

Die Moorbirke: Eine wichtige Baumart der Moore

Die Moorbirke ist eine nicht zu unterschätzende Baumart heimischer Moore. Aufgrund von Moorrenaturierungsmaßnahmen in und um die Moore herum spielt sie eine immer größere Rolle. Die erste genetische Untersuchung in Bayern gibt vor allem Einblicke zur Artunterscheidung, genetisch räumliche Analysen und Folgerungen für die Generhaltung und forstliche Vermehrung in Bayern.

TEXT: YVES-DANIEL HOFFMANN, BARBARA FUSSI, MUHIDIN ŠEHO

Die Moorbirke (*Betula pubescens*) ist eine in der Landschaftsmalerei zwar oft portraitierte, aber auf der Artebene wenig beachtete Baumart. In der Forstwirtschaft wurde ihr bisher eher wenig Beachtung geschenkt, obwohl mit ihr qualitativ hochwertiges Holz, wie Furnierholz, produziert werden kann. Somit ist sie sowohl für die Forstwirtschaft als auch für den Naturschutz relevant [1,2,3,4]. Zusätzlich birgt sie Potenziale für den Schutz von Mooren und moortypischer Biodiversität [4,5]. Im Kontext der Klimaerwärmung nehmen Moore als CO₂-Senke eine bedeutende Rolle ein. Die Moorbirke kann hierzu ihren Beitrag zum Erhalt dieser Moor-Speicher leisten.

Mit Ausnahme des Mittelmeergebiets ist sie sehr weit im europäischen und nordasiatischen Raum verbreitet [6]. Hierzulande kommt sie eher selten und überwiegend auf Sonderstandorten vor. Abgesehen von alpinen Blockhalden, ist diese Baumart in der Ebene lediglich an Randgebieten intakter Hochmoore, auf entwässerten Hoch- und Zwischenmooren, sowie auf Niedermoorstandorten bestandesbildend [7]. Besonders präsent kann sie in natürlichen Moorgebieten sein, und grenzt sich dort größtenteils von der Sandbirke räumlich ab [1]. Im Zuge von Moorrenaturierungen in und um die Moore herum, steht sie mittlerweile im Fokus von Gesellschaft, Wissenschaft und Politik.



Foto: Y. D. Hoffmann

Abb. 1: Moorbirkenbestand an der deutsch-tschechischen Grenze

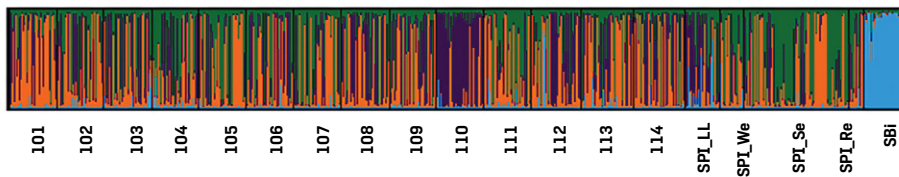
Ziel der Untersuchung und Ausgangslage

Das durch das Bayerische Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft, Forsten und Tourismus geförderte Projekt „BePiGen“ verfolgte gleich mehrere kohärente Ziele. Übergeordnet steht die Erhaltung und Nutzung forstlicher Genressourcen im Zuge der Moorrenaturierungen und -pflege im Fokus. Dazu werden die räumlich-genetischen Strukturen dieser Baumart an 14 Beständen in Bayern analysiert und mit verschiedenen Samenplantagen verglichen. Hierbei wird die Artreinheit und -differenzierung bzw.

die Hybridisierung, die Differenzierung der Unterarten, die genetische Vielfalt und Diversität untersucht. Die genetischen Grundlagen, insbesondere die regionale Differenzierung, können dabei für die Überprüfung der Herkunftsgebiete der Moorbirke (ggf. Neuvorschläge) eine Rolle spielen. Unter Berücksichtigung der genetischen Erkenntnisse erfolgt anschließend eine Gesamtbewertung der Untersuchungsbestände hinsichtlich der Kriterien Erhaltungswürdigkeit, -dringlichkeit und -fähigkeit sowie eine Auswahl von Generhaltungsbeständen im Rahmen der Umsetzung des Bayerischen Generhaltungskonzepts. Damit wird die Erhaltung des lokalen oder regionalen Genpools sichergestellt. Zudem soll die Grundlage zur Verbesserung der Erntebasis zur Deckung des zukünftigen Bedarfs an hoch-

wertigem Vermehrungsgut geschaffen werden. Weiterer Moorbirken-Saatgut-erntebestände werden so für die Zulassung nach der Forstvermehrungszulassungsverordnung (FoVZZV) empfohlen.

Zu Projektbeginn gab es lediglich zwei zugelassene Bestände in nur einem Herkunftsgebiet 805 04 (West- und Süd-deutsches Bergland sowie Alpen und Alpenvorland). Zwar wurde im Laufe des Projekts im Herkunftsgebiet 805 03 (Südostdeutsches Hügel- und Bergland) zwei weitere, jedoch kleinere Bestände mit einer vorläufigen Zulassung bis Ende 2024 zugelassen, allerdings mussten diese neuen Bestände für eine langfristige



Grafik: Y. D. Hoffmann

Abb. 2: Histogramm der genetischen Strukturen der 14 bayerischen Moorbirkenpopulationen und der Samenplantagen aus drei Bundesländern. Die Farbverteilungen K1 bis K4 zeigen eine deutliche Abtrennung der Sandbirken-Population (SBI).

Zulassung genetisch analysiert werden. Daraus ließ sich die kritische Situation hinsichtlich der Versorgung von hochwertigem Vermehrungsgut bei der Moorbirke innerhalb Bayerns erschließen. Die geringe Anzahl an Erntebeständen machte eine Identifizierung weiterer potenzieller Erntezulassungsbestände dringend notwendig. In Bayern liegt die Kontrolle des Vermehrungsguts und die Identifizierung neuer Vermehrungsgutquellen letzten Endes in der Verantwortung des AWG. Zugleich ist es zuständig für die Umsetzung des Generhaltungskonzepts und übernimmt die verantwortungsvolle Aufgabe der Erhaltung und Sicherung forstlicher Genressourcen aller Baumarten in Bayern. Die Sicherung der Erbanlagen seltener Genressourcen wie die der Moorbirke in der Generhaltungszone G3

stand dabei besonders im Fokus, denn das Bayerische Generhaltungskonzept sieht dort Erhaltungs-Maßnahmen in-situ (Erhaltungsmaßnahmen am Ort einer Genressource) und ex-situ (Sicherung abseits ihres Ortes, z.B. Plantage oder Bestand) vor. Dagegen ist eine Ausweisung besonders wertvoller Vorkommen (in-situ) in den Generhaltungszonen G4 und G5 im Konzept vorgesehen. Fallweise kann auch für G1 eine in-situ-Maßnahme empfohlen werden.

Untersuchung

Unter Berücksichtigung der Auflagen des Forstlichen Forstvermehrungsgesetzes (FoVG) und des Generhaltungskonzepts wurden, auf Basis einer Liste besonders bedeutsamer Moorbirken-Bestände Bayerns der LWF, 14 Projektbestände ausgewählt. Dabei wurden sowohl die beiden Bestände in der vorläufigen Zulassung

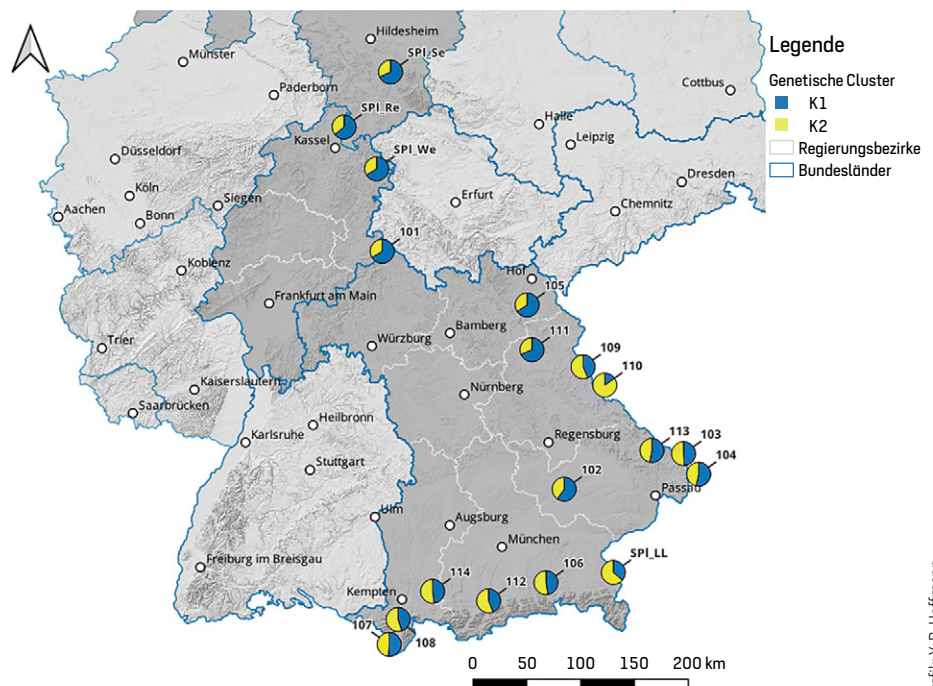
als auch drei Bestände aus einer Pilotstudie durch das AWG [8] in die Untersuchung integriert. Es kristallisierten sich Schwerpunktgebiete in der Oberpfalz bzw. Oberfranken, Niederbayern und im Alpenvorland heraus. Somit wurde dem räumlich-genetischen Aspekt möglichst Rechnung getragen. Um diese ausgewählten Populationen im Gesamtkontext besser evaluieren zu können, wurden zudem insgesamt vier Samenplantagen aus Bayern, Hessen und Niedersachsen untersucht. Die Projektbestände wurden flächig und repräsentativ über das jeweilige Untersuchungsgebiet verteilt mit 48 vitalen Individuen pro Bestand beprobt.

Artunterscheidung

Moor- und Sandbirke weisen in Mooren sehr unterschiedliche Einnischungen auf und sind dort meist als Populationen getrennt. Ihre Unterscheidung ist hinsichtlich des Gebietsmanagements äußerst wichtig [1,2,4,9] und anhand mehrerer Merkmale in den meisten Fällen im Gelände möglich, zumal Mischbestände die Ausnahme darstellen. Hierfür dürften Faktoren wie die Ploidie, die Hybridisierung und die Introgression ursächlich sein. Obwohl etliche Schutzmechanismen gegen eine interspezifische Kreuzung der beschriebenen Bir-

Schneller ÜBERBLICK

- » Im Projekt „BePiGEN“: 14 Moorbirkenbestände und 4 Samenplantagen genetisch analysiert.
- » Ausgewählte genetische Marker eignen sich gut zur Artunterscheidung.
- » Genetisches Grundwissen wird durch diese Untersuchung für Bayern erarbeitet
- » Geringe räumlich-genetische Differenzierung zwischen den Moorbirkenbeständen und den untersuchten Samenplantagen.
- » Aus genetischer Sicht sind nahezu alle untersuchten Bestände der Moorbirke als Saatguterntebestände nutzbar und können als Generhaltungsbestände ausgewiesen werden.



Grafik: Y. D. Hoffmann

Abb. 3: Verteilung der räumlichen genetischen Strukturen der Moorbirke in Vergleich zu ausgewählten Samenplantagen anhand von zwei Clustern (K = 2).

kenarten existieren [10,11,12], konnten in manchen Regionen Hybride zwischen der diploiden Sandbirke und der triploiden Moorbirke festgestellt werden. F1-Hybride sind tetraploid [13], können sich mit elterlichen Individuen jedoch rückkreuzen und somit normal reproduktionsfähige Nachkommen bilden. Dies nennt sich einseitige Genintrogression [14]. Auf längere Sicht werden Genome der Sandbirke als diploide Art, in jener der Moorbirke verankert, was zu einer genetischen und morphologischen Vielfalt beiträgt [6,7]. Die Detektion der Sand- und Moorbirke anhand des Chromosomensatzes ist teilweise durch die Anzahl der Allele möglich. Sowohl die sehr variable Morphologie der Moorbirke als auch die geografische Verbreitung und die ökologische Einnischung, lassen keine klare Abgrenzung gegenüber der Moorbirke und ihre intra-spezifische Gliederung zu [10, 11]. Aus diesem Grund gilt die manchmal erwähnte Karpatenbirke (*B. pubescens* EHRH. ssp. *carpatica*) aktuell nicht als

eigene Art oder Unterart [16]. Es gibt die Annahme, dass sie aus Kreuzungen mit *Betula nana* (Zwergbirke) entstanden ist [17]. Damit ist die Fragestellung rund um die Validität der Karpatenbirke nicht abschließend bearbeitet.

Ergebnisse

Aufgrund der Anzahl von Allelen eines Individuums können Rückschlüsse auf die Art gezogen werden. Wenn ein Genort drei oder vier unterschiedliche Allele aufweist, handelt es sich um eine Moorbirke. Bei zwei oder weniger unterschiedlichen Allelen kann es eine Moor- oder Sandbirke sein. Daher ist die alleinige Anwendung der Ploidie-Auswertung für die Bestimmung der Moorbirke nicht geeignet, da bei zwei Allelen nicht direkt auf Sandbirke geschlossen werden kann.

Im Rahmen des Projektes konnten für die Moorbirke Kernmikrosatelliten-Marker etabliert und eingesetzt werden. Die ausgewählten Marker eignen

sich zur Artunterscheidung zwischen Sand- und Moorbirke. Als effizientes analytisches Werkzeug für die Trennung zwischen den beiden Arten und damit die Möglichkeit der Artzuweisung ist die Bayesische Clusteranalyse. Somit können Bestände auf Artreinheit geprüft werden. Für eine Unterscheidung muss mindestens eine Sandbirken-Population als Referenzbestand hinzugezogen werden. Die Ergebnisse zeigen eine hohe Wahrscheinlichkeit für eine Gruppierung bei einem K-Wert von 4. Folglich wurden vier Cluster ausgewählt. Dabei wurden die beiden Birkenarten eindeutig getrennt dargestellt (Abb. 2). Ein Cluster wird von der Sandbirke (blau) und drei Cluster von der Moorbirke (orange, grün, violett) gebildet. Individuen mit mehr als 15 % Sandbirkenanteil wurden für die nachfolgenden Berechnungen der räumlich-genetischen Strukturen aus dem Datensatz gelöscht. Anhand unserer Untersuchungen konnte die „Karpatenbirke“ mittels der Clusteranalyse nicht nachgewiesen werden.



BioWit® FMX

- Schutzhöhe: 120 cm
- Wuchsraumdurchmesser: 14 cm
- Stabiler, langlebiger Baumschutz aus Biofasern
- Frei von Klebstoffen
- Vernäht mit einem Baumwollband
- 100 % biologisch abbaubar



Art. Nr. 111921



WitaPro® Baumschutz 14

- Schutzhöhe: 120 cm
- Wuchsraumdurchmesser: 14 cm
- Stabiler, langlebiger Baumschutz aus Holz
- Holz und unverzinkter Draht bauen sich ab
- andere Durchmesser erhältlich
- mehrfache Anwendung möglich
- 100 % biologisch abbaubar



Art. Nr. 124102



Räumlich-Genetische Struktur

Im nächsten Schritt wurden die 14 bayerischen Moorbirkenbestände mit Samenplantagen aus Bayern, Hessen und Niedersachsen verglichen. Die Ergebnisse der Bayesischen Clusteranalyse zeigt die beste Gruppierung bei $K=2$ und $K=4$. Dies wurde anhand ΔK nach der Evanno Methode [18] ermittelt. Da der Wert für ΔK für beide K -Werte klein ist, kann folglich von einer schwachen Gruppierung ausgegangen werden. Eindeutig ist zu sehen, dass sich der Bestand Fahrbach von den anderen Beständen abgrenzt (Abb 3, Bestand 110). Die verbleibenden Bestände zeigen dahingegen keine eindeutig räumlich-genetische Strukturierung. Lediglich eine leichter Nord-Süd-Gradient könnte hierdurch abgeleitet werden.

Im dritten Schritt wurden die 14 bayerischen Moorbirkenbestände miteinander verglichen. Die Ergebnisse der Bayesischen Clusteranalyse weist die beste Gruppierung bei $K=3$ auf. Ein erneut geringer Wert für ΔK , spricht für eine geringe Differenzierung des Genpools.

Der Bestand Fahrbach zeigt auch hier eine deutliche Abgrenzung von den restlichen Beständen (Abb 4). Die verbleibenden Bestände zeigen dahingegen keine eindeutig räumlich-genetische Strukturierung.

Die paarweise genetische Distanzanalyse [19] ergab, dass der Abstand in den autochthonen Beständen zwischen dem Schwarzes Moor und Engenkopf/Felmer Moos am größten ist ($D = 0,09$). Diese Bestände könnten sich beispielsweise als Generhaltungsbestände eignen.

Genetische Vielfalt

Insgesamt konnten 851 Individuen genetisch charakterisiert werden (Tab. 1). Die 16 analysierten Genorte bei der Moorbirke zeigen eine enorme Schwankungsbreite zwischen 4 und 71 Allele. Die Anzahl der Allele (N_a) zeigt für den Bestand Fahrbach den geringsten Wert auf, was für eine geringe Heterogenität der Individuen spricht. Im Gegensatz dazu weist die Samenplantage Seesen den höchsten Wert auf. Das spricht für ein Archiv aus sehr unterschiedlichen

Plusbäumen. Von den sicher als autochthon eingestuft Beständen weist Schnellenzipf und Haidfilz hohe Werte auf, was eine hohe Diversität des Genpools darstellt. Gleichfalls weisen zwar die Bestände Prentschweiher und Großkarolinenfeld hohe Werte auf, allerdings ist deren Autochtonie unbekannt. Eine Pflanzung der Moorbirke erscheint dort als wahrscheinlich.

Aufgrund der Tetraploidie der Moorbirke konnten die herkömmlichen Vielfaltsparameter nicht berechnet werden. Hier wurde daher der Shannon-Index als Diversitätsmaß angegeben. Die Werte in den Beständen schwanken nur sehr wenig, was die geringe genetische Unterscheidung innerhalb der Populationen verdeutlicht. In Bezug auf die Samenplantagen zeigt erneut Seesen aufgrund der hohen Anzahl von Plusbäumen (105) mit 4,62 den höchsten Wert.

Fazit

Anhand der Projektergebnisse können 13 der untersuchten Moorbirken-Bestände aus genetischer Sicht als Saatguterntebestände genutzt werden. Die genetische Vielfalt und das Anpassungspotenzial ist erfolgsversprechend. Neu identifizierte Bestände werden von Kontrollbeamten besichtigt und könnten bei Eignung nach der FoVZV zugelassen werden. Dadurch kann die Erntebasis erheblich erweitert werden. Kürzlich konnten für den Bestand Schwarzes Moor wichtige Hürden hinzu einem Erntezulassungsbestand genommen werden. Von den beiden beschränkt zugelassenen Beständen konnte der Bestand Pfentschweiher durch diese Untersuchung eine langfristige Zulassung erhalten. Das Projekt leistet einen wichtigen Beitrag zur Versorgung hochwertigen Pflanzmaterials aus Bayern. Es wurde bestätigt, dass Saatgut aus den Saatgutbeständen in den empfohlenen Herkunftsgebieten bedenkenlos genutzt werden können. Diese Arbeit zeigt anhand der räumlich-genetischen Strukturen keine Differenzierung entlang aktueller Herkunftsgebietsabgrenzungen. Es bestehen die Vorgaben des §40 Bundesnaturschutzgesetz und von Schutzgebietsverordnungen wie etwa dem Biosphärenreservat Rhön zur Verwendung regionaler Herkunft. Auch in dieser Hinsicht ist eine spürbare Ausweitung regionaler Vermehrungsgut-Quellen sehr sinnvoll.

Grafik: Y. D. Hoffmann

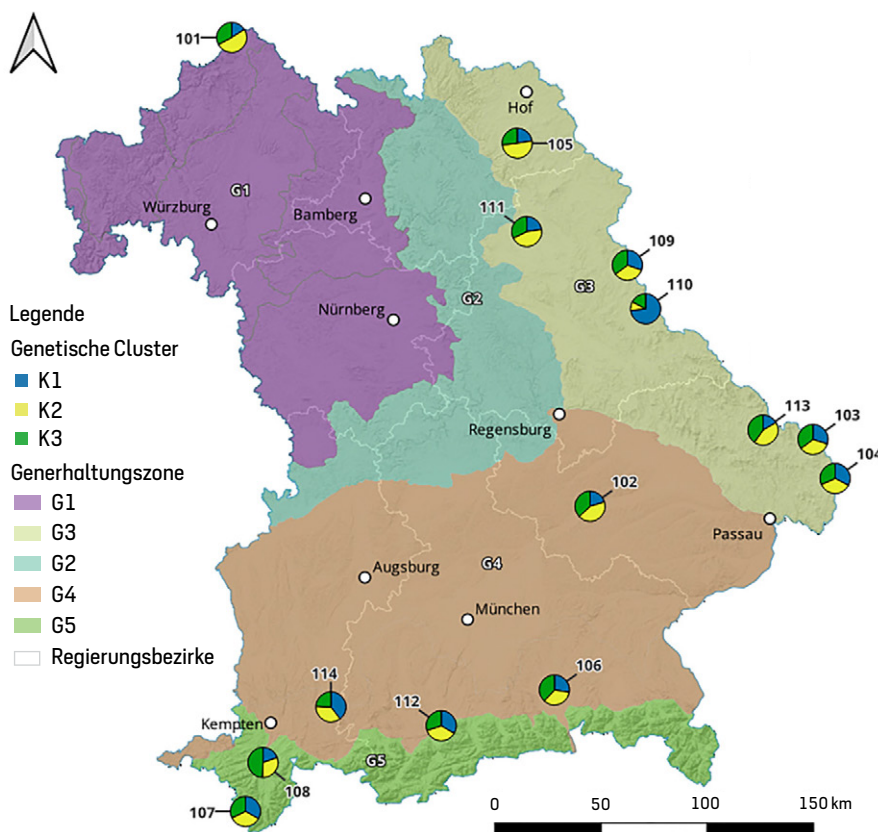


Abb. 4: Verteilung der räumlichen genetischen Strukturen in den Generhaltungszone in Bayern anhand von drei Clustern ($K = 3$). G3 entspricht das Herkunftsgebiet 805 03. Die restlichen Generhaltungszone entsprechen das Herkunftsgebiet 805 04.

Tab. 1: Parameter der genetischen Vielfalt für die bayerischen Moorbirkenbestände. N: Probenzahl pro Bestand; Na: mittlere Anzahl verschiedener Allele; Shannon Diversitätsindex.

ID	Name	N	Na	Shannon Index
101	Schwarzes Moor	47	14,13	3,85
102	Grießbacher Moos	46	15,06	3,83
103	Schnellenzipf	48	15,88	3,83
104	Haidfilz	47	15,56	3,83
105	Torfmoorhölle	47	13,75	3,85
106	Großkarolinenfeld	48	16,25	3,85
107	Engenkopf	47	13,13	3,85
108	Felmer Moos	48	14,88	3,87
109	Pfrentschweiher	47	15,75	3,81
110	Fahrbach	47	10,50	3,83
111	Abdecker	47	13,63	3,78
112	Benediktbeuern	50	14,56	3,87
113	Klosterfilz	53	15,50	3,93
114	Marktoberdorf	51	13,50	3,91
SPI_LL	Samenplantage Laufen-Lebenau II, Bayern	35	14,00	3,08
SPI_We	Samenplantage Weheretal, Hessen	15	11,19	2,64
SPI_Se	Samenplantage Seesen, Hessen	105	16,81	4,62
SPI_Re	Samenplantage Reinhardshagen, Hessen	23	13,44	3,04
		851	28,19	3,74

Es können fast alle untersuchten Bestände für die Generhaltung genutzt werden. Bei der Auswahl der Generhaltungsbestände sollte die Erhaltungswürdigkeit und Abdeckung des regionalen Genpools berücksichtigt werden. Ein besonderer Handlungsbedarf wurde in der Generhaltungszone 3 mit sechs Vorschlägen zu neuen Beständen Rechnung getragen und die Ausgangsbasis somit deutlich verbessert. Dort sind nach dem derzeit vorliegenden Konzept als ex-situ-Maßnahme die Anlage von Samenplantagen und die Einlagerung von Saatgut in der Genbank und fallweise die Ausweisung besonders wertvoller Vorkommen auf Sonderstandorten vorgesehen. Darüber hinaus wurden die Generhaltungszone G1, G4 und G5 mit wertvollen Beständen aufgestockt. In diesen Zonen können auf Basis dieses Projekts besonders wertvolle Vorkommen auf Sonderstandorten ausgewiesen werden. Der Aufbau von einer neuen bayerischen Samenplantage der

Moorbirke mit 60 bis 80 Plusbäumen aus dem Verbreitungsgebiet in Bayern wird in den kommenden Jahren vorgenommen. Dabei werden von den bereits im Projekt identifizierten Plusbäumen Reiser gewonnen und veredelt.



Yves-Daniel Hoffmann

yves-daniel.hoffmann@awg.bayern.de

ist wissenschaftlicher Mitarbeiter im Sachgebiet 3 – Erhalten und Nutzen forstlicher Genressourcen am Bayerischen Amt für Waldgenetik. **Dr. Muhidin Šeho** leitet das Sachgebiet.

Dr. Barbara Fussi leitet das SG 1 – Angewandte forstliche Forschung. Für die Mitarbeit an dieser Arbeit wird gedankt: Matthias Paul, Roswitha Jenner, sowie Dr. Stefan Müller-Kroehling für die Liste besonders bemerkenswerter Moorbirken-Bestände.

Literaturhinweise:

Download des Literaturverzeichnisses in der digitalen Ausgabe von AFZ-DerWald (<https://www.digitalmagazin.de/marken/afz-derwald>) sowie unter: www.forstpraxis.de/downloads

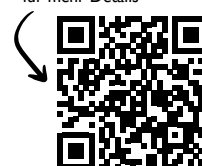


NACHHALTIGE SCHUTZHÜLLEN

FÜR EINEN WALD OHNE PLASTIKMÜLL!

**Schnell montiert
Gut durchdacht
Umweltbewusst
Wir liefern montagefertige Schutzhüllen, mit integrierten Haltestäben!**

für mehr Details



TOKO TOKO GmbH Schutzhüllen

Spitalhofweg 40
88316 Isny im Allgäu
+49 176 11 49 19 10
www.toko-toko.de
info@toko-toko.de