der eigenen und anderen Arten ergeben. Neue individuelle genetische Varianten entstehen bei der sexuellen Reproduktion durch Rekombination der mütterlichen und väterlichen Erbanlagen und durch spontane Mutation. Durch die genetische Variation innerhalb von Populationen besteht ein gewisses Anpassungspotential an verschiedene Umweltbedingungen. Die zahlreichen genetischen Varianten können jedoch nicht in einem Individuum vereint sein, sondern sind auf viele Individuen der Population verteilt, die eine Reproduktionsgemeinschaft bilden. Bei kleinen Populationen können sich durch Zufallsprozesse die Häufigkeiten von genetischen Varianten verschieben oder es können sogar genetische Varianten verloren gehen (genetische Drift). Damit sind die Prozesse der Selektion, Migration, Rekombination, Mutation und Drift genannt, die die genetische Variation bedingen.

Die Erforschung der genetischen Diversität und Untersuchungen zu ihrer nachhaltigen Nutzung werden in verschiedenen Richtungen durchgeführt. Die Ressortforschungseinrichtungen des BMELV unterhalten z.B. Genbanken und Versuchsflächen als eine Voraussetzung für langfristige Untersuchungen. Der Erhaltung und Erforschung der Biodiversität auf genetischer Ebene dienen die Sammlungen von reproduktionsfähigem Material verschiedener genetischer Varianten aus dem Verbreitungsgebiet von wirtschaftlich genutzten oder potentiell nutzbaren Pflanzen-, Tier- und Mikroorganismen-Arten. Solche Ex-situ-Sammlungen/Genbanken von Mikroorganismen werden in der BAZ und in der BBA betreut. Des Weiteren werden Ansätze zur In-situ-Erhaltung, -Charakterisierung und -Entwicklung von Biodiversität verfolgt, z.B. an der BAZ und der BFH, wo zahlreiche forstliche Versuchsflächen wirtschaftlich bedeutender Baumarten mit Material aus den jeweiligen Verbreitungsgebieten gehalten werden. Forschungsarbeiten dieser Richtung stellen eine wichtige Grundlage zur Beschreibung der Anpassungsfähigkeit von fremd- und selbstbefruchtenden, z.T. langlebigen Organismen auf Populationsebene und der dazu notwendigen genetischen Basis dar.

Äußerlich sichtbar sind nur die phänotypischen Variationen innerhalb von Arten. Diese phänotypischen Variationen sind sowohl vom Genotyp als auch von der Umwelt abhängig und können durch Wechselwirkungen beider Faktoren beeinflusst sein. Die quantitative Genetik beschreibt mit statistischen Methoden, welcher Anteil der Gesamtvarianz eines phänotypischen Merkmals genetisch bedingt ist und ist u.a. ein wichtiges Instrument in der Erfassung der innerartlichen genetischen Diversität.

Darüber hinaus werden direkte Verfahren zur Beschreibung und Quantifizierung der genetischen Variation verwendet. Mit sog. Genmarkern können bestimmte Abschnitte aus der gesamten genetischen Information eines Organismus und deren individuelle Varianten methodisch reproduzierbar untersucht werden. Zu den Genmarkern zählen Proteine (Isoenzyme) und die zahlreichen molekularen Markertypen, die an bestimmte DNA-Strukturen im Zellkern und in Mitochondrien und Chloroplasten gebunden sind.

Über den aktuellen Zustand einer populationsgenetischen Struktur hinaus, der nur eine Momentaufnahme darstellt, können durch Vergleich der Strukturen von Generationen, z. B. Elternpopulation und Nachkommenschaft, Schlussfolgerungen über einzelne populationsgenetische Prozesse gezogen werden. Für Aussagen zu größeren Zeiträumen müssen jedoch Modelle geschaffen werden, die die Prozesse in diskrete Schritte wie Rekombination, Selektion, Verbreitung usw. zerlegen, und bei denen unter bestimmten Umweltbedingungen die Ereignisse mit gewissen Wahrscheinlichkeiten eintreten. Solche rechnergestützten Modelle können für natürliche oder naturnahe Populationen eingesetzt werden und spielen daher bei Waldbaumpopulationen und Meerestieren nicht nur für die Bewirtschaftung, sondern auch für den Naturschutz eine große Rolle. Dabei kommt es nicht auf eine rechnerische Maximierung der genetischen Vielfalt an. Wesentlicher ist eine „genetische Nachhaltigkeit“ in dem Sinne, dass die Bedingungen, die zur Erhaltung des Systems erforderlich sind, erhalten bleiben oder geschaffen werden. Mit Hilfe der Modellierung lassen sich verschiedene Szenarien unter vielen möglichen Bedingungen simulieren und für die Politikberatung einsetzen.

Ausblick

In dem breiten Forschungsfeld zur genetischen Diversität konzentrieren sich die Forschungseinrichtungen des BMELV weiterhin auf ressortrelevante, für die Politikberatung notwendige Themen in der Landwirtschaft, im Garten-, Obst- und Weinbau sowie in der Forstwirtschaft und in der Fischerei. Im Forschungsschwerpunkt zu den ökologischen Aspekten der Nachhaltigkeit gehören dazu unmittelbar die Evaluierung und Erhaltung genetischer Ressourcen, die Entwicklung von Züchtungsmethoden zur Erhöhung der genetischen Vielfalt und der Biodiversität und Untersuchungen zur Weiterentwicklung der ordnungsgemäßen nachhaltigen und naturnahen Forstwirtschaft sowie zu forstlichem Vermehrungsgut. Darüber hinaus sind Forschungsfragen zur genetischen Diversität indirekt enthalten in Aspekten der Entwicklung von Umwelt- und Nachhaltigkeitsindikatoren, der Auswirkung von Klimaänderungen auf Wälder, Landwirtschaft und Fischerei sowie zur Erfassung, Erhaltung und nachhaltigen Nutzung der Biologischen Vielfalt in Agrarökosystemen, Wäldern und Meeren.