DIE ZEITSCHRIFT DES SENATS DER BUNDESFORSCHUNGSANSTALTEN

FORSCHUNGS Report

VERBRAUCHERSCHUTZ · ERNÄHRUNG · LANDWIRTSCHAFT

Schwerpunkt: Biologische Vielfalt

Tierproduktion und anthropogener Treibhauseffekt

Wege zum Schutz untermaßiger Dorsche in der Ostsee

Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft

2/2002

Guten Tag!

Die Begriffe „Biologische Vielfalt" bzw. „Biodiversität" sind in aller Munde. Nach der Definition des sog. Rio-Übereinkommens zur biologischen Vielfalt von 1992 beschreiben sie „die Variabilität unter lebenden Organismen jeglicher Herkunft; dies umfasst die Vielfalt innerhalb der Arten und zwischen den Arten und die Vielfalt der Ökosysteme". Ziel des Übereinkommens ist es, die biologische Vielfalt zu erhalten, ihre Bestandteile unter dem Aspekt der Nachhaltigkeit zu nutzen sowie die sich aus der Nutzung der genetischen Ressourcen ergebenden Vorteile gerecht aufzuteilen. Biologische Vielfalt hat also neben der ökologischen auch eine sozioökonomische Dimension.

Bedroht wird die biologische Vielfalt weltweit unter anderem durch Änderungen der Flächennutzung (Land- und Forstwirtschaft, Fischerei, Siedlung, Verkehr), Verbreitung von gebietsfremden Organismen, aber auch durch Eintrag von Stoffen über die Luft und das Wasser und durch Klimaänderungen.

Biodiversität hat ökologische und sozioökonomische Dimensionen

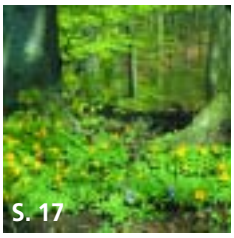
Das Rio-Übereinkommen unterstreicht auch die Notwendigkeit, die Bedeutung der Vielfalt für das Funktionieren von Ökosystemen zu verstehen, um daraus Strategien zur Erhaltung und zu einer vertretbaren Nutzung der Vielfalt abzuleiten. Dazu bedarf es einer fundierten Forschung. Das BMVEL ist in seinem Geschäftsbereich mit dem Thema Biodiversität in erheblicher Breite befasst. In fast allen Ressortforschungseinrichtungen werden wissenschaftliche Untersuchungen auf den verschiedenen Ebenen der Biodiversität vom Gen bis zur Landschaft durchgeführt. Die BMVEL-Ressortforschung hat damit erheblichen Anteil an den Forschungsanstrengungen der Bundesregierung im Bereich Biodiversität.

Insbesondere die ehemalige Senatsarbeitsgruppe (SAG) „Ökosysteme/Ressourcen" bzw. die jetzige Arbeitsgruppe „Biodiversität" des Senats der Bundesforschungsanstalten hat sich im Verlauf der letzten sechs Jahre mit Fragen zur Biologischen Vielfalt befasst. Aufgabe der SAG war und ist es, laufende wissenschaftliche Arbeiten zu diesem Thema zu koordinieren, konkrete Forschungsarbeiten zu vernetzen und neue Forschungsfelder zu identifizieren. Unter anderem wurden dazu bisher zwei interdisziplinäre Symposien durchgeführt, die sich mit der Erhaltung und Förderung der biologischen Vielfalt in Agrarlandschaften, Wäldern und marinen Ökosystemen bei nachhaltiger Nutzung der natürlichen Ressourcen befassen. Geplant ist, diese erfolgreiche Arbeit fortzusetzen und im Rahmen eines etwas spezielleren Aspekts der Bedeutung gebietsfremder Arten für die biologische Vielfalt zu widmen (vgl. den Beitrag auf S. 12).

Um wissenschaftliche Beiträge zu diesem für die Menschheit im wahrsten Sinne des Wortes überlebenswichtigen Thema liefern zu können, bedarf es auch der Vielfalt an Ideen, an wissenschaftlichen Ansätzen und beteiligten Disziplinen. Die vorliegende Ausgabe des ForschungsReports zeigt, in welcher thematischen Breite und mit welchen modernen Methoden die Ressortforschungseinrichtungen des BMVEL beim Thema Biodiversität engagiert sind.

Mit besten Grüßen

Prof. Dr. Hans-Joachim Weigel
Sprecher der SAG „Biodiversität"
Institut für Agrarökologie der FAL



Berichte aus der Forschung

Weidende Hirsche statt rollender Panzer
Verfahren zur Offenhaltung ehemaliger Truppenübungsplätze 4

Wale – Sanfte Riesen oder Ratten der Meere?
Ein Bericht über die Jahrestagung der Internationalen Walfangkommission 8

Invasive gebietsfremde Arten:
Eine Gefahr für die biologische Vielfalt 12

Biodiversitätsforschung im Wald 17

Bodenmikroorganismen – die verborgene Vielfalt 22

Mikroben machen mehr aus Milch
Biologische Vielfalt von Mikroorganismen und ihre Bedeutung für die Qualität fermentierter Milchprodukte 26

Geographische Informationssysteme
zur Bewertung der biologischen Vielfalt 30

Molekulare Marker zur
Bewertung genetischer Vielfalt bei Geflügel 34

Die Datenbank Seed Oil Fatty Acids (SOFA) 38

Tierproduktion und anthropogener Treibhauseffekt 42

Wege zum Schutz untermaßiger Dorsche in der Ostsee 46

Portrait

Informationszentrum Biologische Vielfalt (ZADI) 50

Nachrichten 52

Tagungen 57

Impressum 58

Der Forschungsbereich 59

Weidende Hirsche statt rollender Panzer

Verfahren zur Offenhaltung ehemaliger Truppenübungsplätze

Annette Prochnow, Ralf Schlauderer (Potsdam-Bornim)

Truppenübungsplätze besitzen eine für den Naturschutz außerordentlich wichtige landschaftsökologische Substanz. Sie zeichnen sich überwiegend durch große offene Flächen, nährstoffarme Böden, Stadien unterschiedlich fortgeschrittener Sukzession und durch Abgeschiedenheit aus – ein idealer Lebensraum für selten gewordene und speziell an solche Bedingungen angepasste Tiere und Pflanzen. In einem vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) geförderten Verbundprojekt werden wissenschaftliche Grundlagen und Konzepte erarbeitet, mit deren Hilfe diese wertvollen Offenlandschaften erhalten, gestaltet und entwickelt werden können. Eine Arbeitsgruppe am Institut für Agrartechnik Bornim (ATB) bewertet hierbei die ökonomische und soziale Realisierbarkeit der verschiedenen Maßnahmen.

Truppenübungsplätze und Naturschutz

Auf Truppenübungsplätzen finden sich häufig Biotoptypen alter Kulturlandschaften, die andernorts weitgehend verschwunden sind: offene Sandflächen, Trockenrasen, Zwergstrauchheiden, Ruderalfluren und Hutewälder (Abb. 1). Das macht sie für den Naturschutz so wertvoll. Entstanden durch ständige anthropogene Eingriffe, unterliegen diese Biotope nach Einstellung des militärischen Übungsbetriebes allerdings einer raschen Veränderung und erfordern großflächig Maßnahmen zur Offenhaltung.

In den vergangenen zehn Jahren wurden in Deutschland etwa 200.000 ha aus der militärischen Nutzung entlassen, weitere Liegenschaften stehen zur Überführung in eine zivile Nutzung an. Diese Flächen gehören in Mitteleuropa zu den wichtigsten Zielgebieten des Naturschutzes. Der Naturschutz verfolgt dabei zwei grundsätzlich verschiedene, auf der gleichen Fläche einander ausschließende Strategien: Zum einen wird angestrebt, die bestehenden Offenlandschaften durch gezielte menschliche Eingriffe offen zu halten, zum anderen soll der natürlichen, vom Menschen weitgehend unbeeinflussten Sukzession freier Lauf gelassen werden.

Welche Möglichkeiten es hierzu gibt und wie die Verfahren zu gestalten und ökonomisch zu bewerten sind, wird im Folgenden geschildert.

Abb.1: Aus Naturschutzsicht wertvolle Offenbiotope wie Sandtrockenrasen und Calluna-Heiden kommen auf den Truppenübungsplätzen in einem kleinräumigen Mosaik vor.

Verfahrensübersicht und Einsatzbedingungen

Sollen die offenen und halboffenen Landschaften ehemaliger Truppenübungsplätze erhalten bleiben, müssen naturschutzfachlich geeignete und ökonomisch günstige Wege gefunden werden. Mögliche Verfahren sind die Beweidung mit Nutztieren oder Wildtieren, das Mähen und Räumen oder Mulchen, das Freilegen des Bodens durch Bodenbearbeitungsgeräte, Abplaggen oder Befahren mit Rad- oder Kettenfahrzeugen, das kontrollierte Brennen und das Entbuschen (Abb. 2).

Da Truppenübungsplätze durch Kampfmittel belastet sein können, ist die Begehbarkeit des Areals häufig eingeschränkt. Eine weitere wesentliche Erschwernis für die Landnutzung stellen die geringen Aufwuchsmassen und der geringe Futterwert der vorhandenen Vegetationsformen dar. Auch die oft sehr fragmentierten, unregelmäßigen Flächen und starken Bodenunebenheiten beeinträchtigen die Pflege, ebenso wie die schlechte Zugänglichkeit einzelner Flächen.

Beweidung mit Nutztieren

Das am häufigsten genutzte Verfahren für die Offenhaltung ist die Schafbeweidung. Sie wird bereits seit vielen Jahren auf Truppenübungsplätzen angewendet. Hauptsächlich werden Zwergstrauchheiden, Ruderalfluren und Landreitgras-Fluren beweidet. Offene Sandflächen und Sandtrockenrasen eignen sich wegen der fehlenden oder spärlichen Vegetation nicht für die Beweidung, auch wenn die Schafe darüber hinweg ziehen und dabei durch Tritt und Verbiss das Aufkommen neuer Pflanzen verhindern.

Eigene Datenerhebungen bei Schafhaltern auf vier ehemaligen Truppenübungsplätzen zeigen, dass eine Schafbeweidung mit hohen Kosten und geringen Leistungen verbunden ist (Tab. 1). Die wesentlichen Kostenbestandteile sind Gebäudekosten, da wegen der weiten Wege häufig zwei Ställe benötigt werden. Daneben laufen teilweise erhebliche Kosten für den Zukauf von Winterfutter und hohe Maschinenkosten in Folge der ungünstigen Einsatzbedingungen auf. Auf der anderen Seite lassen sich nur geringe Marktleistungen erzielen: So kann aufgrund der kargen Vegetation nur mit wenigen Tieren pro Fläche gearbeitet werden. Für die Beweidung kommen ausschließlich genügsame und robuste Extensivrassen in Frage, deren Reproduktionsraten und tägliche Lebendmassezunahmen niedrig sind. Die Wolle der gehaltenen Extensivrassen ist nicht verwertbar. Um die Rentabilität der Schafhaltung zu sichern, müssen daher ausreichende Mittel aus dem Vertragsnaturschutz bereitgestellt werden.

Demgegenüber weist die Situation bei der ganzjährigen Freilandhaltung robuster Rinderrassen deutliche Vorteile auf: wesentlich niedrigere Kosten stehen erheblich höheren Marktleistungen gegenüber (Tab. 1). Der Fördermittelbedarf für die wirtschaftliche Gestaltung der Rinderbeweidung ist daher erheblich geringer.

Beweidung mit Wildtieren

Unter den Konzepten für die Erhaltung von Offenlandschaften wird gegenwärtig verstärkt auch die weitgehend ungesteuerte Beweidung durch Wildtiere diskutiert. Ziel ist nicht das statische Konservieren eines bestimmten Zustandes, sondern die ungleichmäßige Rücknahme von Sukzessionsentwicklungen auf wechselnden Teilflächen, sodass vorhandene Offenbiotope in ähnlichem Umfang an immer neuen Standorten wieder entstehen. Neben der naturschutzfachlichen Wirkung eignet sich die Wildtierbeweidung auch für die direkte Verbindung mit einer Erholungsnutzung.

Diesem dynamischen Ansatz folgt das Wildfreigehege auf dem ehemaligen Truppenübungsplatz Glau, Brandenburg (Bild 3). Es umfasst eine Fläche von 164 ha. Nach dreijährigem Betrieb des Geheges setzt sich der Wildbestand aus 38 Rothirschen, 46 Damhirschen, 46 Mufflons und 6 Islandpferden zusammen. Die Tiere bewegen sich frei im gesamten Gehege und nutzen die Offenbiotope, Vorwälder und Wälder mit unterschiedlicher Intensität.

Die Kosten für die Wildtierbeweidung bestehen aus Lohnkosten für Gehegemanagement und Besucherbetreuung, veränderlichen Kosten für Tierarzt, Zufütterung und Verbrauchsmaterial sowie festen Kosten für Maschinen, Zaun und Besucherinfrastruktur. Leistungen entstehen gegenwärtig durch Eintrittsgelder von etwa 10.000 Besuchern je Jahr, Spenden und Vertragsnaturschutz für Teilbereiche des Geheges (Tab. 1). Nach Aufbau eines ausreichenden Wildbestandes sind in den nächsten Jahren zusätzliche Leistungen in Höhe von etwa 25 €/ha durch die Vermarktung von Wildbret erzielbar. In Verbindung mit weiterhin steigenden Besucherzahlen kann das Gehege auf dem ehemaligen Truppenübungsplatz Glau künftig die Rentabilitätsschwelle erreichen.

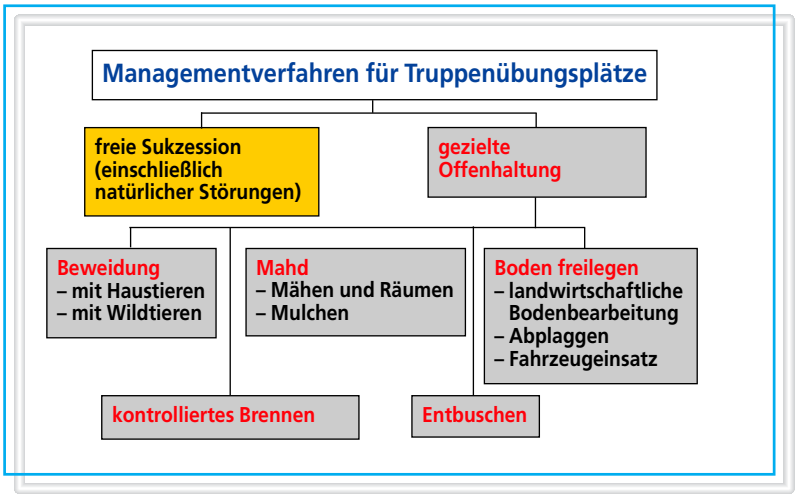


Abb. 2: Managementverfahren für Truppenübungsplätze

Mähen und Räumen

Das Mähen und Räumen wird als regelmäßige Offenhaltungsmaßnahme vor allem auf Calluna-Heiden angewendet. Der Aufwuchs reiner Calluna-Bestände

Tab. 1: Kosten und Leistungen von Beweidungsverfahren auf Truppenübungsplätzen

	Schafe [€/(ha*a)]	Rinder [€/(ha*a)]	Wildtiere [€/(ha*a)]
Kosten			
Lohnkosten	66–156	118	113
Feste Kosten	67–194	16	34
veränderliche Kosten	20–82	30	30
Kosten gesamt	175–385	164	177
Leistungen			
Marktleistungen			
(z.B. Verkauf Tiere, Eintrittsgelder)	13–36	84	101
landwirtschaftliche Förderung	21–28	72	0
Vertragsnaturschutz	101–266	0	16
Leistungen gesamt	172–280	156	117

eignet sich für die Herstellung von Biofiltern. Die Heidemahd erfolgt in fünf- bis siebenjährigem Turnus während der Monate Oktober bis März.

Ergebnisse begleitender verfahrenstechnischer Messungen bei der Heidemahd zeigen, dass die Arbeitsbreiten und Arbeitsgeschwindigkeiten gering, die Neben- und Verlustzeitanteile hoch und die Flächenleistungen dementsprechend niedrig sind. Dies führt zu hohen Verfahrenskosten von ca. 300 €/ha. Die Marktleistungen aus dem Verkauf des Aufwuchses decken jedoch die Kosten und ermöglichen damit ein rentables Arbeiten. Zurzeit ist das Mähen und Räumen auf Truppenübungsplätzen nur von untergeordneter Bedeutung.

Mulchen

Beim Mulchen wird der Aufwuchs in einem Arbeitsgang gemäht und zerkleinert. Er verbleibt auf der Fläche und zersetzt sich dort. Auf Truppenübungsplätzen erfolgt das Mulchen in sehr geringem Umfang zur Offenhaltung von Zwergstrauchheiden und zur Zurückdrängung von Landreitgras-Fluren.

Die Verfahrenskosten für das Mulchen sind mit 25–175 €/ha vergleichsweise gering.

Kontrolliertes Brennen

Das Feuer war in Mitteleuropa bis in die erste Hälfte des 20. Jahrhunderts fester Bestandteil verschiedener Landnutzungssysteme. Erst in der Nachkriegszeit wurde die Feueranwendung in der Landschaft völlig verboten. In der Gegenwart werden verstärkt Überlegungen angestellt, das kontrollierte Brennen zielgerichtet im Naturschutz einzusetzen.

Das Verfahren wird in Deutschland nur vereinzelt und kleinflächig praktiziert. Es ist aus naturschutzfachlichen Gründen auf die Monate Oktober bis März beschränkt, witterungsbedingt aber meist nur an wenigen Tagen von Januar bis März möglich.

Um die Brandflächen herum werden zunächst Schutzstreifen angelegt, meist ebenfalls durch Abbrennen der Vegetation. Das anschließende Brennen der Hauptfläche ist dann mit einem geringeren Arbeitszeitaufwand verbunden, da das Feuer frei laufen kann. Meist sind drei Arbeitskräfte an der Durchführung beteiligt, wobei ein Brandmeister mit einem Gasbrenner das Feuer entzündet und die anderen das Übergreifen des Feuers auf benachbarte Flächen verhindern.

Die ermittelten Verfahrenskosten für das kontrollierte Brennen betragen 40–142 €/ha. Sie sinken mit steigender Größe der Brandfläche und abnehmender Breite des Schutzstreifens. Die jähr-

Das Verbundprojekt „Offenland"

In dem BMBF-geförderten Projekt „Offenland-Management auf ehemaligen und in Nutzung befindlichen Truppenübungsplätzen im pleistozänen Flachland Nordostdeutschlands" arbeiten die Universitäten Cottbus, Potsdam, Freiburg, das Naturkundemuseum Görlitz sowie das Institut für Agrartechnik Bornim (ATB) zusammen. Der interdisziplinäre Ansatz umfasst vegetationskundliche, zoologische, ökonomische und soziologische Untersuchungen zum Offenland-Management (www.offenland.de).

Abb. 3: Die Wildtierbeweidung folgt einem dynamischen Konzept zur Erhaltung von Offenlandschaften.

lichen Kosten sind wegen der mehrjährigen Intervalle entsprechend niedriger. Damit ist das kontrollierte Brennen ein sehr kostengünstiges Verfahren des Offenlandmanagements.

Die praktische Anwendung des kontrollierten Brennens ist gegenwärtig mit erheblichen Problemen verbunden. Dazu gehören die restriktive rechtliche Situation, die allgemein geringe Akzeptanz sowie die Tatsache, dass nur wenige Personen Erfahrungen mit der Durchführung des Brennens besitzen. Darüber hinaus ist noch nicht hinreichend bekannt, wie sich das Verfahren auf Vegetation und Fauna auswirkt. Da mit dem kontrollierten Brennen die Aufwendungen für Offenhaltungsmaßnahmen in der Landschaft reduziert werden können, empfehlen sich weitere Forschungsarbeiten und eine verstärkte öffentliche Diskussion des Verfahrens.

Bodenbearbeitung

Für Biotope mit geringer Vegetationsbedeckung wie offene Sandflächen und Sandtrockenrasen ist die Offenhaltung mit landwirtschaftlichen Bodenbearbeitungsgeräten denkbar. Erfahrungen liegen bisher lediglich vom Einsatz eines Federzinkengrubbers auf einer Sanddüne vor. Verfahrenskosten von 27 €/ha sind dem Grubbern auf Ackerflächen vergleichbar und damit relativ gering.

Abb. 4: Beispiele für typische Wirbellose in Offenlandbiotopen: Der bundesweit vom Aussterben bedrohte Kiesbank-Grashüpfer Chorthippus pullus und die Wegwespe Eoferreola rhombica wurden auf dem Truppenübungsplatz Oberlausitz in Ostsachsen nachgewiesen. Für die Wegwespe ist es der erste Fund in Sachsen seit 1922. (Fotos: C. Wiesener, H.-J. Schulz; Staatliches Museum für Naturkunde Görlitz).

Abplaggen

Das Abplaggen stellt eine spezielle Pflegemaßnahme für Calluna-Heiden dar, um Nährstoffanreicherung und Überalterung entgegenzuwirken. Die Rohhumusauflage und die obere durchwurzelte Bodenschicht werden bis in 10 cm Tiefe abgetragen. Es wird ein Turnus von zwanzig bis fünfzig Jahren und die kleinflächige Anwendung empfohlen. Zum Abplaggen gehören das Abschieben, Abbaggern oder Aufnehmen mit Spezialmaschinen. Die abgeräumte Heidenarbe wird kompostiert. Die Verfahrenskosten schwanken von 1.700–5.000 €/ha. Pflüge oder Fräsen mischen dagegen lediglich die Rohhumusauflage in den Oberboden ein, so dass die Verfahrenskosten auf 500–1.500 €/ha sinken.

Entbuschen

Mit fortschreitender Sukzession können Entbuschungsmaßnahmen notwendig werden. Die Beseitigung von Gehölzen ist grundsätzlich auf die Wintermonate zu beschränken. Mit zunehmenden Gehölzdichten und -stärken steigen die Verfahrenskosten an und können 10.000 €/ha erreichen.

Ökonomischer Verfahrensvergleich

Die Verfahren des Offenlandmanagements unterscheiden sich erheblich hinsichtlich Kosten, Leistungen und Fördermittelbedarf (Tab. 2). Bei der Wildtierbeweidung sowie beim Mähen und Räumen decken die Marktleistungen unter günstigen Voraussetzungen die entstehenden Kosten. Verfahren mit geringem Fördermittelbedarf sind das Mulchen, die Rinderbeweidung, die Bodenbearbeitung und das kontrollierte Brennen.

Regelmäßige Offenhaltungsmaßnahmen sind effizienter als das Entbuschen in längeren Intervallen. Um die Offenbiotope der Truppenübungsplätze langfristig zu sichern, sind bei naturschutzfachlicher Eignung die kostengünstigen Verfahren auszuwählen und dauerhafte Finanzierungsmöglichkeiten zu erschließen. ■

Tab. 2: Kosten und Leistungen von Verfahren des Offenlandmanagements

Verfahren	Intervall	Kosten	Leistungen	
			Markt	Förderung
	[Jahre]	[€/(ha * a)]	[€/(ha * a)]	[€/(ha * a)]
Beweidung				
Schafe	1	175–385	13–18	160–260
Rinder	1	164	84	72
Wildtiere	1	177	83–113	0
Schnitt				
Mähen und Räumen	1–3	60–350	0–212	50–350
Mulchen	1–3	8–175	0	≤ 175
Entbuschen	2–20	140–500	0	≤ 500
Boden freilegen				
Bodenbearbeitung	≥ 1	≤ 25–65	0	≤ 65
Abplaggen	20–40	13–250	0	≤ 250
kontrolliertes Brennen	2–10	4–71	0	0

Dr. Annette Prochnow, Ralf Schlauderer, Institut für Agrartechnik Bornim, Max-Eyth-Allee 100, 14469 Potsdam-Bornim, E-mail: aprochnow@atb-potsdam.de, rschlauderer@atb-potsdam.de

Wale – Sanfte Riesen oder Ratten der Meere?

Ein Bericht über die Jahrestagung der Internationalen Walfangkommission

Karl-Hermann Kock (Hamburg)

Unterschiedliche Denkwelten prägten die Diskussionen auf der 54. Jahrestagung der Internationalen Walfangkommission (IWC), die vom 27. April bis 24. Mai 2002 in Shimonoseki (Japan) stattfand. Shimonoseki, gegenüber der koreanischen Halbinsel gelegen, war von den gastgebenden Japanern mit Bedacht gewählt worden. Bis 1986, dem Ende des kommerziellen Großwalfangs weltweit, war Shimonoseki das Zentrum der japanischen Walfang-Industrie.

Noch heute begegnet man Walen in Shimonoseki auf Schritt und Tritt. Man sieht sie als Dekoration an Hauswänden und kann auf dem Fischmarkt und in vielen Geschäften Wal- und Delphinfleisch kaufen, sei es frisch, gefroren oder in Dosen. Das meiste Fleisch stammt aus dem kommerziellen Fang von Kleinwalen wie Delphinen, Tümmlern, Grind- und Schnabelwalen. Deren Fang unterliegt, wie es der Konventionstext der IWC schon 1946 vorsah, allenfalls nationalen Beschränkungen. Erst in den letzten 10 Jahren bemühen sich regionale internationale Abkommen wie ASCOBANS (Übereinkommen zum Schutz der Kleinwale in Ost- und Nordsee) oder ACCOBAMS (Übereinkommen zum Schutz der Kleinwale in Mittelmeer und Schwarzem Meer) unter der Schirmherrschaft des „Übereinkommens zum Schutz wandernder Arten (CMS)“ verstärkt um den Schutz von Kleinwalen.

Walfangnation Japan

Japan achtet seit vielen Jahren peinlich genau darauf, dass der Wissenschaftsausschuss der IWC keinerlei verbindliche Aussagen zu Kleinwalen macht. Zusätzlich zu dem Fleisch von Kleinwalen kommen Zwergwale, die sich in Netzen verfangen und ertrinken sowie die Wale, die Japan im so genannten „wissenschaftlichen Walfang“ in der Antarktis und im westlichen Nordpazifik erbeutet, verstärkt auf den Markt. Doch findet sich, wie Untersuchungen einzelner IWC-Mitglieder zeigen, auch immer wieder das Fleisch illegal gefangener Wale auf den Märkten in Japan und Korea.

Je verhärteter die Fronten in der IWC wurden, desto mehr Argumente führte Japan für die Wiedereinführung des kommerziellen Walfangs ins Feld. War es anfangs in erster Linie der Verweis auf traditionelle Essgewohnheiten, zu denen Walfleisch eben gehöre, so standen bald die nachhaltige Nutzung gemäß der Rio-Konvention von 1992 im Vordergrund. Diese Kampagne für den Walfang gipfelte in dem so einfachen wie griffigen Slo-

gan: „Save them, eat them". Der Walverzehr wurde von der japanischen Regierung als Akt des Patriotismus hochstilisiert und die zunehmenden Walbestände gerne als „Ratten der Meere" bezeichnet, die den Fischern ihren Broterwerb streitig machten. Das Moratorium des kommerziellen Walfangs galt als Ausdruck kultureller Überheblichkeit der westlichen Länder. Das Problem blieb nur, dass offenbar immer weniger, vor allen Dingen jüngere Leute in Japan Walfleisch aßen und der Markt das gefangene Walfleisch gar nicht mehr vollständig aufnehmen konnte.

Japan versucht seine Position in der IWC zusätzlich zu stärken, indem es „arme" Länder zum Beitritt auffordert, die stark von japanischer Wirtschaftshilfe abhängig sind und die die japanischen Interessen in der IWC unterstützen würden.

In Shimonoseki wurde über den Walfang und die Aufnahme neuer Mitglieder in die IWC hart verhandelt.

Aufnahme Islands abgelehnt

Bereits am ersten Tag der Jahrestagung in Shimonoseki wurde die Wiederaufnahme Islands in die IWC, das bis 1992 Mitglied war, wie schon im Jahr 2001 abgelehnt. Island wollte – unter dem Vorbehalt, das Moratorium des kommerziellen Walfanges nicht anzuerkennen – wieder Mitglied werden.*)

Das Walschutzgebiet ‚Indischer Ozean' wurde für weitere 10 Jahre bestätigt. Weitere Anträge für Schutzgebiete im Südatlantik und Südpazifik verfehlten die erforderliche Dreiviertelmehrheit. Vor allem auf Betreiben Japans wurde eine neue Quotenregelung für den Grönlandwalfang der Inuit und Chukten in Alaska und Chukotka (Sibirien) blockiert. Die übrigen Quotenvorschläge für den Eingeborenenwalfang wurden angenommen.*)

Entwicklung der IWC

Der Anfang: Ein Club von Walfängern. Als 1948 die Internationale Walfangkonvention in Kraft trat, dachte niemand daran, dass sich Walfangbefürworter und -gegner 50 Jahre später einmal unversöhnlich gegenüber stehen würden. Die Walfangkommission – das ausführende Organ der Konvention – war ein Club von Walfängern, dem in erster Linie daran gelegen war, seine eigenen Pfründe zu schützen.

Als erstes Instrument der Regulierung diente der Walfangkommission die Blauwal-Einheit (‚blue whale unit'), die aus einem Blauwal, 2 Finnwalen, 2,5 Buckelwalen oder 6 Seiwalen bestand. Pro Saison wurden die Fangquoten nicht pro Art, sondern über alle Arten in einer bestimmte Menge Blauwal-Einheiten festgelegt, so dass – unabhängig von dem Zustand einer Art oder eines Bestandes – innerhalb der Quote beliebig nach dem Gusto der Walfänger geschossen werden konnte. Geschützt waren lediglich Glatt-, Grönland- und Grauwale sowie Muttertiere mit Kälbern.

Der Fang von Kleinwalen und Delfinen unterliegt auch heute noch keinen international verbindlichen Beschränkungen. (Foto: M. Welling)

Der Schutzgedanke gewinnt an Bedeutung

Mitte der 50er Jahre wurden erste Stimmen unter den Wissenschaftlern laut, die auf eine Verringerung der jährlichen Quoten drängten, anfangs mit geringem Erfolg. Erst zu Beginn der 60er Jahre führten zähe Verhandlungen in der IWC dazu, dass die jährlichen Höchstfangmengen reduziert wurden.

Buckelwale wurden ab 1963, Blauwale ab 1964 geschützt. Vormals führende Walfangnationen wie Norwegen und Großbritannien gaben in der zweiten Hälfte der 60er Jahre den kommerziellen Walfang auf. Anfang der 70er Jahre waren nur noch die damalige Sowjetunion und Japan als Walfänger übrig geblieben. Dazu kam noch der Küstenwalfang in einigen Ländern wie Portugal (Azoren, Madeira), Spanien, Chile oder Peru.

Ende der 60er/ Anfang der 70er Jahre begann sich die Vorstellung zu verändern, die die Menschen der westlichen Hemisphäre vom Zusammenleben mit den Walen hatten. Die enge Mutter-Kalb Bindung, das staunenswerte Verhalten und die Kommunikationsfähigkeit der Wale fanden breites Echo in den Massenmedien. Der Mythos von den sanften Riesen, die die Weltmeere durchkreuzten, war geboren und Walfänger waren zu ihrer Heimsuchung geworden. Das völkerrechtliche Organ IWC geriet in der westlichen Welt in den Ruch, nur noch eine Lobby der Walfangindustrie zu sein.

*) Auf einer IWC-Sondersitzung im Oktober 2002 ist die Aufnahme Islands allerdings trotz Aufrechterhaltung seines Vorbehalts beschlossen worden. Über die Quotenregelung für den Grönlandwalfang wurde Einigung erzielt.

Noch heute ist in Shimonoseki der Wal allgegenwärtig. Bis 1986 war der Ort das Zentrum der japanischen Walfang-Industrie.

Hinhaltender Widerstand

Die Erkenntnis, dass die IWC offenbar nicht in der Lage war, die Walbestände ausreichend zu schützen, führte 1972 in Stockholm auf der „UN Konferenz über die Umwelt der Menschen" dazu, dass ein 10 Jahre währendes Walfang-Moratorium, also ein Aussetzen des kommerziellen Walfangs, und umfangreiche Walforschungsprogramme gefordert wurden.

Dieser Vorschlag fand jedoch nicht die nötige Dreiviertelmehrheit in der IWC. Stattdessen etablierte die Walfangkommission 1975/76 ein neues Management-Regime, die auf einem Ein-Arten Produktionsmodell basierende „New Management Procedure". Doch auch diese Maßnahme erwies sich schnell als untauglich, den rapiden Rückgang der Wale weltweit aufzuhalten. Immerhin gelang es, eine Reihe von Walforschungsprogrammen durchzusetzen, die zum ersten Mal nicht mit dem Töten der Tiere verbunden waren.

Gleichzeitig erfuhr die IWC als Organisation eine Stärkung. Sie erhielt ein hauptamtliches Sekretariat in Cambridge (Großbritannien), das unter anderem vielfältige Koordinations-, Datensammlungs- und Auswertearbeiten durchführte. Die IWC begann sich zu wandeln.

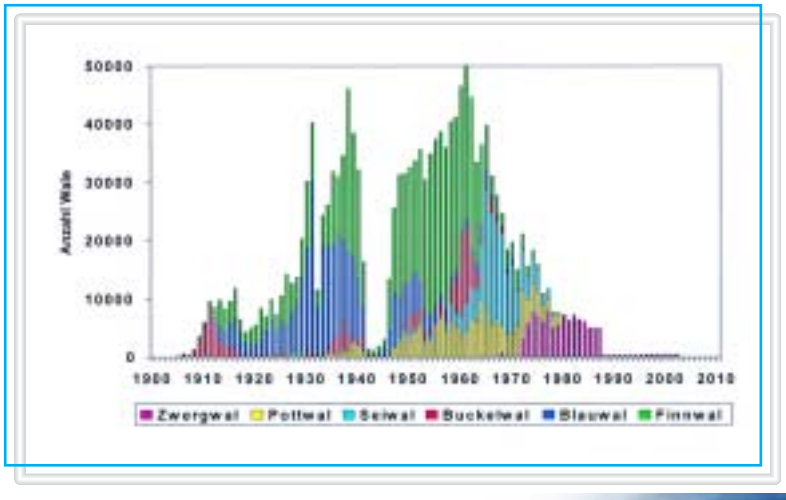
Neue Mitglieder geben neues Profil

Mehr als 20 der jetzt 48 Vertragsparteien traten der IWC zwischen 1975 und 1982 bei, unter anderem auch die Bundesrepublik Deutschland 1982. Der Druck, den Walfang ganz einzustellen, nahm zu. Nach vergeblichen Versuchen, das Moratorium des kommerziellen Walfangs 1979, 1980 und 1981 durchzusetzen, fand sich 1982 die nötige Dreiviertelmehrheit für die Einstellung des Walfanges weltweit ab 1986. Jegliche Modifizierung des Moratoriums sollte nur nach einer umfassenden Bestandseinschätzung („Comprehensive Assessment") aller Walbestände durch den Wissenschaftsausschuss vorgenommen werden. Diese wurde vom Wissenschaftsausschuss 1990 begonnen, ist aber wegen der Vielzahl der Walbestände und der Fülle der zu sichtenden Informationen auch 2002 noch lange nicht abgeschlossen.

Nachhaltige Nutzung?

Auch wenn der Schutzgedanke in der IWC seit 1986 eine große Rolle spielte, beauftragte die Kommission den Wissenschaftsausschuss in der 2. Hälfte der 80er Jahre mit der Entwicklung eines neuen Management-Modells, das eine sichere Nutzung der Wale gewährleisten sollte. Aus mehreren parallel entwickelten Ansätzen wählte der Wissenschaftsausschuss nach einer langen Testphase, in der die Modelle noch einmal auf Herz und Nieren geprüft wurden, 1993 das Modell aus, das der englische Wissenschaftler Justin Cooke entwickelt hatte. Es wurde „Revised Management Procedure (RMP)" genannt. Das Modell wurde 1994 von der Kommission angenommen.

Fänge an Großwalen aus den antarktischen Walfanggründen zwischen 1904 und 2002, einschließlich der Fänge aus dem „wissenschaftlichen Walfang" 1987–2002



Weltweit wird es als das führende Modell angesehen, um die nachhaltige Nutzung einer marinen Säugetierpopulation zu gewährleisten. In das Modell gehen der aktuelle Zustand der zu bejagenden Walpopulation und die Serie der historischen Fänge ein. Zusätzliche biologische Daten werden nicht benötigt. Diese RMP ist Teil eines umfassenden „Revised Managememt Scheme (RMS)", über die die Kommission seit acht Jahren berät, ohne zu einer Einigung zu kommen. Eine der wesentlichen strittigen Fragen ist die Ausgestaltung eines internationalen Inspektionssystems, das es erlaubt, jederzeit die Fänge von Walfangnationen kontrollieren zu können.

Nach Abschluss der RMP begann der Wissenschaftsausschuss in der zweiten Hälfte der 90er Jahre mit der Entwicklung von Management-Verfahren für den Eingeborenen-Walfang, der die Inuit, Sibiriaken und Makah-Indianer, aber auch die Leute von St. Vincent und den Grenadinen in der Karibik einschloss. Der Eingeborenen-Walfang wird bis zur Entwicklung entsprechender Management-Verfahren über Quoten festgesetzt, die zwar auf wissenschaftlichen Erkenntnissen beruhten, deren Datengrundlage aber häufig schwach ist. Sie haben in der Regel eine Gültigkeitsdauer von 3 Jahren und werden dann erneuert.

Seit 2002 gibt es nun ein erstes Management-Verfahren für den nordostpazifischen Grönlandwalbestand. Die Neufestsetzung der Fangquote, gerade für diesen Bestand, wurde wie eingangs erwähnt auf der Jahrestagung 2002 unter Führung Japans torpediert. Grund dafür war, dass man Japan keine zusätzliche Quote für den Fang von Zwergwalen in den japanischen Küstengewässern zugestehen wollte. Diese Wale sind nach Meinung der überwiegenden Mehrheit der IWC-Mitgliedsländer nicht Teil des Eingeborenen-Walfangs, sondern gehören zum kommerziellen Walfang, der unter dem Deckmantel des Eingeborenen-Walfangs durchgeführt werden soll.

Zwergwaljagd in der Antarktis im Jahre 1976 (Foto: H.H. Reinsch)

IWC-Jahrestagung 2003 in Deutschland

Deutschland ist mit dem Vorkommen von Walen nicht verwöhnt. Nur eine Art, der Schweinswal, kommt regelmäßig in den deutschen Küstengewässern vor.

Deutschland, das noch in der zweiten Hälfte der 30er Jahre und nach dem Krieg als deutsche Besatzung in der Walfangflotte des griechischen Reeders Aristoteles Onassis bis Ende der Saison 1955/56 Walfang betrieben hat, ist erst relativ spät Mitglied der IWC geworden. Es hatte anfangs eine eher untergeordnete Rolle im Club der „like-minded countries" gespielt, wie die Länder genannt werden, die sich für den Walschutz stark machen.

Seit dem Beginn der 90er Jahre hat die Walforschung in Deutschland aber einen enormen Aufschwung genommen. Die Zentren der Walforschung befinden sich in Büsum (Forschungs- und Technologiezentrum Westküste der Universität Kiel und der GKSS Geesthacht), Hamburg (Bundesforschungsanstalt für Fischerei) und Stralsund (Deutsches Meeresmuseum). Doch auch an zahlreichen anderen, über Deutschland verstreuten Institutionen arbeiten Wissenschaftler an vielfältigen Fragestellungen über die Biologie der Wale.

Dieses rege Interesse Deutschlands an der Walforschung findet ihren Ausdruck darin, dass die 55. Jahrestagung der IWC im Mai/Juni 2003 in Berlin ausgerichtet wird. Die verhärteten Fronten der letzten Treffen machen deutlich, dass während dieser Jahrestagung größere Fortschritte in der Entwicklung des RMS gemacht werden müssen, damit die IWC nicht zu einem zahnlosen Instrument verkommt, das – von innen her durch die Interessen der Walfänger ausgehöhlt – nicht mehr viel für den Walschutz tun kann und in Bedeutungslosigkeit versinkt. ■

Dr. Karl-Hermann Kock, Bundesforschungsanstalt für Fischerei, Institut für Seefischerei, Palmaille 9, 22767 Hamburg, E-mail: kock.ish@bfa-fisch.de

Abtauchender Pottwal (Foto: M. Welling)

Invasive gebietsfremde Arten: Eine Gefahr für die biologische Vielfalt

Gritta Schrader, Jens-Georg Unger (Braunschweig); Joachim Gröger (Rostock); Jürgen Goretzki (Eberswalde)

Was haben Japanischer Staudenknöterich, Waschbär, Marderhund, Chinesische Wollhandkrabbe und bald vielleicht auch der Asiatische Laubholz-Bockkäfer gemeinsam? Sie alle sind in Mitteleuropa „invasive gebietsfremde Arten" – nicht heimische Arten, die sich massiv in ihrem neuen Lebensraum ausbreiten und die dortige biologische Vielfalt gefährden können. Von den Bundesforschungsanstalten des BMVEL befassen sich insbesondere die Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft (BBA, Abteilung Pflanzengesundheit in Braunschweig), die Bundesanstalt für Fischerei (BFAFi, Institut für Ostseefischerei in Rostock), und die Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft (BFH, Fachgebiet Wildtierökologie und Jagd in Eberswalde) unter verschiedenen Aspekten mit diesen biologischen Invasionen.

Das Übereinkommen über die Biologische Vielfalt

Bereits 1992 wurde in Rio das Übereinkommen über die Biologische Vielfalt (Convention on Biological Diversity, CBD) verabschiedet. Es definiert die auch als invasive „Exoten" oder „Neobiota" bezeichneten „invasiven gebietsfremden Arten" als Pflanzen, Tiere und Mikroorganismen, die in Lebensräume außerhalb ihres natürlichen Verbreitungsgebietes durch menschliches Zutun eingebürgert oder unabsichtlich eingeschleppt wurden, sich dort massiv ausbreiten und die biologische Vielfalt gefährden. Die Ausbreitung dieser Arten kann ökologische und ökonomische Schäden verursachen und umfangreiche Bekämpfungsmaßnahmen nach sich ziehen. Das Übereinkommen enthält eine Aufforderung an seine fast 200 Mitgliedstaaten, darunter auch Deutschland, gegen die Einschleppung und Verbreitung solcher Arten vorzugehen, und sie, wenn nötig und möglich, zu bekämpfen.

Abb. 1 Der Atlantische Lachs (Salmo salar) (Foto: Hans Reinhard)

Die Erfolgsstrategien invasiver Arten

Von den zahlreichen Arten, die in der Vergangenheit nach Mitteleuropa eingebracht wurden, haben bisher nur wenige wirklichen Schaden angerichtet. Der „Erfolg" dieser wenigen beruht auf den verschiedensten Strategien. Das Fehlen natürlicher Feinde kann das Populationswachstum gebietsfremder Arten in dem neuen Gebiet begünstigen. Zudem besitzen Pflanzen oder Tiere in ihrem Heimatareal häufig keine Schutzmechanismen gegen einen neuen Räuber oder Schadorganismus und werden so zur leichten Beute. Fremde Arten können unter Umständen besser als die heimischen Spezies in der Lage sein, sich anthropogene Störungen der Umwelt zunutze zu machen. Denn durch den Einfluss des Menschen können Lebensbedingungen geschaffen werden – beispielsweise durch Einleitung aufgeheizten Kraftwerkswassers in ursprünglich kälteres Wasser oder durch Schaffung von offenen Flächen – die die Ausbreitung gebietsfremder Arten begünstigen können. In vielen Fällen wurde gezeigt, dass invasive gebietsfremde Arten konkurrenzstärker sind und sich an veränderte Umweltbedingungen schneller anpassen können als heimische Arten. Je flexibler, umso größer der Invasionserfolg.

Auswirkungen

Die Auswirkungen invasiver Arten sind vielfältig: Sie können andere Arten verdrängen, mit heimischen Arten hybridisieren, direkte Schadwirkungen zeigen oder die neu besiedelten Ökosysteme verändern.

Die massive Ausbreitung konkurrenzstarker Organismen erfolgt auf Kosten anderer Arten. Dadurch können ganze Populationen verdrängt und ausgelöscht werden. Ein Beispiel ist die Verdrängung typischer Ufervegetationsgesellschaften durch eine einzige Art, nämlich den Japanischen Staudenknöterich (*Reynoutria japonica*).

Eine besondere Klasse bilden verschleppte Arten, die sich in ihrem neuen Lebensraum mit nahen Verwandten kreuzen, wie zum Beispiel der in die Ostsee

verbrachte Pazifische Lachs (Gattung *Oncorhynchus*), der sich möglicherweise mit einheimischen Lachsen (Gattung *Salmo,* Abb. 2) kreuzen kann. Durch diese Hybridisierung bestünde das Risiko der genetischen Verfälschung dieser Arten. Bei Japanischem Staudenknöterich und Sachalin-Knöterich (*Reynoutria sachalinensis*, Abb. 2), beide gebietsfremd und mit hohem Invasionspotenzial, hat die Hybridisierung noch einen ganz anderen Effekt: Im neuen Areal (nicht dagegen im Heimatareal) kreuzen sich diese Arten zur Hybride *Reynoutria x bohemica,* die gegen Bekämpfungsversuche besonders resistent ist.

Die Einschleppung gebietsfremder Schadorganismen (z.B. pflanzenfressende Insekten, pflanzenpathogene Pilze) kann massive Epidemien verursachen, wenn keine natürlichen Begrenzungsfaktoren vorliegen oder heimische Arten kaum Widerstandskraft gegen sie besitzen. Dieses war der Fall bei der Einschleppung des Erregers des Ulmensterbens (*Ophiostoma novo-ulmi*) aus Nordamerika, der die Bestände der europäischen Ulmenarten stark dezimiert hat und vor allem die großen, alten Bäume zum Absterben brachte (Abb. 3).

Dass die Einbringung neuer Arten ein ganzes Ökosystem verändern kann, zeigt ein Beispiel aus dem Flathead-See in Montana/USA. Dort wurde das Reliktkrebschen *Mysis relicta* (Abb. 4), eine Spaltfußkrebsart, eingesetzt, um dem dort zuvor ebenfalls eingeführten Blaurückenlachs (*Oncorhynchus nerka*) als Nahrungsquelle zu dienen. Statt des erhofften Vorteils brach die Lachspopulation zusammen, da die Krebse das Zooplankton (das den Fischen ebenfalls als Nahrungsquelle diente) stark dezimierten und sich durch Abwandern in tiefere Wasserschichten ihren Räubern entzogen. Die Abnahme der Lachse führte in Folge zu einem dramatischen Rückgang der Weißkopf-Seeadler sowie der Grizzlybären, denen sie als Futter dienen.

Abb. 2: Der Sachalin-Staudenknöterich (Reynoutria sachalinensis) (Foto: M. Welling)

Rahmen für Gegenmaßnahmen

Was also ist gegen invasive gebietsfremde Arten zu tun? Am besten ist es zunächst, ihre Einschleppung und Ausbreitung zu verhindern. Wo es notwendig ist, sollten auch Ausrottungsmaßnahmen durchgeführt werden, die jedoch schwierig und kostenintensiv sein können.

Bereich Pflanzen

Das Internationale Pflanzenschutzübereinkommen (IPPC) und die Europäische Pflanzenschutzorganisation (EPPO) sind seit vielen Jahren auf das übergeordnete Ziel ausgerichtet, die Einschleppung und Verbreitung von Schaderregern von Pflanzen zu verhindern. Sie befassen sich seit einiger Zeit auch vertieft mit den Umweltauswirkungen solcher Organismen.

Beide Institutionen besitzen mit ihren langjährigen Erfahrungen und regulatorischen Strukturen im Rahmen der Pflanzenquarantäne gute Voraussetzungen, um die Problematik adäquat anzugehen. Zentrale Rolle spielt die Analyse der Risiken, die von gebietsfremden Arten ausgehen können. Zurzeit werden internationale Standardverfahren zur Bewertung und zum Management dieser Risiken entwickelt.

Die Abteilung Pflanzengesundheit der BBA ist erheblich an dieser Entwicklung sowie auch an der Weiterentwicklung von Schutzmaßnahmen gegen gebietsfremde Arten, die Pflanzen schädigen können, beteiligt. Geplant ist auf Ebene der EPPO, bereits bestehende Listen für „klassische Schadorganismen" von Pflanzen um invasive gebietsfremde Pflanzen und andere invasive Arten, die zumindest indirekt Pflanzen schädigen können, zu ergänzen. Diese Quarantäne-Listen führen

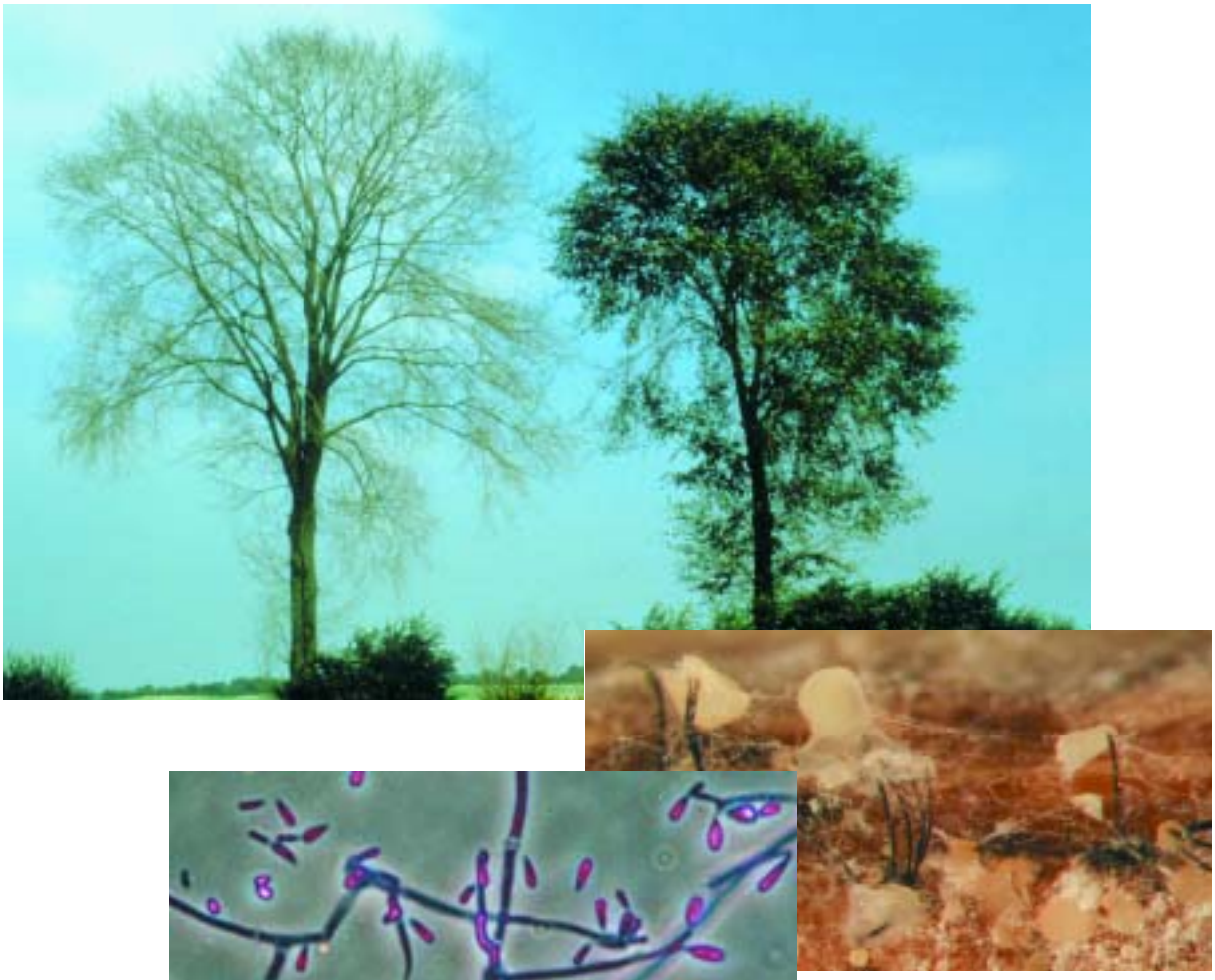


Abb. 3: Der aus Nordamerika eingeschleppte Pilz Ophiostoma novo-ulmi (links Sporen, oben Pilzgeflecht) ist Auslöser des Ulmensterbens in Europa. Das große Bild zeigt eine befallene neben einer gesunden Ulme. (Fotos: Zimmermann, Rudnick; BBA).

Organismen auf, deren Einbringung und Verbreitung verhindert werden soll. Für jeden dieser Quarantäne-Organismen werden spezifische Empfehlungen an die EPPO-Mitgliedstaaten gegeben, beispielsweise Einfuhrverbote oder die Behandlung von Pflanzen oder Pflanzenprodukten. Die meisten der EPPO-Empfehlungen werden in EG-Empfehlungen übernommen und sind damit verbindlich in Deutschland anzuwenden.

Mariner Bereich

Für den marinen Bereich enthält das Internationale Seerechtsabkommen der Vereinten Nationen (UNCLOS) die Forderung, die absichtliche und unabsichtliche Einbringung gebietsfremder oder neuer Arten, sofern sie signifikante und schädliche Veränderungen verursachen können, zu verhindern oder zu reduzieren. Die „International Maritime Organisation" befasst sich unter anderem mit der Einschleppung gebietsfremder Arten durch Ballastwasser. Übernational wird das Problem der invasiven Arten im Nordostatlantik im Biodiversitätskomitee der Oslo-Paris Konvention (OSPAR) behandelt. Hierzu wird unter anderem eine internationale Datenbank eingerichtet, die auf einer bereits unter der Helsinki Kommission (HELKOM) für die Ostsee entwickelten Datenbank aufbauen soll (Baltic Sea Alien Species Database, www.ku.lt/nemo/header1.htm).

Die wissenschaftlichen Grundlagen für die Behandlung des Themas in den genannten Kommissionen trägt unter anderem die „Arbeitsgruppe Einbringung und Verschleppung mariner Organismen" des Internationalen Rates für Meeresforschung (ICES) jährlich zusammen.

Die deutsche Zuarbeit erfolgt aus unterschiedlichen Meeresforschungsinstituten und wird von der Deutschen Wissenschaftlichen Kommission für Meeresforschung (DWK) koordiniert (Die DWK ist ein Beratungsgremium des BMVEL/BMU).

Die Ressortforschung des BMVEL ist hier durch die Bunderforschungsanstalt für Fischerei vertreten. Sie überwacht das Vorkommen von Fischarten unter dem Blickwinkel der Zuwanderung fremder Arten und für Aquakulturzwecke eingeführter oder gentechnisch modifizierter Arten. Gerade im Rahmen von Aquakultur- bzw. Marikulturprojekten, aber auch bei der Sportfischerei spielen gebietsfremde Arten eine große Rolle. Hier besteht auch im BMVEL-Bereich starker Diskussionsbedarf.

Bereich Wirbeltiere

Die Berner Konvention (Berner Übereinkommen über die Erhaltung der europäischen wildlebenden Pflanzen und Tiere und ihrer natürlichen Lebensräume) fordert ihre Mitgliedstaaten auf, die Einbringung nicht-heimischer Arten zu kontrollieren. Nicht-heimische, terrestrische Wirbeltiere sind Thema der Empfehlung Nr. 77 dieser Konvention. Die Empfehlung fordert zur Ausrottung solcher Wirbeltiere in den Gebieten auf, wo sie die biologische Vielfalt gefährden und listet im Anhang Beispiele auf, wie den Waschbären (*Procyon lotor*), den Marderhund (*Nyctereutes procynoides*, s. Kasten S. 16) oder den Mink (Nordamerikanischer Nerz; *Mustela vison*) – allesamt Arten, die sich in Deutschland derzeit sehr stark ausbreiten.

Abb. 4: Das Spaltfußkrebschen (Mysis relicta) (mit freundlicher Genehmigung von Aquafauna Inc., USA)

Der anhaltende Populationsanstieg und die expansive Ausbreitung dieser drei Beutegreifer sind als äußerst problematisch anzusehen, da neben dem Einfluss auf bestandesbedrohte Arten auch tierseuchenhygienische Fragen (Tollwut, Parasitosen) eine Rolle spielen können. Untersuchungen zum Einfluss von Räubern, die das Institut für Forstökologie und Walderfassung der BFH in Wiesenbrüter- und Küstenvogelschutzgebieten durchgeführt hat, machen deutlich, dass es zu dieser Empfehlung der Berner Konvention keine Alternative gibt.

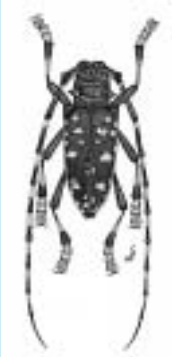
Um die vorhandene Artenvielfalt zu erhalten ist es zwingend erforderlich, ein ökologisches Gesamtkonzept zum Wildtiermanagement in Kulturlandschaften zu erarbeiten, das die Behandlung von konkurrenzstarken Neozoen (= neu auftretenden Tieren) mit einschließt.

Ausblick

Die Bedrohung der biologischen Vielfalt durch invasive gebietsfremde Arten ist ein zurzeit viel diskutiertes Thema. Ne-

Beispiel Asiatischer Laubholz-Bockkäfer

Verpackungsholz ist ein bedeutender Übertragungsweg für eine Vielzahl von gebietsfremden Arten: Das reicht von Mikroorganismen über Nematoden bis zu Käfern von einigen Zentimetern Größe. Auch der Asiatische Laubholz-Bockkäfer (*Anoplophora glabripennis*) gelangte so in neue Verbreitungsgebiete. In den USA und in Oberösterreich konnte er sich 1996 bzw. 2001 bereits ansiedeln, in Deutschland wurden vereinzelte Exemplare gefunden. Der Käfer kann völlig gesunde Laubbäume zum Absterben bringen und ist nur schwer zu bekämpfen. Wirksamste Methode zurzeit ist die Vernichtung befallener Bäume.



Beispiel Chinesische Wollhandkrabbe

Wichtigste Übertragungswege für gebietsfremde Meereslebewesen sind (neben den gewollten Ansiedelungen aus ökonomischen Gründen) der Transport an Schiffsrümpfen oder im Ballastwasser großer Seeschiffe. Auf diese Weise erreichte auch die Chinesische Wollhandkrabbe (*Eriocheir sinensis*) in den 1920er Jahren deutsche Flüsse und die Nord- und Ostseeküste. Künstliche Wasserverbindungswege ermöglichen eine weitreichende Ausbreitung. In den 1930er und 1940er Jahren kam es zu einer Massenausbreitung der Art, die Schädigungen an Deichen, Küstenschutz- und Hafenanlagen nach sich zog. Auch die Fischindustrie ist betroffen, da die Krabbe Fische aus Netzen und Reusen raubt und die Netze mit ihren Scheren zerreißt. Kontrollmaßnahmen haben bislang wenig Erfolg. (Fotos: Stephan Gollasch)

gative Auswirkungen sind zum Teil erst viel zu spät entdeckt worden und das Ausmaß wurde allgemein unterschätzt. Daher muss vor dem Hintergrund einer verantwortungsvollen Nutzung betroffener Ökosysteme – beruhend auf den Grundsätzen von Nachhaltigkeit und Umweltvorsorge – die Einbringung und das Management gebietsfremder Arten neu bewertet werden.

Das Problem dabei ist, dass eine potenziell invasive Art in ihrem angestammten Gebiet völlig unauffällig sein kann. Hinzu kommt, dass es häufig eine „time-lag Phase" gibt, also eine starke Zeitverzögerung zwischen Einbürgerung und invasiver Ausbreitung. Daher muss bei jeder neu eingeführten Art mit einem gewissen Risikopotenzial gerechnet werden.

Bei der beabsichtigten Einbringung neuer Arten und bei der Bewertung von Handelsströmen, die unbeabsichtigten Einschleppungen Vorschub leisten, können Risikoanalysen in Verbindung mit Monitoringmaßnahmen helfen, Gefahrenpotenziale abzuschätzen und ihnen rechtzeitig zu begegnen. Fachlich fundierte Risikoanalysen sind aber auch notwendig, um unnötige Restriktionen bei der Einfuhr und beim Handel mit land- und forstwirtschaftlichen Produkten und Organismen zu vermeiden. Es besteht daher erheblicher Bedarf, die Risiken eingehender zu analysieren, die Bewertungs- und Managementverfahren zu verbessern und die Datenerfassung einschließlich Monitoring sicherzustellen und weiterzuentwickeln. ■

Dr. Gritta Schrader, Dr. Jens-Georg Unger, Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Abteilung Pflanzengesundheit, Messeweg 11/12, 38104 Braunschweig, e-Mail: g.schrader@bba.de, j.g.unger@bba.de

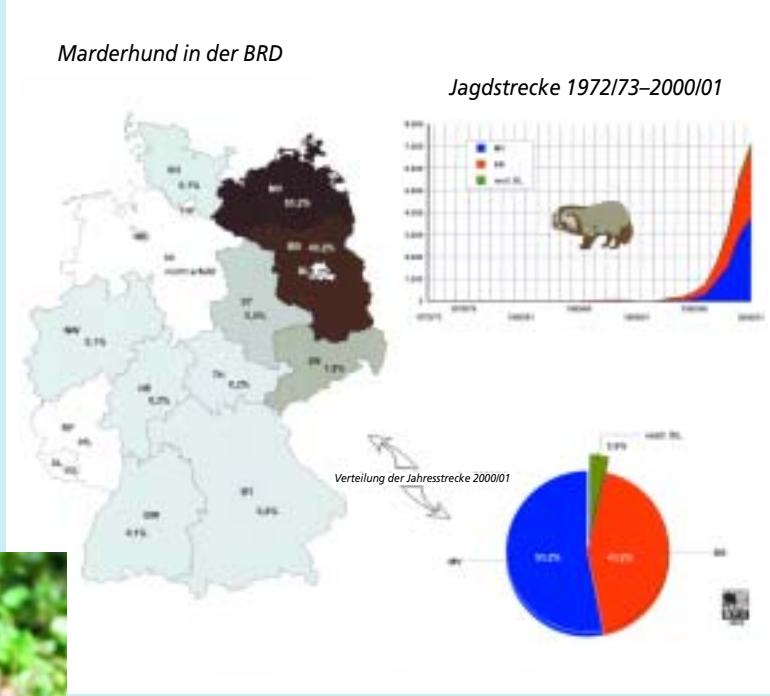
PD Dr. habil. Joachim Gröger, Bundesforschungsanstalt für Fischerei, Institut für Ostseefischerei, An der Jägerbäk 2, 18069 Rostock, e-mail: groeger.ior.bfafi-hro@t-online.de

Dr. Jürgen Goretzki, Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft, Institut für Forstökologie und Walderfassung, Fachgebiet Wildtierökologie und Jagd, Alfred-Möller-Str. 1, 16225 Eberswalde, e-mail: goretzki@holz.uni-hamburg.de

Wir danken dem Leiter des BFAFi-Instituts für Seefischerei, Herrn PD Dr. Hubold, für die Angabe wichtiger Adressen hinsichtlich verschiedener Organisationen/ Institutionen in Nord- und Ostsee.

Beispiel Marderhund

Der in den letzten Jahren zu beobachtende rasante Anstieg der von Jägern erlegten Marderhunde, die so genannte Jagdstrecke, und die Anzahl an Totfundmeldungen dokumentieren indirekt eine starke Populationsentwicklung und Ausbreitung dieser gebietsfremden Art in Deutschland. Der aus Ostasien stammende Marderhund begann seine Invasion in den 1930er Jahren nach Freisetzung durch Pelztierzüchter in der damaligen Sowjetunion diesseits des Urals. Er ist ein äußerst anpassungsfähiger und konkurrenzstarker Beutegreifer. Trotz fehlender Streckenmeldungen aus einigen Bundesländern ist der Marderhund mit hoher Wahrscheinlichkeit in allen Bundesländern verbreitet. Ab



Mitte der 90er Jahre wird ein exponentieller Anstieg der Jagdstrecke verzeichnet (siehe Grafik). Zur Ausbreitungsdynamik und zur ökologischen Bedeutung des Marderhundes in Deutschland besteht dringender Forschungsbedarf.

Biodiversitätsforschung im Wald

S. Anders, H. Ellenberg, H. Hertel, G. Hofmann, M. Jenssen, J. Heuveldop, W. U. Kriebitzsch, G. v. Oheimb, M. Schmidt, F. Scholz

Waldökosysteme sind aufgrund ihrer vielfältigen Schutz- und Nutzfunktionen eine unentbehrliche Lebensgrundlage für die Menschen und darüber hinaus ein bedeutendes Reservoir biologischer Vielfalt. In einem bisher nie da gewesenen Ausmaß sind Wälder jedoch weltweit durch Übernutzung, Luftverunreinigungen und globale Klimaveränderungen gefährdet. Die Politik, die Verwaltung und vor allem die forstliche Praxis benötigen wissenschaftliche Erkenntnisse und Entscheidungshilfen, um ihren Aufgaben bei der Erhaltung, Entwicklung und nachhaltigen Nutzung der biologischen Vielfalt von Wäldern nachkommen zu können. Die Bewertung von Veränderungen der Biodiversität in Wäldern ist nur in einem landschaftsbezogenen Kontext möglich.

Artenvielfalt der Gefäßpflanzen in Wäldern

Das Ordinariat/Institut für Weltforstwirtschaft (Universität Hamburg / Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft) geht der Frage nach, welche Faktoren die Artenvielfalt in Wäldern bestimmen. Ein grundlegendes Problem ist die Definition von typischen Waldarten. Für die Gefäßpflanzen wurde eine Liste mit 634 Taxa erarbeitet. Sie berücksichtigt alle als typisch für Wälder in der norddeutschen Tiefebene anerkannten Arten (Tab. 1). Der Gültigkeitsbereich der Liste wird naturräumlich und über eine Walddefinition eingegrenzt. Die begonnenen Aktivitäten sollen auch auf den Mittelgebirgsraum sowie auf die Alpen und das Alpenvorland ausgeweitet werden.

Nur wenige Pflanzenarten wachsen in Deutschland fast überall, zum Beispiel Brennnessel oder Eberesche. Die meisten Arten sind selten, das heißt in ihrem Verbreitungsgebiet ungleichmäßig verteilt, oft mit geringen Individuenzahlen pro Einzelvorkommen. Dabei können ver-

Tab. 1: Gliederung der Liste der typischen Waldarten

A	**Arten der Baum- und Strauchschicht**	
	1	In der Baumschicht von Wäldern, teilweise Wald bildend
	2	Vorwiegend in der Strauchschicht von Wäldern, an Waldrändern oder auf Waldverlichtungen
B	**Arten der Krautschicht**	
	1	Weitgehend an Wald gebunden
		1.1 Vorwiegend im geschlossenen Wald
		1.2 Vorwiegend an Waldrändern und auf Waldverlichtungen
	2	Im Wald und im Offenland
		2.1 Im Wald wie im Offenland
		2.1 Auch im Wald, aber Schwerpunkt im Offenland

schiedene Typen von Seltenheit charakterisiert werden, dies wurde am Beispiel typischer Waldarten unter den Gefäßpflanzen des norddeutschen Tieflandes versucht (Tab. 2).

Seltenheit hat neben der Verteilung von Populationen in einem größeren Gebiet (geographische Verbreitung) noch mindestens zwei weitere Aspekte: die lokale Dichte der Individuen innerhalb einzelner Vorkommen sowie die Bindungsstärke einzelnen Arten an spezielle Habitate (Habitatspezifität). Bei der Unterscheidung verschiedener Seltenheits-Typen wurden beachtet

- die geographische Verbreitung: Vorkommen gemessen als Anzahl Messtischblätter (MTB = 11 x 11 km, ca. 120 km²),
- die lokale Dichte: Anzahl Individuen pro Einzelvorkommen,
- die Habitatspezifität: Zuordnung nach der Einteilung der Arten als pflanzensoziologische Charakterarten.

Über 50% der Waldarten können drei verschiedenen Typen von seltenen Arten zugeordnet werden. Diese Arten haben eine eingeschränkte geographische Verbreitung und eine enge Habitatspezifität bei unterschiedlicher lokaler Dichte bzw. eine breitere Habitatspezifität, aber geringe lokale Dichte. Viele dieser Arten stehen auf den Roten Listen wie die Eibe oder Orchideenarten.

Neben dem Kriterium der „Gefährdung" spielt das der „Seltenheit" eine große Rolle in der Arten- und Naturschutzdiskussion. Seltene Arten sind auf den meist kleinen vegetationskundlichen Untersuchungsflächen nur in Ausnahmefällen anzutreffen. Auf seltene Arten muss deshalb besonders geachtet werden. Sie machen einen wesentlichen Anteil der Artenvielfalt auf Landschaftsebene aus.

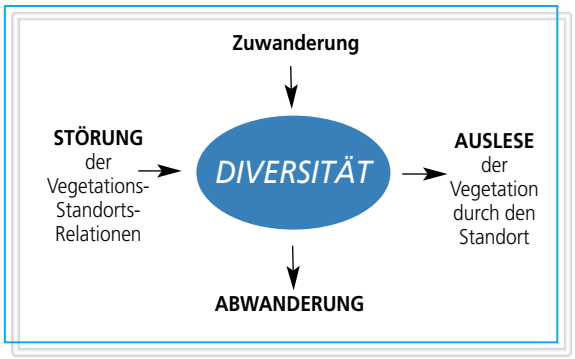


Abb. 1: Artenvielfalt als komplexe Eigenschaft von Ökosystemen in ihrer Abhängigkeit von externen und internen Einflußgrößen.

Artenvielfalt und ökologischer Waldumbau

Ökologische Probleme und ökonomische Zwänge der Forstwirtschaft erfordern es, den Umbau naturferner Nadelbaumforsten in naturnähere Laub-Nadelbaum-Mischbestände und Laubbaumwälder fortzusetzen. Eine Naturannäherung durch Waldumbau führt jedoch häufig zu einem Verlust an Pflanzenartenvielfalt und reduziert die Vorkommen an „Rote-Liste-Arten". Dieses Phänomen wurde am Beispiel nordostdeutscher Waldungen ökosystemwissenschaftlich analysiert.

Abhängigkeit der Pflanzenartenvielfalt von Standort und Vegetation

Die Artenvielfalt von Ökosystemen wird durch verschiedene Umwelteinflüsse und systeminterne Prozesse bestimmt (Abb. 1). Sie ist eine vorhersagbare Eigenschaft von Ökosystemen. Die Vielfalt der Pflanzenarten kann als „mittlere Artenzahl" bezogen auf eine bestimmte Fläche oder als „Potenzial der Pflanzenartendiversität" unter Berücksichtigung von Anzahl und Mengenentfaltung der Arten gemessen werden. Dieses Potenzial wird aus einer hinreichenden Anzahl von Vegetationsanalysen eines bestimmten Vegetationstyps berechnet und für praktische Zwecke zwischen 0 und 10 skaliert.

Während der frühen Entwicklungsstadien der Wälder – charakterisiert durch hohe Stammzahlen pro Fläche und großen Konkurrenzdruck – ist die Pflanzenartenvielfalt sehr gering. Im Baumholzstadium lässt der Konkurrenzdruck nach und die Artenzahl steigt deutlich. Allerdings bricht die Forstwirtschaft die Lebenszyklen zum Ende des Baumholzstadiums ab, während sich in natürlichen Wäldern artenreichere Altbaum-Stadien anschließen. Ein ausgesprochenes Maximum wird im natürlichen Zerfallsstadium erreicht.

Erhöhung der Vielfalt durch Forstwirtschaft

Vergleicht man die potenziell-natürliche mit der aktuellen Waldvegetation auf den 1,9 Mio. ha derzeitiger Waldfläche des ostdeutschen Tieflandes, so wird deutlich, welch erhebliche Auswirkungen die Forstwirtschaft auf die Vielfalt und Zusammensetzung der Pflanzenarten hat. Von Natur aus würden auf 92 % dieser

Tab. 2: Geographische Verbreitung, Habitatspezifität und lokale Häufigkeit der typischen Gefäßpflanzenarten des Waldes im Nordwestdeutschen Tiefland (a) und im Nordostdeutschen Tiefland (b).

a) Geographische Verbreitung	Groß		Eingeschränkt	
	(> 50% der MTB)		(bis 50% der MTB)	
Habitatspezifität	Breiter	Enger	Breiter	Enger
Lokale Häufigkeit: manchmal herrschend bis immer herrschend	28	8	10	15
	RL NDS: /	RL NDS: /	RL NDS: 2	RL NDS: 6
Lokale Häufigkeit: Sehr vereinzelt bis in Gruppen	66	26	103	76
	RL NDS: 1	RL NDS: 3	RL NDS: 49	RL NDS: 35
b) Geographische Verbreitung	Groß (> 50% der MTB)		Eingeschränkt (bis 50% der MTB)	
Habitatspezifität	Breiter	Enger	Breiter	Enger
Lokale Häufigkeit: manchmal herrschend bis immer herrschend	29	11	6	13
	RL MV: /	RL MV: /	RL MV: /	RL MV: 4
Lokale Häufigkeit: Sehr vereinzelt bis in Gruppen	87	37	93	88
	RL MV: 2	RL MV: 1	RL MV: 26	RL MV: 39

RL NDS = Rote Liste von Niedersachsen;
RL MV = Rote Liste von Mecklenburg-Vorpommern

Abb. 2: Buchen-Unterbau im Himbeer-Drahtschmielen-Kiefernforst auf Standorten mittlerer bis kräftiger Bodennährkraft mit ausdunkelnder Wirkung auf Strauch- und Bodenvegetation.

Fläche Laubbäume wachsen, tatsächlich wurden aber auf 77 % der Fläche Nadelbäume angebaut. Dies führt zwar zu einer Monotonisierung des Waldbildes, ist im Mittel jedoch mit einer Erhöhung der Pflanzenartenvielfalt während der Hauptstadien verbunden. Auf reichen bis kräftigen Standorten ist ein Verlust typischer Laubwaldarten der Bodenvegetation zu verzeichnen, der vor allem von Himbeere, Brombeere und verschiedenen Moosen kompensiert wird. Auf mittleren bis armen Standorten führt die Verdrängung von Laubwäldern durch Nadelbaumforsten auf insgesamt 1,2 Mio. ha Waldfläche zu enormen Zugewinnen vor allem für Moose, Drahtschmiele, Adlerfarn und Zwergsträucher wie Blaubeere, Preiselbeere oder Heidekraut.

Verlust an Vielfalt durch Buchen-Unterbau unter Kiefer

Die an den Standort nicht angepasste Forstvegetation hat zu ökologischen und ökonomischen Problemen geführt. Eine auf vielen Standorten des ostdeutschen Tieflandes ökologisch stabile und ökonomisch gewinnbringende Alternative zum Kiefern-Reinbestand ist der Kiefern-Buchen-Mischbestand, der durch Unterbau begründet wird (Abb. 2). Dabei kommt es zu einem deutlichen Verlust an Pflanzenartenvielfalt (Abb. 3). Die typischen, den Nadelwald begleitenden Arten verschwinden schnell mit der Veränderung von Lichtfaktor und Oberbodenzustand, während die den Laubwald begleitenden Arten erst ganz allmählich einwandern bzw. sich wieder entwickeln können.

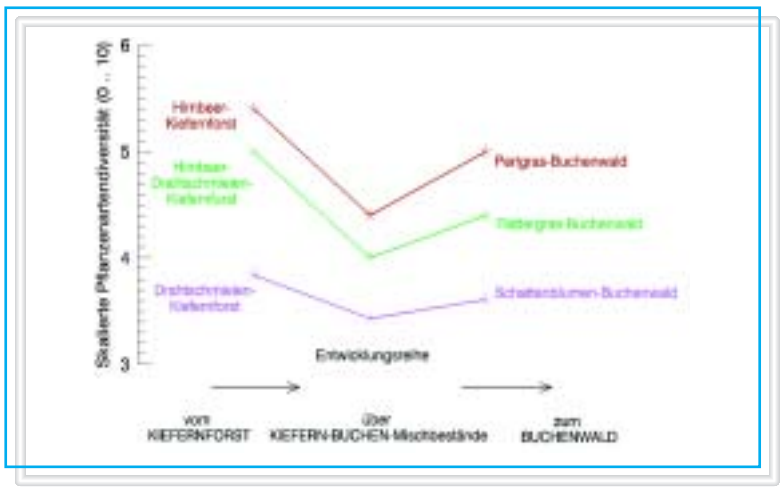
Wertung

Naturannäherung durch Waldumbau von Kiefernbeständen führt an vielen Standorten des ostdeutschen Tieflandes zu einem Verlust an Pflanzenartenvielfalt. Auch die Zahl der Arten, die nach der Roten Liste als gefährdet eingestuft werden (Abb. 4), nimmt ab. Dabei muss allerdings beachtet werden, dass sich die Roten Listen nicht auf den potenziellen natürlichen Zustand beziehen, sondern auf einen historischen Zustand, der durch eine starke Entkoppelung der natürlichen Stoffkreisläufe gekennzeichnet war. Sie sind daher für eine vernünftige Gefährdungsbeurteilung nur bedingt brauchbar.

Ökologisch begründete Eichmaße für Vielfalt und Gefährdungsabschätzungen sind die natürlichen Diversitätspotenziale unserer Landschaft. Veränderte Umweltbedingungen führen zu einer neuen Waldnatur. Diese neuen Diversitätspotenziale werden jedoch nicht erreicht, wenn sich Umweltbedingungen sehr schnell ändern, wie beispielsweise bei anthropogenen Klimaveränderungen oder Fremdstoffeinträgen.

Eine vollständige Naturannäherung ist nicht das Ziel eines ökologischen Waldumbaus. So bekräftigen die dargestellten Ergebnisse die Forderung, die Ablösung der Kiefernforsten vorrangig in den Standortbereichen mit besserer Bodennährkraft durchzuführen. Andererseits sollten Baumarten wie die heimischen Eichen in unseren Wirtschaftswäldern auch innerhalb des klimatischen Buchenwaldareals

Abb. 3: Entwicklung der Pflanzenartendiversität als Folge des Buchenunterbaus in verbreiteten Kiefern-Forst-Ökosystemen des ostdeutschen Tieflandes auf Standorten „mittlerer", „mittlerer bis kräftiger" und „kräftiger" Bodennährkraft.



einen deutlich höheren Bauwert bekommen. Dies ist nicht nur ökonomisch sinnvoll, sondern führt auch zu einer im Vergleich mit reinen Buchenwäldern deutlich erhöhten Diversität an Pflanzen- und Tierarten. Nicht zuletzt wird hierdurch auch die Anpassungsfähigkeit der Wälder im Hinblick auf mögliche Klimaänderungen verbessert.

Naturannäherung durch Waldumbau erhöht das Potenzial der Wälder zu selbstorganisierter Entwicklung. Dabei sollten reife Entwicklungsstadien auch in Wirtschaftswälder integriert werden. Auch mit naturnahen Verjüngungsmethoden, die bei Minimierung der Bodenverwundung und vorsichtiger Öffnung der Kronendächer natürlichen Abläufen nahe kommen, vom Wirtschafter jedoch viel Zeit und Geduld erfordern, lassen sich natürliche Diversitätspotenziale besser ausschöpfen.

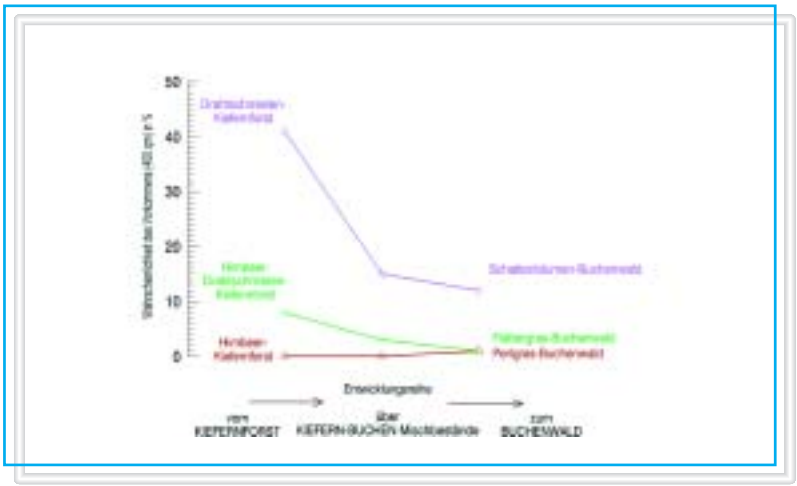


Abb. 4: Entwicklung des Vorkommens von Rote-Liste Arten (Rote Liste BRD 1997) als Folge des Buchenunterbaus in verbreiteten Kiefern-Forst-Ökosystemen des ostdeutschen Tieflandes.

Zur genetischen Diversität innerhalb von Baumarten

Ausgehend von den eiszeitlichen Refugien in Südeuropa haben die Baumarten in der Nacheiszeit wieder große Verbreitungsgebiete besiedelt und sich dabei an unterschiedliche lokale Gegebenheiten, zum Beispiel an den atlantischen oder kontinentalen Klimabereich und an unterschiedliche Höhenlagen, angepasst. Baumpopulationen müssen sich durch ihre Langlebigkeit mit vielen wechselnden abiotischen und biotischen Umweltbedingungen auseinandersetzen und dabei ihre Stabilität und Anpassungsfähigkeit bewahren.

Bei den Forstbaumarten Mitteleuropas handelt es sich bis auf wenige Ausnahmen (z.B. gezüchtete Pappelklone) weitgehend um Wildpopulationen, obwohl sie durch menschliches Handeln seit Jahrhunderten beeinflusst worden sind. Trotz dieser Beeinflussung ist die Variation innerhalb von Forstbaumpopulationen nicht vergleichbar mit der Homogenität landwirtschaftlicher und gärtnerischer Kulturpflanzen-Sorten.

Welche Prozesse beeinflussen die genetische Vielfalt?

Bei jeder sexuellen Reproduktion werden die genetischen Informationen der Elterngeneration neu kombiniert. Neue genetische Varianten können aber auch durch Mutationen entstehen. Besonders während der Sämlings- und Jungpflanzenentwicklung geht dann die Populationsgröße von mehreren tausend Individuen je Hektar auf wenige hundert zurück. Dabei kann es sich um ein selektives Absterben durch Stressfaktoren oder um selektive Durchforstungsmaßnahmen handeln. Beides kann zu gerichteten Verschiebungen bei Genotypen-Häufigkeiten führen. Zufälliges Absterben oder schematische Durchforstungen dagegen verändern genetische Strukturen kaum.

Wie wird die genetische Variation erfasst und bewertet?

Zur Beschreibung der genetischen Variation werden Genmarker eingesetzt, die einen bestimmten Abschnitt aus der gesamten genetischen Information der Zelle markieren. Erste experimentelle populationsgenetische Untersuchungen an Forstgehölzen wurden vor ca. 30 Jahren mit Isoenzymmarkern begonnen. In den letzten Jahren sind mit molekulargenetischen Methoden viele neue Markertypen zugänglich geworden.

Allein schon die Unterscheidung von Varianten (Allele, Genotypen, Haplotypen) kann zum Beispiel zur Rekonstruktion der Abstammung zwischen Eltern- und Nachkommengenerationen beitragen (Abb. 5). Zahlreiche populationsge-

netische Parameter und weitere mathematisch-statistischen Auswertemethoden basieren auf der Anzahl der Varianten und den relativen Häufigkeiten in Populationen. Bei weitverbreiteten Hauptbaumarten, wie Buche, Eiche, Fichte oder Kiefer, unterscheiden sich die Populationen nur um ca. 5 % ihres Allelbestandes voneinander. Bei der Eibe dagegen, wo die einzelnen Vorkommen relativ stark voneinander isoliert sind, beträgt dieser Unterschied über 15 %.

Über den aktuellen Zustand der 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 einzelne Schritte wie Rekombination, Selektion, Verbreitung usw. zerlegen.

Gezählte genetische Varianten oder berechnete Parameter allein sind wenig aussagefähig, wenn sie nicht sinnvoll bewertet werden können. Kenntnisse über Mindestpopulationsgrößen gehören dazu ebenso wie die Planung von Gen-Erhaltungsmaßnahmen, zum Beispiel sinnvolles Zusammenführen von Restvorkommen zu Reproduktionseinheiten bei seltenen Baumarten. Ziel ist nicht eine Maximierung der genetischen Vielfalt, sondern die „genetische Nachhaltigkeit" in dem Sinne, dass die Bedingungen, die zur Erhaltung des Systems erforderlich sind, erhalten bleiben oder geschaffen werden.

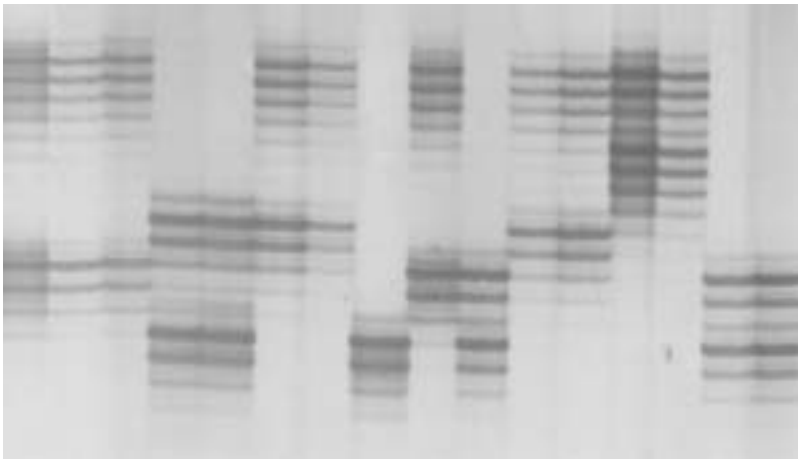


Abb. 5: Mikrosatellitenmarker bei der Nachkommenschaft einer frei abgeblühten Wildkirsche (Prunus avium)

Forschung zur Erhaltung der biologischen Vielfalt der Wälder in Deutschland

Im Übereinkommen über die biologische Vielfalt (CBD), das Deutschland 1992 unterzeichnet hat, wurde die Aufgabe festgeschrieben, Wälder und ihre biologische Vielfalt auch für kommende Generationen zu erhalten. Unter anderem ist vereinbart, dass die Vertragsstaaten Vorgänge und Tätigkeiten bestimmen, die erhebliche nachteilige Auswirkungen auf die Erhaltung und nachhaltige Nutzung der biologischen Vielfalt haben können. Für den Forstbereich sind dabei folgende Fragenkomplexe besonders wichtig:

- Welche Einflüsse haben waldbauliche bzw. forstliche Maßnahmen auf die biologische Vielfalt?
- Welche Folgen haben Maßnahmen anderer direkter (Be-)Nutzungen der Wälder für die biologische Vielfalt?

Das BMVEL hat in den Jahren 1996-1999 ein Verbundprojekt zu diesen Fragen gefördert. Unter Mitwirkung und Koordinierung der BFH wurden in drei Teilprojekten an den Universitäten Hamburg und Göttingen ökologisch-genetische, vegetationskundliche, pflanzengeographische und systemanalytische Untersuchungen sowie Literaturstudien auf der Ebene einzelner Waldbestände durchgeführt.

Nur wenige Waldstandorte sind seit der Eiszeit kontinuierlich bewaldet. In der Regel dürfte – insbesondere im norddeutschen Tiefland – in den heutigen Waldstandorten ein mehrfacher Wechsel zwischen forstlicher und landwirtschaftlicher Nutzung stattgefunden haben. Auf der Landschaftsebene ergibt sich daraus ein räumliches Muster von Waldstandorten mit unterschiedlicher Bestockung, Entstehungs- und Nutzungsgeschichte sowie sich daraus ergebenden verschiedenen Fragmentierungs- bzw. Vernetzungsgraden. Kenntnisse über die Auswirkungen dieser Vorgeschichte auf den gegenwärtigen Zustand der Wälder und ihrer biologischen Vielfalt bilden eine entscheidende Voraussetzung für die Umsetzung der sich aus der CBD ergebenden Forderungen.

Vor diesem Hintergrund wird vom BMVEL seit Beginn des Jahres 2001 ein weiteres Verbundprojekt gefördert zur Entwicklung und Anwendung von Methoden, welche es ermöglichen, die Zielsetzung „Erhaltung und nachhaltige Nutzung der biologischen Vielfalt der Wälder" auf Landschaftsebene konkret umzusetzen. Die Bearbeitung erfolgt in einem interdisziplinären Verbund von Projekten aus den Bereichen Waldökologie/Artenvielfalt, Ökologische Genetik und Populationsgenetik, Molekularbiologie und Systemanalyse/ Modellierung sowie Ökonomie. ■

S. Anders[1]; H. Ellenberg[2]; H. Hertel[3]; G. Hofmann[4]; M. Jenssen[4]; J. Heuveldop[5]; W. U. Kriebitzsch[2]; G. v. Oheimb[6]; M. Schmidt[5]; F. Scholz[3]

1 Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft, Institut für Forstökologie und Walderfassung, 16225 Eberswalde.

2 Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft, Institut für Weltforstwirtschaft, 21031 Hamburg.

3 Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft, Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, 15377 Waldsieversdorf .

4 Waldkunde-Institut Eberswalde.

5 Universität Hamburg, Ordinariat für Weltforstwirtschaft.

6 Universität Lüneburg, Institut für Ökologie und Umweltchemie.

Bodenmikro – die verbor

Christoph Tebbe (Braunschweig)

Die Vielfalt von Bodenmikroorganismen und ihre Bedeutung für den Bodenschutz lassen sich mit herkömmlichen Methoden kaum ermitteln. Die moderne Molekularbiologie eröffnet hier neue Möglichkeiten – die Konturen einer geheimnisvollen Welt werden deutlicher erkennbar.

Was Mikroorganismen für den Boden tun

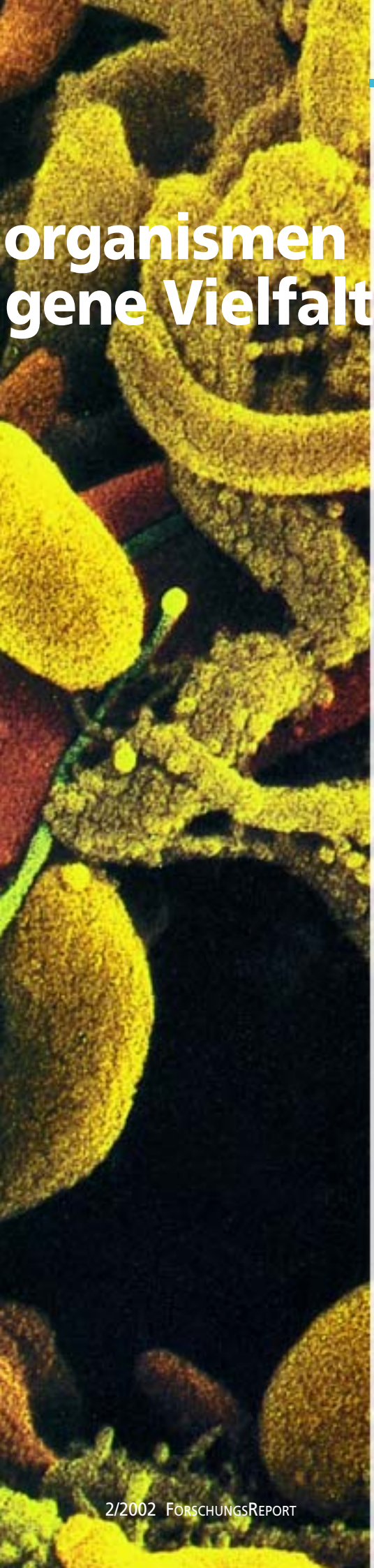
Bodenmikroorganismen, insbesondere Bakterien, leisten einen wesentlichen Beitrag zur Funktion und nachhaltigen Nutzbarkeit von Böden. Pflanzenreste, Dünger und Pflanzenschutzmittel werden mikrobiologisch abgebaut, so dass Anbauflächen sich im Laufe einer Vegetationsperiode regenerieren und das Grundwasser sauber bleibt. Bodenbakterien und Pilze sind am Aufbau der organischen Substanz in Böden beteiligt und erhöhen wesentlich die Bodenfruchtbarkeit.

Im Wurzelraum von Pflanzen, in den so genannten Rhizosphären, leben Bakterien und Pilze, die vom Kohlenstoffangebot der Pflanzen profitieren und den Pflanzen im Gegenzug wachstumsfördernde Faktoren liefern. Einzellige Bodentiere (Protozoen) ernähren sich von Bodenbakterien und haben damit vermutlich eine wichtige Kontrollfunktion zur Ausbildung einer stabilen, natürlichen Mikroflora. Und auch mit höheren Tieren treten Bodenmikroorganismen in eine ökologisch wichtige Wechselwirkung: Sie helfen kleinen Bodeninsekten und Würmern dabei, organische Substanz zu verdauen und zu mineralisieren.

Die Wechselwirkungen von Bodenmikroorganismen mit Pflanzen können positiv sein, wie beispielsweise bei Leguminosen, die von Bakterien aus der *Rhizobium*-Gruppe mit Stickstoff versorgt werden, oder aber negativ, wie bei pathogenen Mikroorganismen, die ihre Wirtspflanzen schädigen oder gar abtöten.

Pflanzenschädigende, phytopathogene Bakterien vermehren sich besonders gut, wenn sie immer wieder das gleiche Opfer, also die gleiche Kulturpflanze, „vor Augen" haben. Fruchtfolgen und integrierter Pflanzenbau zeigen, wie es richtig geht: Werden die Kulturpflanzen nicht in monotoner Reihenfolge nacheinander angebaut sondern in einer Fruchtfolge, haben die phytopathogenen Bodenbakterien schlechtere Chancen. Offensichtlich entwickelt sich im Zuge von Fruchtfolgen eine größere natürliche Mikroorganismen-Vielfalt, in der die pathogenen Spezialisten ihre Vorteile verlieren.

Bakterien im Darm von Collembolen. Äußerlich sehen alle Bakterien ähnlich aus (stäbchenförmig), aber molekulare Analysen zeigen, dass es sich um viele unterschiedliche „Arten" handelt.



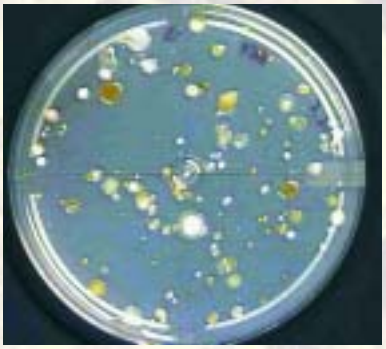
organismen
gene Vielfalt

Vielfalt von Mikroorganismen ist etwas besonderes

Höhere Organismen, wie Pflanzen und Tiere, sind in Arten eingeteilt. Dabei bezeichnet der Begriff „Art" eine Fortpflanzungsgemeinschaft, in der alle Weibchen und Männchen miteinander fruchtbar kreuzbar sind. Bei Bodenbakterien ist das nicht so eindeutig: Eine Art, wie sie für höhere Organismen definiert ist, gibt es dort nicht. Sexuelle Prozesse sind äußerst seltene Ereignisse und – wenn sie denn stattfinden – nicht unbedingt auf eng verwandte Organismen beschränkt. Zwar definiert die Mikrobiologie auch bei Bakterien „Arten" – Organismen mit einem bestimmten, hohen Verwandschaftsgrad – jedoch sind diese Definitionen relativ willkürlich. Dazu kommt, dass verschiedene, nicht miteinander verwandte Arten genau das gleiche tun können (z.B. Zellulose abbauen oder Wachstumshormone für Pflanzen bilden) und umgekehrt einige Vertreter einer „Art" etwas besonderes können (z.B. ein Pflanzenschutzmittel abbauen) und andere nicht.

Die äußerliche Gestalt der Bakterien ist nicht sehr vielfältig, sie reicht nicht als Kriterium zur Unterscheidung und schon gar nicht, um etwas über ihre physiologischen Fähigkeiten oder ihre ökologische Funktion auszusagen. Physiologische Leistungen, etwa die Fähigkeit Luftstickstoff zu binden oder ein bestimmtes Pflanzenschutzmittel abzubauen, lassen sich im Labor an Mikroorganismen untersuchen. Dazu ist es notwendig, den Organismus zunächst auf Nährböden anzureichern und zu vermehren. Bei solchen Untersuchungsmethoden bleibt jedoch häufig unklar, welche Bedeutung der gerade untersuchte Organismus tatsächlich im Boden hat, ob er nicht vielmehr aus einem Ruhestadium „erweckt" wurde und wie häufig er überhaupt vorkommt.

Über Kultivierungstechniken lassen sich aus einem Gramm fruchtbaren Ackerbodens 10 Millionen Bakterienzellen isolieren. Das Mikroskop zeigt jedoch, dass es in einem Gramm 10 bis 100 mal mehr intakte, lebensfähige Bakterienzellen gibt. Das heißt: Die tatsächliche Vielfalt der Bodenbakterien lässt sich auf dem Wege der Kultivierung nicht darstellen,



Nährboden (Agar), beimpft mit einer Bodensuspension. Die verschiedenen Kolonieausprägungen deuten auf unterschiedliche Bodenmikroorganismen hin – aber nur rund 1 % der Bodenbakterien sind unter solchen Bedingungen überhaupt in der Lage, Kolonien zu bilden.

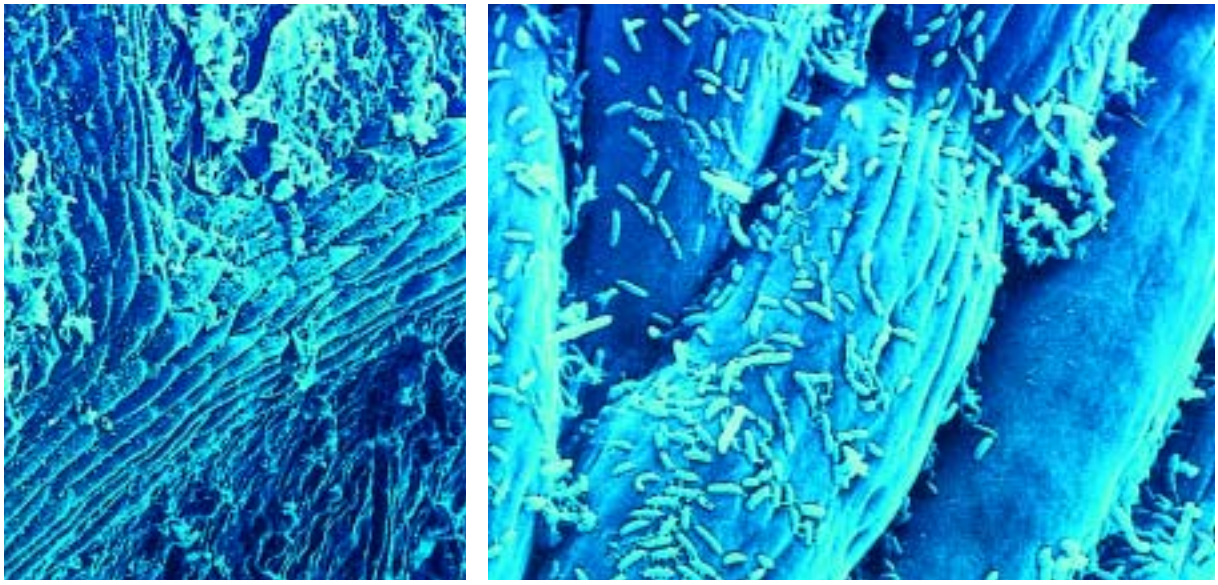
da nur ca. 1 % der Organismen überhaupt auf den üblichen Nährböden wächst. Trotz dieser Limitierungen werden die so genannten „Kolonie-bildenden Einheiten" (also Bakterien, die auf Nährböden wachsen) häufig als Indikator für die Bodenqualität aufgeführt. Der Wert lässt sich einfach ermittlen, für viele ökologische Untersuchungen ist er jedoch zu grob und daher nicht sehr aussagekräftig.

Durch kultivierungsunabhängige Techniken ist heute bekannt, dass in einem Gramm Boden mehr als 1.000, wahrscheinlich oft mehr als 10.000 verschiedene Bakterien-„Arten" vorkommen.

Von Markergenen zur Vielfalt

Dank der Entwicklungen in der molekularen Biologie ist es heute möglich, die Bakterienvielfalt auch ohne Kultivierung zu untersuchen: DNA, die gemeinsame Erbsubstanz (fast) aller Organismen, wird aus Umweltproben, zum Beispiel aus Boden, direkt extrahiert. Mit Hilfe der Polymeraseketten-Reaktion (PCR) lassen sich dann aus dieser DNA bestimmte Gene isolieren, die Auskunft über die Vielfalt der Mikroflora geben.

Anfang der 90er Jahre hat unsere Arbeitsgruppe im Institut für Agrarökologie der Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL), ebenso wie auch die Gruppe um Kornelia Smalla in der Biologi-



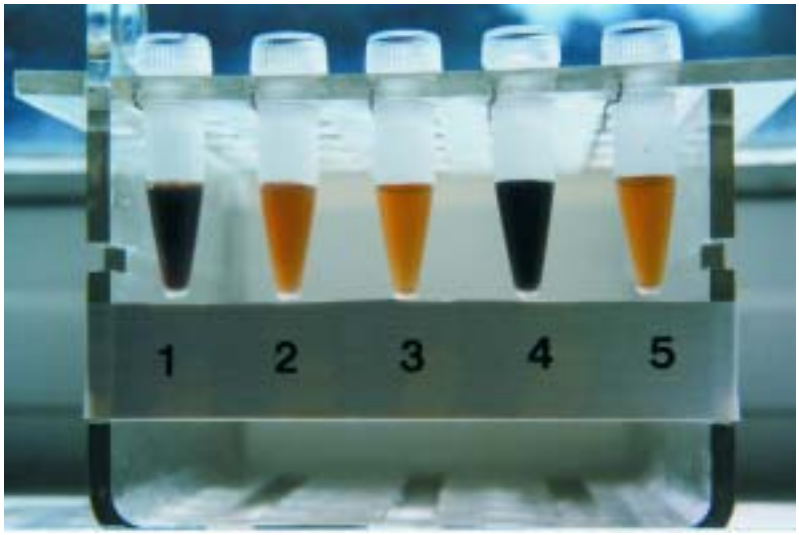
Aufnahmen mit dem Rasterelektronenmikroskop zeigen bei zunehmend starker Vergrößerung zahlreiche Bakterien.

schen Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft (BBA), Methoden zur direkten Extraktion von DNA entwickelt. Dabei galt es das Problem zu lösen, Huminsäuren, die aus dem Boden mit extrahiert werden und die PCR hemmen, zu entfernen beziehungsweise in ihrer hemmenden Wirkung abzuschwächen. Zunächst wurden die PCR-Verfahren vor allem für den Nachweis von gentechnisch veränderten Mikroorganismen im Zusammenhang mit der biologischen Sicherheitsforschung entwickelt und genutzt. Heute stehen die Methoden auch für Biodiversitätsuntersuchungen zur Verfügung.

Das entscheidende Gen für derartige Untersuchungen ist ein bestimmtes rRNA-Gen. Dieses Gen kommt in jedem Organismus vor, und die Ähnlichkeit dieses Gens bei zwei Organismen steht in direktem Zusammenhang mit ihrer stammesgeschichtlichen (phylogenetischen) Verwandtschaft. Diese phylogenetischen Beziehungen bilden heute das Fundament der modernen Klassifizierung von Mikroorganismen. Die PCR ermöglicht es, rRNA-Gene anzureichern, ohne die dazugehörigen Bakterien kultivieren zu müssen. Dabei erhält man auch rRNA-Gene von unbekannten Organismen, denn es kann vorausgesagt werden, wie diese Gene in bestimmten Bereichen aufgebaut sind. PCR-Primer binden an diese Bereiche und umschließen dabei variable Genabschnitte. Diese variablen Abschnitte wiederum können genutzt werden, um auch unbekannte Organismen in das phylogenetische System einzuordnen.

Tatsächlich bringen Untersuchungen an herkömmlichen Agrarböden Erstaunliches zu Tage: Die meisten rRNA-Gene gehören zu Bakterien, die noch nicht genau bekannt sind. Mehr noch: Viele Bakterien scheinen zu eigenständigen phylogenetischen Gruppen zu gehören, die uns bisher fast vollkommen verborgen waren. Selbst Archaea – Mikroorganismen, die lange irrtümlicherweise zu den Bakterien gerechnet wurden und die für ihre Fähigkeit bekannt sind, unter sehr extremen Bedingungen (Hitze, Salzgehalt, Druck) leben zu können – trifft man in unseren Böden an. Ihre genaue Aktivität und ökologische Funktion ist noch nicht bekannt.

Proben mit ungereinigter DNA aus verschiedenen Böden.



Zuviel Vielfalt?

Aufgrund der hohen natürlichen Vielfalt der Bodenmikroorganismen wäre es ein aussichtsloses Unterfangen, alle Bodenbakterien im Zuge einer angewandten ökologischen Fragestellung zu charakterisieren. Will man zum Beispiel die Auswirkung einer Bodenbelastung unter-

suchen, ist es günstiger sich darauf zu beschränken, die Veränderungen der Vielfalt zu messen. Hierzu wurden genetische Fingerprinting-Verfahren entwickelt: Die Bakterienvielfalt wird wie in einem Fingerabdruck darstellt, die Fingerabdrücke von verschiedenen Proben werden miteinander verglichen und die Unterschiede analysiert. Durch Arbeiten von Frank Schwieger, Achim Schmalenberger und Anja Dohrmann als Doktoranden in unserer Arbeistgruppe wurde die PCR-SSCP-Technik, ursprünglich für Mutationsnachweise in der Genetik entwickelt, für diese Zwecke verändert. PCR-SSCP steht heute für Vielfaltsuntersuchungen zur Verfügung und wird inzwischen weltweit eingesetzt.

Genetische Fingerabdrücke mit der PCR-SSCP-Technik können in ihrer Empfindlichkeit unterschiedlich eingestellt werden. Möchte man alle Bakterien einer Umweltprobe nachweisen, setzt man Primer-Systeme ein, die an hoch konservierte Regionen der rRNA-Gene binden – möchte man nur einen Zweig des phylogenetischen Baums, also eine Verwandschaftsgruppe nachweisen, so wählt man spezifischere Primer. Gerade bei Böden ist die Auswahl von spezifischeren Systemen wichtig, da die natürliche Bakterienvielfalt zu groß ist, um sie in einem einzelnen Fingerabdruck darzustellen.

Ist erst einmal eine Methode zur Praxisreife entwickelt, ergeben sich vielfältige Anwendungsmöglichkeiten. So untersuchten wir zum Beispiel im Rahmen eines EU-Projekts, ob Ozon-geschädigte Pflanzen andere Bakteriengemeinschaften in ihrer Rhizosphäre haben als nicht geschädigte. Andere Projekte vergleichen mit Hilfe der PCR-SSCP die Rhizosphäre-Gemeinschaften gentechnisch veränderter und nicht veränderter Pflanzen.

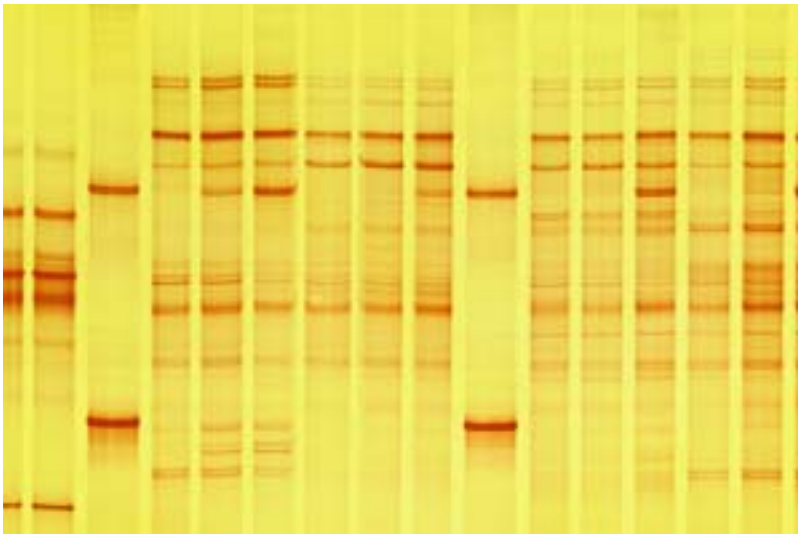
Nicht nur im Boden selbst, auch in Bodentieren finden Mikroorganismen besondere ökologische Nischen: Im Darm von Regenwürmern oder Springschwänzen (Collembolen) fanden wir bisher kaum beachtete Mikroorganismen, die vermutlich beim Nahrungsabbau helfen. Mit Hilfe von Gensonden und der Fluoreszenz-in situ Hybridisierungstechnik (FISH) gelang es unserer Arbeitsgruppe, Bakteriengemeinschaften in ihrer Vielfalt direkt im Darm von Collembolen sichtbar zu machen. Verschwinden die Tiere infolge von Bodenschädigungen aus den Ökosystemen, so gehen auch diese wichtigen Aktivitäten der Bakterien verloren – eine Potenzierung der Artenverarmung!

Die Zukunft hat begonnen

Noch sind die molekularen Methoden relativ neu und ihr Potenzial ist bei weitem nicht ausgeschöpft. Die Vielfaltsanalysen basieren häufig nur auf der Ansammlung von neu sequenzierten Genen, aber geben keine Information darüber, wie eine Mikroorganismengemeinschaft in ihrer Raumstruktur organisiert ist. Mit Hilfe der konfokalen Scanning-Lasermikroskopie lassen sich Gensonden-Techniken wie FISH und hochempfindliche Bildanalysen kombinieren. Hier liegt eine große Chance, die Struktur und Funktion von Gemeinschaften in ökologischen Nischen aufzuklären.

Vielfalt von Bodenmikroorganismen kann nicht nur beschrieben werden, sie lässt sich auch nutzen. Mit Hilfe von Klonierungsverfahren gelingt es inzwischen, intakte Gene aus nicht kultivierten Bodenbakterien auf das Labor-„Arbeitstier" der Genetiker, *Escherichia coli,* zu übertragen. Der Boden ist das größte Reservoir für biologische Vielfalt auf unserer Erde. Das haben auch Biotechnologie-Firmen erkannt, die damit begonnen haben, neue biotechnologische Produkte von nicht kultivierten Bodenmikroorganismen zu suchen und zu nutzen. Am Ende könnten neue, umweltfreundliche Produkte stehen – und die Erkenntnis, wie wertvoll die verborgene Vielfalt unserer Bodenmikroorganismen wirklich ist. ■

Genetische Fingerabdrücke mit der SSCP-Technik; hier von Bakteriengemeinschaften auf Steinen.



Bodenbakterien der Rhizobium-Gruppe versorgen Leguminosen mit Stickstoff

Priv.-Doz. Dr. Christoph Tebbe, Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL), Institut für Agrarökologie, Bundesallee 50, 38116 Braunschweig. E-mail: christoph.tebbe@fal.de

Mikroben machen mehr aus Milch

Biologische Vielfalt von Mikroorganismen und ihre Bedeutung für die Qualität fermentierter Milchprodukte

Knut J. Heller, Wilhelm Bockelmann, Arnold Geis, Horst Neve (Kiel)

Die überaus große Vielfalt fermentierter Milchprodukte – Butter, Buttermilch, Sauermilch, Dickmilch, Joghurt, Kefir, Schnittkäse, Sauermilchkäse und andere – beruht auf den stoffwechselphysiologischen Leistungen verschiedener Mikroorganismen, die in unterschiedlichen Funktionen zur Veränderung der Milch beitragen. Starterkulturen setzen den Milchzucker (Lactose) in Milchsäure (Lactat) um und tragen dadurch zur Haltbarmachung der fermentierten Produkte bei, beeinflussen aber auch Aroma und Geschmack. Schutzkulturen sollen die Entwicklung unerwünschter Mikroorganismen verhindern. Dieses geschieht entweder durch reine Verdrängung oder gezielte Abtötung durch die von den Schutzkulturen produzierten Substanzen. Reifungskulturen beschleunigen die Reifung der Produkte (insbesondere Käse). Probiotische Kulturen werden den Milchprodukten wegen ihres fördernden Einflusses auf die Gesundheit des Konsumenten zugesetzt, nur in wenigen Fällen tragen sie selbst auch in nennenswertem Umfang zur Fermentation bei.

Mikroorganismen für Milchfermentationen

Für die Fermentation von Milch sind vor allem die Milchsäurebakterien als Starterkulturen von Bedeutung. Die in Frage kommenden Bakterien stammen aus einer überschaubaren Anzahl von Gattungen, nämlich *Lactobacillus, Lactococcus, Leuconostoc* und *Streptococcus.* Im Kefir zählen darüber hinaus auch Hefen der Gattungen *Candida* und *Kluyveromyces* zur Starterkultur (Abb. 1).

Als Reifungsorganismen spielen einerseits Schimmelpilze der Gattungen *Geotrichum* und *Penicillium* eine Rolle, andererseits die Bakterien der Rotschmiereflora (Gattungen *Brevibacterium, Arthrobacter, Corynebacterium, Microbacterium und Staphylococcus*). In Hartkäse ist weiterhin *Propionibacterium* an der Reifung und Lochbildung beteiligt.

Reifungskulturen, die auf der Oberfläche wachsen, dienen häufig auch als Schutzkulturen, da sie die Besiedlung der Oberfläche durch unerwünschte Mikroorganismen verhindern. Gezielt als Schutzkulturen können Nisin produzierende Laktokokken als Bestandteil der Starterkulturen mit eingesetzt werden.

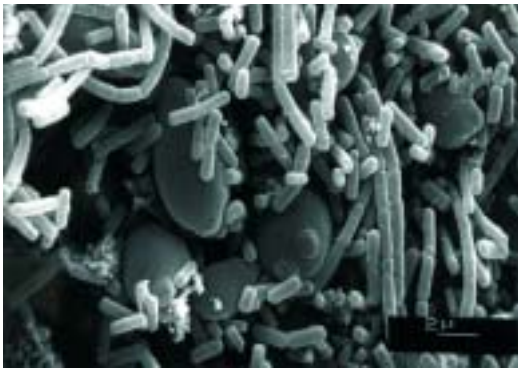
Probiotische Mikroorganismen stammen vor allem aus den beiden Gattungen *Lactobacillus* und *Bifidobacterium.*

Vielfalt offenbart sich auf Stammebene

Die relativ geringe Vielfalt der zum Einsatz kommenden Bakterien scheint sich nicht wesentlich zu vergrößern, wenn man statt der Gattungen die Arten betrachtet (Tab. 1). Bei *Lactococcus* und *Streptococcus* ist lediglich jeweils eine Art von Bedeutung, bei *Leuconostoc* sind es zwei. Nur in der Gattung *Lactobacillus* kommen mehrere Arten zum Einsatz.

Nicht nur bei den Milchsäurebakterien, auch bei den anderen erwähnten Mikroorganismen-Gattungen wird immer nur eine begrenzte Auswahl von Arten eingesetzt. Die daraus abgeleitete Einschätzung jedoch, dass die biologische Vielfalt der Fermentationsorganismen äußerst eingeschränkt sei, täuscht: Die Vielfalt spielt sich auf der Ebene unterhalb der Spezies, also auf Stammebene ab. Dazu sollen im Folgenden einige Beispiele gegeben werden. Die Daten stammen aus dem Institut für Mikrobiologie der Bundesanstalt für Milchforschung (BAfM).

Abb. 1: Rasterelektronenmikroskopische Aufnahme der Mikroflora von Kefir. Bei den kleinen, meist langestreckten Zellen handelt es sich um Bakterien, bei den größeren Zellen um Hefen.



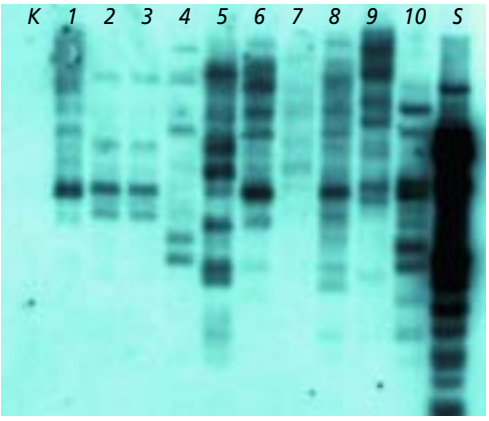


Abb. 2: Nachweis (Southern Blot) unterschiedlicher Prophagen-DNA in Lactococcus lactis Stämmen (Spuren 1–10). In Spur (K) wurde die DNA eines prophagenfreien L. lactis Stammes und in Spur (S) die DNA des als Hybridisierungssonde eingesetzten Bakteriophagen aufgetragen.

Bei Milchsäurebakterien kommen häufig lysogene Stämme vor. Hierbei handelt es sich – im Agenten-Jargon gesprochen – um „Schläfer": Die Bakterien tragen das Erbgut von temperenten Bakteriophagen (Bakterien-befallende Viren) versteckt in ihrer chromosomalen DNA. Normalerweise sind diese Bakterien nicht auffällig; unter den natürlichen Stressbedingungen der Milchfermentation allerdings (niedriger pH-Wert, osmotischer Stress) kann der Phage aktiviert werden, er gliedert sich aus dem Bakterien-Genom aus und zerstört die Starterkultur. Viele Stämme tragen auch DNA-Sequenzen von Phagen mit sich herum, die defekt sind oder Überbleibsel aus früheren Phageninfektionen darstellen. Die Abbildung 2 illustriert im Genom von 10 *Lactococcus lactis*-Stämmen den Nachweis dieser phagenhomologen DNA nach Fragmentierung und Auftrennung im Agarose-Gel.

Ein anderes Beispiel ist *Streptococcus thermophilus*. In dieser Spezies enthalten einige Stämme ein bis zwei unterschiedliche Plasmide (extra-chromosomale DNA). Die meisten der auf diesen Plasmiden gefundenen Gene haben eine unbekannte Funktion. Man konnte ihnen bislang keine Eigenschaften zuordnen, die Einfluss auf die Eigenschaften der Wirtszelle nehmen. Neben Genen, die die eigene Replikation der Plasmide steuern, wurden lediglich Gene für Hitzeschockproteine (shsp) und Restriktions-Modifikationsenzyme (r.sth, m.sth) nachgewiesen (Abb. 3). Diese Funktionen sind allerdings wichtig für die technologischen Eigenschaften der Zellen: Die Gene für kleine Hitzeschockproteine beeinflussen die Fähigkeit der Zellen zur Fermentation bei unterschiedlichen Temperaturen, und die Gene für Restriktions- und Modifikationsenzyme machen die Zellen resistent gegen verschiedene Phagen-Infektionen.

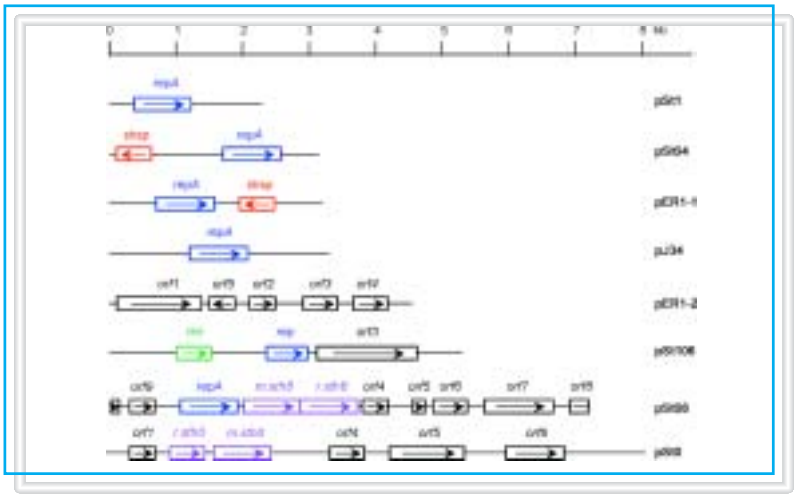


Abb. 3: Durch DNA-Sequenzierung charakterisierte Plasmide aus S. thermophilus. Die Kästchen und Pfeile stellen Gene und deren Orientierung dar. Gene unbekannter Funktion sind als orf (open reading frame) bezeichnet.

Gerade letzterer Aspekt, die Resistenz gegenüber Bakteriophagen, zeigt, dass die Spezies *Streptococcus thermophilus* eine immense biologische Vielfalt aufweist. Am Institut für Mikrobiologie der BAfM haben wir 122 *Streptococcus thermophilus*-Stämme aus unserer Kulturensammlung auf Resistenz oder Sensitivität gegenüber unterschiedlichen Phagen untersucht. Dabei zeigte sich, dass etwa 90 Stämme verschiedene Phagensensitivitätsprofile aufwiesen. Allein unter diesem Aspekt sind damit auch 90 Stämme mit unterschiedlichen technologischen Eigenschaften für die Fermentation von Milchprodukten identifiziert.

Tab.1: Für Milchfermentationen eingesetzte Mikroorganismen

Organismen	Produkte
Hefen	
Candida kefir	Kefir
Candida krusei	Rotschmierekäse
Debaryomyces hansenii	Rotschmierekäse
Kluyveromyces marxianus	Kefir, Rotschmierekäse
Kluyveromyces lactis	Kefir
Schimmelpilze	
Geotrichum candidum	Käse
Penicillium roqueforti, camemberti (candidum)	Käse
Bakterien	
Gram-negative Bakterien	
Acetobacter pasteurianus	Kefir
Halomonas spec.	Weichkäse
Milchsäurebakterien	
Lactobacillus casei, delbrueckii, acidophilus, helveticus	fermentierte Milch, Butter, Käse
Lactococcus lactis	fermentierte Milch, Butter, Käse
Leuconostoc mesenteroides, lactis	fermentierte Milch, Butter, Käse
Streptococcus thermophilus	Joghurt, Käse
andere Gram-positive Bakterien	
Brevibacterium linens	Rotschmierekäse
Microbacterium barkeri	Rotschmierekäse
Staphylococcus equorum	Rotschmierekäse
Arthrobacter globiformis	Rotschmierekäse
Corynebacterium nicotianae	Rotschmierekäse
Propionobacterium freudenreichii	Käse

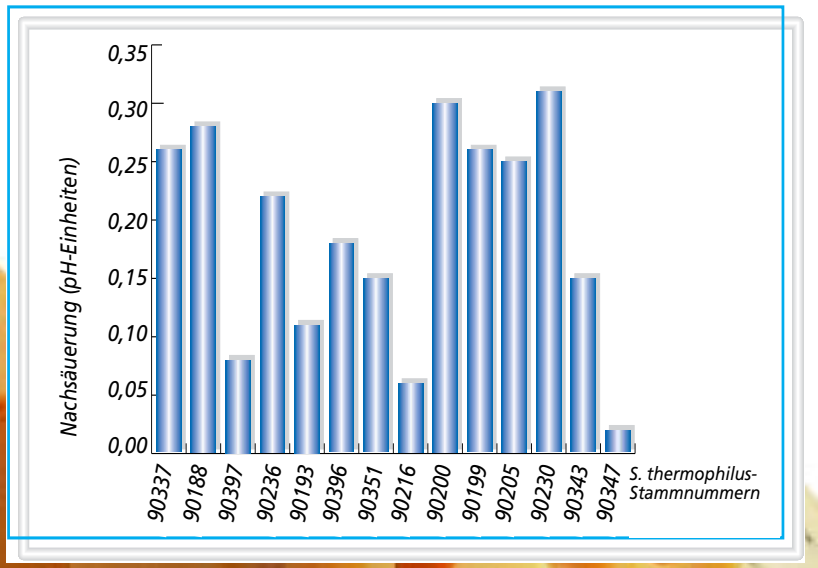
Biologische Vielfalt und Produktqualität

Auch die Qualität der fermentierten Milchprodukte hängt entscheidend davon ab, welche Stämme der Starterkulturen verwendet werden. Als Beispiel mag wieder *S. thermophilus* dienen. Dieser Organismus wird zusammen mit *Lactobacillus delbrueckii subsp. bulgaricus* zur Herstellung von Joghurt eingesetzt. Ein wichtiges Qualitätsmerkmal für Joghurt ist eine möglichst geringe Nachsäuerung nach Abschluss der Fermentation, da während der Lagerung des Produkts bei Kühlschranktemperaturen bei starker Säuerung meist auch unerwünschte Bitteraromen entstehen. Die Nachsäuerung wird ganz wesentlich durch die Kombination der zur Fermentation eingesetzten *S. thermophilus*-Stämme beeinflusst (Abb. 4). Bisher ist nicht klar, welche Eigenschaften der Stämme für die Unterschiede in der Nachsäuerung verantwortlich sind.

Ist es bei Joghurt die Nachsäuerung, so ist es im Fall von Rotschmierekäsen (Schnitt-, Weich-, Harzerkäse) die Entsäuerung der Käseoberfläche, die entscheidend zur Produktqualität beiträgt. Im sauren Milieu der jungen Käse (pH 5,0-5,3) kann sich die Rotschmiereflora nicht vollständig entwickeln. Diese Entwicklung erfolgt erst, nachdem die Käseoberfläche durch laktatabbauende Hefen wie *Debaryomyces hansenii, Geotrichum candidum* oder *Candida krusei* entsäuert wurde. Je schneller die Entsäuerung erfolgt, desto eher kann sich eine Oberflächenflora etablieren, desto schneller verläuft die Reifung und desto effektiver wird auch die Besiedlung der Oberfläche mit unerwünschten Keimen verhindert. Die Fähigkeit zur Entsäuerung ist bei verschiedenen Stämmen der genannten Hefen unterschiedlich ausgeprägt (Abb. 5).

Bereits mit der Einführung der ersten probiotischen Produkte auf dem Markt bestand Klarheit darüber, dass die besonderen gesundheitlichen Eigenschaften der Probiotika nicht die Eigenschaften einer gesamten Spezies sind, sondern lediglich einzelnen Stämmen innerhalb einer Spezies zugeordnet werden können. Einer der bekanntesten probiotischen Organismen – *Lactobacillus casei* Shirota – wird bereits seit 1955 unter Nennung der Stammbezeichnung vermarktet. Damit ergibt sich aber auch die Notwendigkeit, diese Stämme eindeutig von anderen Stämmen der gleichen Art differenzieren zu können. Eine solche Differenzierung läßt sich – ohne besondere Vorkenntnisse über die Eigenschaften der Stämme – mit Hilfe der Pulsfeld-Gelelektrophorese (PFGE) durchführen. Dabei wird die gesamte chromosomale DNA der Stämme mit verschiedenen Restriktionsenzymen in unterschiedlich große Fragmente zerlegt. Diese werden in einer Agarose-Gelelektrophorese mit ständig variierendem elektrischen Feld aufgetrennt, und es ergeben sich charakteristische DNA-Fragmentmuster. Diese Muster sind stammspezifisch und eignen sich hervorragend, um zum Beispiel mit der Nahrung aufgenommene probiotische Bakterien nach der Magen-Darm-Passage in Faeces nachzuweisen. Die Abbildung 6 zeigt PFGE-Muster verschiedener Stämme aus unterschiedlichen Bifidobakterien-Arten. Durch Nachweis eines identischen PFGE-Musters lässt sich ein unbekannter Stamm eindeutig als Stamm

Abb. 4: Nachsäuerung in Joghurts, die mit Mischkulturen bestehend aus L. delbrueckii subsp. bulgaricus (Stamm 92061) und jeweils unterschiedlichen S. thermophilus-Stämmen fermentiert wurden. Die Fermentation wurde in H-Milch bis zu einem pH-Wert von 4,4 durchgeführt, danach wurde bei 4 °C für 4 Wochen gelagert.



einer bestimmten Spezies identifizieren. Erst durch diesen Nachweis läßt sich sicherstellen, dass die mit einem probiotischen Milchprodukt zugeführten Bakterien auch tatsächlich in lebender Form an ihren Wirkungsort gelangen. Und das müssen sie, um die ihnen zugeschriebenen gesundheitlichen Wirkungen auch tatsächlich ausüben zu können.

Vielfalt ist notwendig

Die hier genannten Beispiele belegen, dass Milchfermentationen sich nicht durch eine beschränkte Zahl von Mikroorganismen-Kulturen durchführen lassen. Für viele Aspekte der Fermentationen müssen verschiedene Stämme mit unterschiedlichen Eigenschaften zur Verfügung stehen um zu gewährleisten, dass die Fermentationen effizient und sicher durchgeführt werden können und das Produkt von hoher Qualität ist.

Es ist Aufgabe der mikrobiologischen Institute, diese biologische Vielfalt aufzudecken, das Wissen darüber verfügbar zu machen und die isolierten Stämme zu konservieren. ■

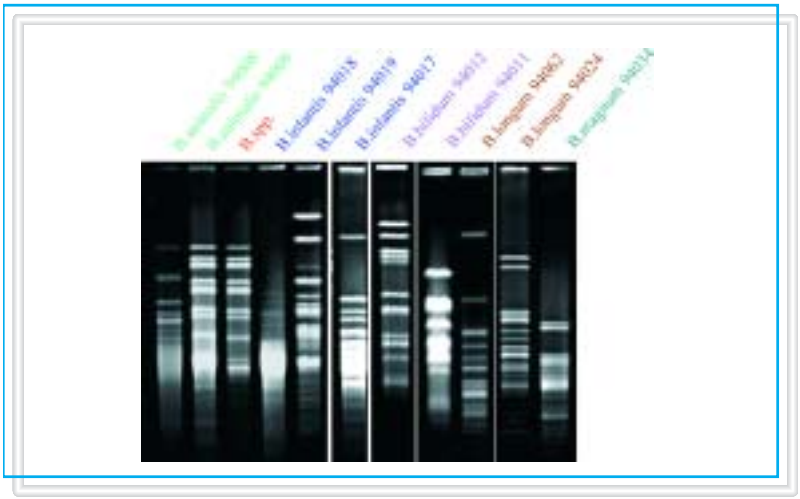
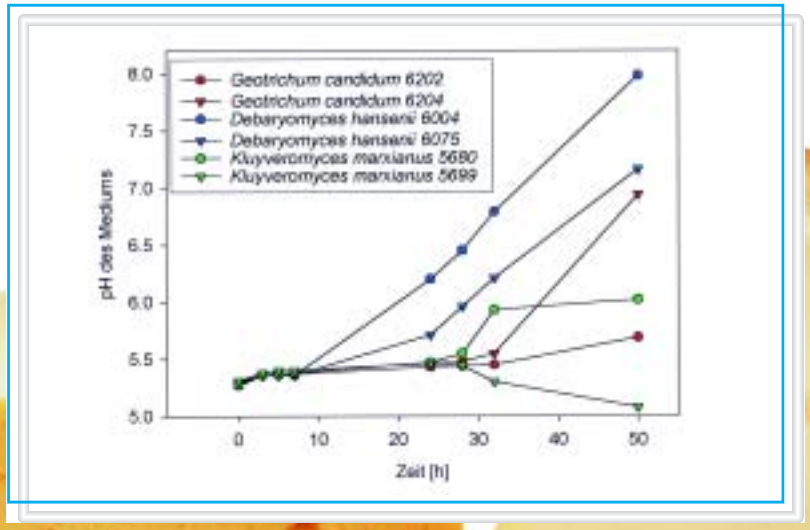


Abb. 6: Pulsfeld Gelelektrophorese (PFGE) Muster der DNAs verschiedener Bifidobakterien-Stämme. Bei dem Bifidobacterium spp. (3. Bande von links) handelte es sich um ein ursprünglich nicht näher charakterisiertes Bifidobakterium, welches duch PFGE eindeutig als B. animalis 94009 identifiziert werden konnte.

Abb. 5: Eignung verschiedener Hefe- und Schimmelpilzstämme für die Entsäuerung der Käseoberfläche

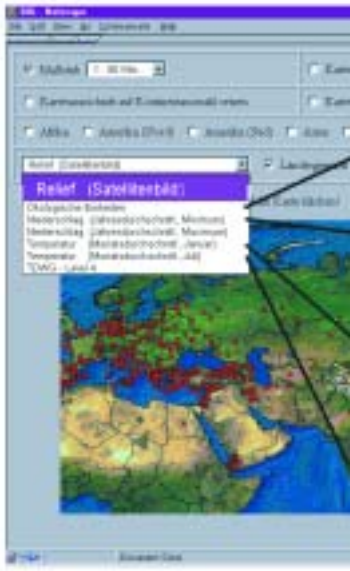


Prof. Dr. Knut J. Heller, Dr. Wilhelm Bockelmann, PD Dr. Arnold Geis und Dr. Horst Neve, Bundesanstalt für Milchforschung, Institut für Mikrobiologie, Hermann-Weigmann-Str. 1, 24103 Kiel

Wir danken Andreas Laborius und Claudia Möller, die für die Abbildungen 2 und 4 Daten aus ihren Doktorarbeiten zur Verfügung gestellt haben.

Geographische Informationssysteme zur Bewertung der biologischen Vielfalt

S. Roscher, I. Bäumer, F. Begemann, S. Harrer, E. Münch (Bonn)



Will man die Biologische Vielfalt in der Landschaft erhalten und nachhaltig nutzen, sind raum- und zeitbezogene Informationen als Grundlage notwendig. Welche Umweltbedingungen weisen die Regionen auf, in denen bestimmte Pflanzen- oder Tierarten ihren Ursprung haben? Sind die Eigenschaften bestimmter Sorten für einzelne Gebiete und ihre naturräumlichen Gegebenheiten besonders gut geeignet? Gibt es Anbautrends? Fragen dieser Art beziehen sich auf die Fläche und haben zudem noch eine zeitliche Dimension. Zur Dokumentation und Bewertung des Ist-Zustandes sowie zur Abschätzung zukünftiger Entwicklungen wird Informationstechnologie benötigt, die sowohl zeit- als auch raumbezogene Daten verarbeiten kann. Geographische Informationssyssteme (GIS) sind dazu hervorragend geeignet. Das Informationszentrum Biologische Vielfalt (IBV) der Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (ZADI) entwickelt Internetbasierte GIS-Anwendungen zur Information und Bewertung der Biologischen Vielfalt in der Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft.

Grundlagen Geographischer Informationssysteme (GIS)

Schon seit Jahrhunderten stellen Geoinformationen eine wesentliche Entscheidungsgrundlage für den Menschen dar. In Form von Karten wurde das Wissen über raumbezogene Sachverhalte in gut lesbarer Form abgebildet. Heute erweitern Geographische Informationssysteme die klassischen Kartenwerke und tragen mit dazu bei, dass Geoinformationen in fast allen Bereichen der modernen Informations- und Kommunikationsgesellschaft genutzt werden.

Mit Geographischen Informationssystemen (GIS) wird es möglich, Geometrie- und Sachdaten in ihren komplexen räumlichen und inhaltlichen Zusammenhängen zu erfassen, zu speichern, zu verarbeiten und auszugeben. Lage, Ausdehnung und geometrische Formen von Geoobjekten können verwaltet und – im Gegensatz zu herkömmlichen Karten und Plänen – mit beschreibenden Informationen in einer Tabelle direkt verknüpft werden. Durch diese Verbindung von Geometrie und Sachdaten entstehen die vielfältigen Analysemöglichkeiten für raumbezogene Daten.

Anwendungsmöglichkeiten

Für die systematische Suche nach Wuchsorten von Pflanzen mit bestimmten Eigenschaften – beispielsweise spezifischen Resistenzen – werden digitale Karten zu Umweltfaktoren benötigt. Der so genannte ökogeographische Ansatz unterstützt die Identifizierung von Pflanzen, die unter bestimmten Umweltbedingungen die gesuchten Eigenschaften entwickelt haben. Georelief (Höhe, Neigung, Exposition), Klima (Niederschlag, Temperatur), Länge der Wachstumsperiode, Kaltluft- und Frostgefährdung, Boden (Substrat, Bodenfeuchteregime, pH) und weitere abiotische und biotische Faktoren sind dabei von Interesse. Häufig liefern digitale Kartengrundlagen wertvolle Hinweise für lohnenswerte Sammelorte.

Beispiel Sammelreisen

Das Deutsche Weidelgras (*Lolium perenne*) ist weltweit verbreitet und gehört in Regionen mit ausreichender Feuchtigkeit und milden Wintern zu den wirtschaftlich wichtigsten Gräsern. Im Zuge der züchterischen Bearbeitung wurden neben Sorten mit hohem Futterwert, guter Beweidungsverträglichkeit, etc. auch Rasengräser gezüchtet.

Von Mitarbeitern der Genbank des Instituts für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) wurde 1998 eine Sammelreise in Bulgarien durchgeführt.

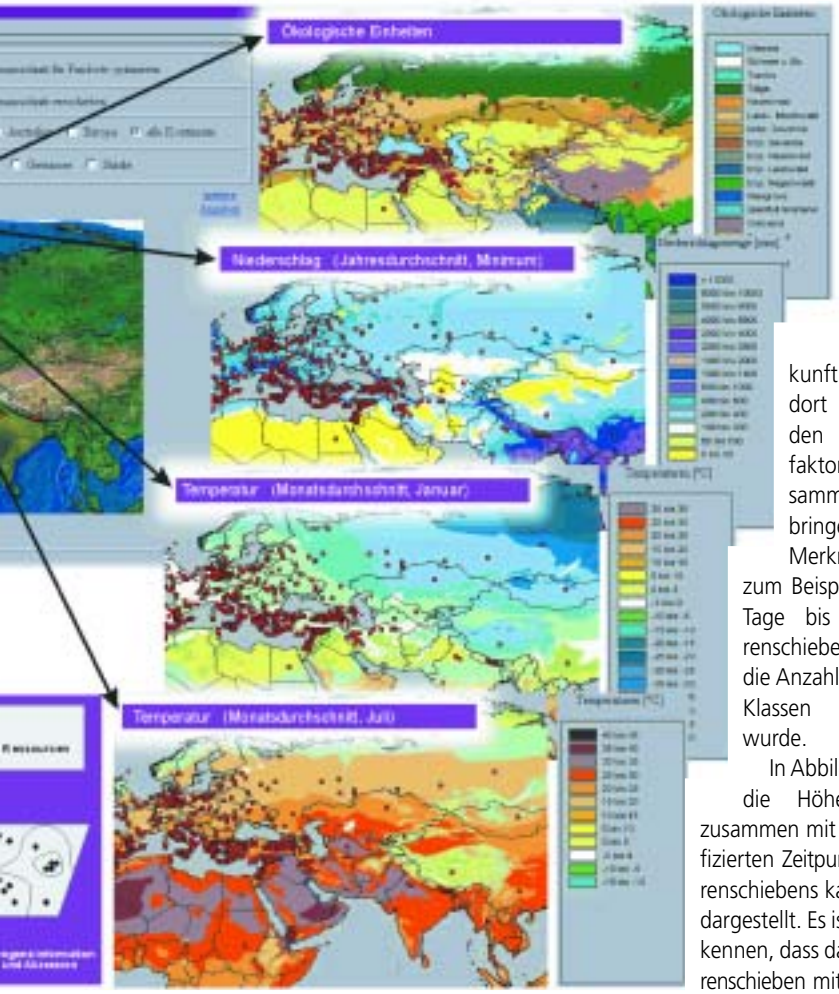


Abb. 2: Die GIS-Komponenten im Bundesinformationssystem Genetische Ressourcen (BIG) (Quelle: ZADI)

Dabei wurden unter anderem Proben von *Lolium perenne* systematisch gesammelt und anschließend im Einzelpflanzenquartier die Merkmalsvielfalt der einzelnen Herkünfte durch Messungen und Bonituren bestimmt. Zur Analyse bestehender Zusammenhänge zwischen Umweltfaktoren und phänotypischen Merkmalsausprägungen wurden erste Auswertungen mit einem GIS vorgenommen. Die Koordinaten der Sammelorte sowie die Höhe über NN wurde mit Hilfe von GPS (Global Positioning System) direkt im Gelände gemessen, so dass alle Fundorte georeferenziert vorliegen und als Karte visualisiert werden können. Auf diese Weise ist es möglich, die Merkmalsausprägungen der Pflanzen mit der geographischen Herkunft und den dort herrschenden Umweltfaktoren in Zusammenhang zu bringen. Ein Merkmal war zum Beispiel „Anzahl Tage bis zum Ährenschieben", wobei die Anzahl der Tage in Klassen eingeteilt wurde.

In Abbildung 1 sind die Höhenschichten zusammen mit dem klassifizierten Zeitpunkt des Ährenschiebens kartografisch dargestellt. Es ist gut zu erkennen, dass das frühe Ährenschieben mit den höheren Lagen der Fundorte korreliert. Dieser Zusammenhang war auch zu erwarten, da in höheren Lagen – bedingt durch die kürzere Vegetationszeit – die Pflanzen im allgemeinen auf frühe Reife selektiert werden. Mittels GIS ist die Auswahl von Gebieten mit niedrigen Wintertemperaturen und/oder mit besonderen Schneelagen möglich, was die Wahrscheinlichkeit erhöht, dort Genotypen mit besonderer Winterhärte oder einer hohen Resistenz gegen Schneeschimmel (*Fusarium nivale)* zu finden. Diese Genotypen können dann bei der Entwicklung von Ausgangsmaterial für die weitere Sortenentwicklung durch die Pflanzenzüchtung eingesetzt werden.

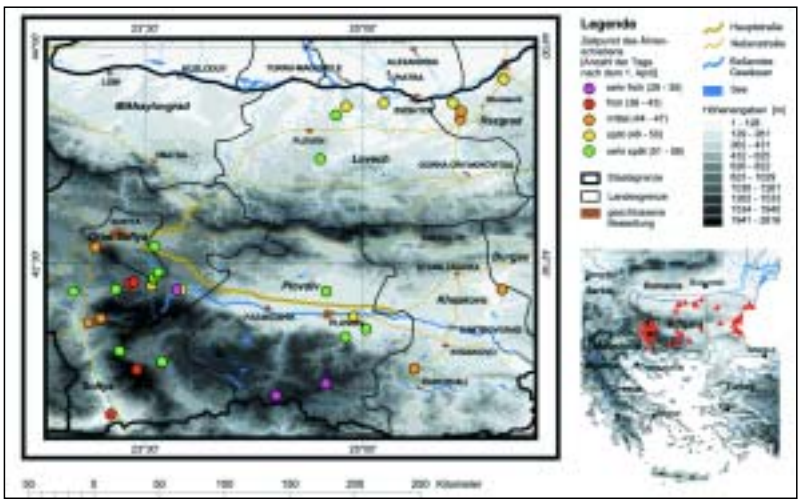
Abweichende Merkmalsausprägungen, wie das beispielsweise bei einer Herkunft im südwestlichen Abschnitt der Abbildung 1 zu beobachtende unerwartet frühe Ährenschieben in einer Flußniederung, können wertvolle Hinweise auch zur Verbesserung der Datenqualität, wie z.B. Hinweise auf mögliche Fehlerquellen in den Datenbanken aufzeigen; seien es Unkorrektheiten in den Koordinatenangaben des Fundortes oder in den Angaben der Bonituren.

Darüber hinaus können sich durch GIS auch wertvolle Hinweise für die Planung künftiger Sammelreisen ergeben.

Das Bundesinformationssystem Genetische Ressourcen (BIG)

Viele Institutionen in Deutschland betreiben spezifische Online-Datenbanken,

Abb. 1: Darstellung von Eigenschaften (hier: Frühreife) für verschiedene Fundorte von Lolium perenne (Datenquelle: IPK)



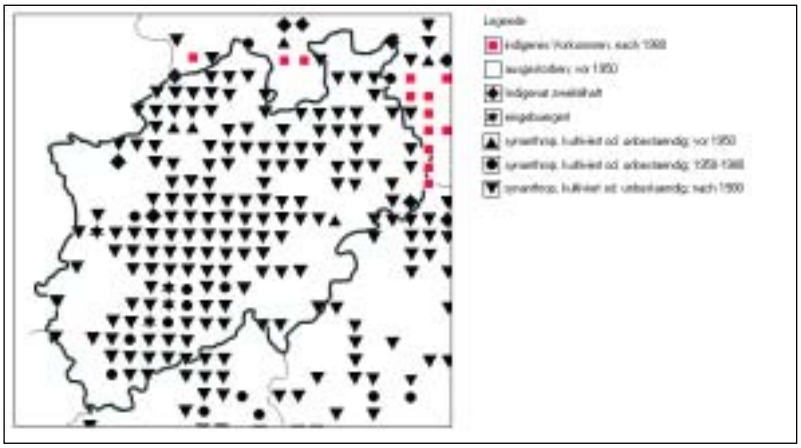


Abb. 3: Verbreitung der Eibe in Nordrhein-Westfalen, dargestellt auf der Datenbasis der Floristischen Kartierung Deutschlands (Datenquelle: BfN)

in denen sie verschiedenste Angaben zu genetischen Ressourcen sammeln. Das Problem dabei ist, dass diese Verzeichnisse unabhängig voneinander entstanden sind, auf unterschiedliche Bedürfnisse zugeschnitten wurden und dadurch sehr heterogen sind. Das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) fördert daher den Aufbau des „Bundesinformationssystems Genetische Ressourcen (BIG)", mit dem es möglich sein soll, über eine Abfrage in den dezentralen Online-Datenbanken Informationen zu den in Deutschland verfügbaren pflanzengenetischen Ressourcen umfassend abzubilden. Dabei werden biologische, genetische, ökologische, ökonomische und geographische Daten miteinander verknüpft. Das Informationssystem integriert die Suchergebnisse aus den verschiedenen Datenbanken und stellt sie in einer nutzerspezifischen Sicht dar.

Am Aufbau von BIG sind verschiedene Institutionen beteiligt: das Bundesamt für Naturschutz (BfN, Bonn), der Botanische Garten der Ruhr-Universität Bochum für den Verband Botanischer Gärten, das Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK, Gatersleben) sowie das Informationszentrum Biologische Vielfalt (IBV) der ZADI in Bonn. Für die Suche in BIG stehen ein Thesaurus mit rund 120 Deskriptoren und eine umfangreiche Komponente für die Recherche über Pflanzennamen zur Verfügung. Die dritte Zugangsmöglichkeit, die im Folgenden näher erläutert wird, ist die Suche über den Raumbezug.

Ein typisches Beispiel für raumbezogene Abfragen in BIG ist die gezielte Recherche nach Pflanzenmaterial aus bestimmten Ursprungsländern. Eine Suchabfrage in Kombination von Pflanzenname und Ursprungsland ist dank des eingeführten Standards für den Datenaustausch einfach umzusetzen. Etwas schwieriger zu realisieren ist eine raumbezogene Abfrage mit eher unscharfen Einheiten wie „Finde Informationen zu Material einer bestimmten Pflanzenart, das aus den Subtropen stammt". Hierzu ist es erforderlich, den Begriff „Subtropen" für die Suche in eine Abfrage zu überführen, die die über BIG angesprochenen Datenbanken bedienen können. Das System nutzt hierzu topologisch-geometrische Beziehungen wie „ineinander enthalten sein" und ist dadurch in der Lage zu erkennen, welche Koordinaten und auch welche Staaten in den Subtropen liegen. Wie in Abbildung 2 schematisch dargestellt, können die akzessionsbezogenen Daten dann unter Nutzung weiterer thematischer Ebenen – beispielsweise einer digitalen Karte der durchschnittlichen Minimum-Temperaturen – analysiert werden.

GIS zur Information über forstliche Genressourcen

Das Ende 2000 verabschiedete „Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der

Abb. 4: Eibenvorkommen in Nordrhein-Westfalen nach Erhebungen im forstlichen Bereich (Datengrundlage: LÖBF)

Bundesrepublik Deutschland" sieht vor, die Artenvielfalt und die Vielfalt innerhalb von Baum- und Straucharten zu erhalten, forstliche Genressourcen nachhaltig zu nutzen, lebensfähige Populationen gefährdeter Baum- und Straucharten wieder herzustellen sowie einen Beitrag zur Erhaltung und Wiederherstellung vielfältiger Waldökosysteme zu leisten.

In der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht" (BLAG) wird derzeit ein erster Versuch unternommen, Angaben zu In-situ-Beständen forstlicher Genressourcen flächenbezogen für das ganze Bundesgebiet zusammenzutragen und über eine Internet-basierte GIS-Anwendung zugänglich zu machen.

Beispiel Eibe

Die Eibe gilt als der älteste heimische Nadelbaum. Die Wildform der Eibe ist in Deutschland selten geworden. Die Einführung der geregelten Forstwirtschaft hat sich auf die langsam wüchsige Eibe nachteilig ausgewirkt.

Die Abbildung 3 zeigt das Eibenvorkommen in Nordrhein-Westfalen (NRW) gemäß der Floristischen Kartierung, deren Angaben in die beim BfN geführte zentrale Datenbank „Florkart" eingehen. Auf der Karte sind keine Wildvorkommen für NRW ausgewiesen, abgesehen von einer möglichen Zuordnung einiger als „indigenes Vorkommen, nach 1980" bezeichneten Angaben an der Ostgrenze des Landes (im Gebiet um Höxter). Allerdings finden sich zahlreiche Nachweise für NRW unter der Rubrik „synanthrop, kultiviert oder unbeständig", die eventuell aus Kartierungen im Landschafts- und Gartenbau (Parks, Gärten, Friedhöfe) stammen. Eine genaue Zuordnung ist ohne die Kenntnis der Ursprungsdaten nicht möglich.

In Abbildung 4 sind flächendeckende Erhebungen im Auftrag der Forstämter NRW aus den Jahren 1988–1998 dargestellt. Sie ergeben ein völlig anderes Bild: Danach ist die Eibe im Wald in weiten Gebieten des Landes überhaupt nicht natürlich anzutreffen; die wenigen Vorkommen konzentrieren sich auf punktuelle Bereiche. (Die Daten wurden durch die Forstgenbank der Landesanstalt für Ökologie, Bodenordnung und Forsten Nordrhein-Westfalen (LÖBF) zur Verfügung gestellt.)

Will man also das Vorkommen der Eibe als eine in ihrem natürlichen Lebensraum in Waldökosystemen gefährdete Nadelbaumart darstellen, so liefert die Floristische Kartierung keine hinreichend exakten Aussagen. Es ist in diesem Fall vorteilhafter, die nicht aggregierten Daten, die auf den Erhebungen der Forstämter fußen, zu verarbeiten. Mit ihnen lässt sich die Situation der Eibe als forstliche Genressource wesentlich besser beschreiben.

Ausblick

Neben der im Aufbau befindlichen Darstellung der pflanzen- und forstgenetischen Ressourcen hat die ZADI bereits andere Online-Datenbanken mit GIS-Komponenten entwickelt, wie die zentrale Dokumentation tiergenetischer Ressourcen in Deutschland TGRDEU (www.genres.de/tgrdeu) oder das Verzeichnis der genutzten und potenziell nutzbaren Fischarten in deutschen Binnengewässern AGRDEU (www.genres.de/agrdeu) (vgl. Beitrag im ForschungsReport 1/2001).

Es wird angestrebt, die dargestellten GIS-Komponenten weiter zu einem raum- und zeitbezogenen Analysewerkzeug auszubauen, das für die Informationsaufbereitung, das Monitoring und die Bewertung der Biologischen Vielfalt in der Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft in Deutschland verwendet werden kann. Weitere flächenbezogene Erhebungen der Biologischen Vielfalt, die Ergänzung der Inventarisierung von schutzwürdigen In-situ-Ressourcen und eine stärkere Verknüpfung mit weiteren Geoinformationen auf regionaler und überregionaler Ebene sind zusätzliche Ausbauschritte. ■

Sabine Roscher, Ingo Bäumer, Dr. Frank Begemann, Siegfried Harrer, Dr. Eberhard Münch, Zentralstelle für Agrardokumentation und -information, Informationszentrum Biologische Vielfalt (IBV), Villichgasse 17, 53177 Bonn. E-mail: roscher@zadi.de

Danksagung

Für die Bereitstellung der Daten danken wir den genannten Partnerinstitutionen sehr herzlich.

Molekulare Marker zur Bewertung genetischer Vielfalt bei Geflügel

Steffen Weigend (Mariensee)

Die genetische Vielfalt bei Nutztieren ist ein wichtiger Baustein für eine nachhaltige landwirtschaftliche Produktion. Auch aus umweltpolitischer Sicht und unter wissenschaftlichen, ökonomischen und kulturellen Aspekten gewinnt sie zunehmend an Bedeutung. Bei der Zucht von Haustieren hat es der Mensch darauf angelegt, die Tiere an unterschiedliche Erfordernisse hinsichtlich Verwendung, Umwelt und Haltungsbedingungen anzupassen. Durch diese Selektion sind Rassen entstanden, die sich in ihren erblichen Merkmalen und Eigenschaften zum Teil deutlich unterscheiden. Diese Unterschiede können unmittelbare Bedeutung erlangen, wenn sich die Anforderungen der Verbraucher an tierische Produkte oder an die Haltungsbedingungen von Nutztieren ändern. Rassen stellen daher wichtige Ressourcenpopulationen dar. Um sie zu erhalten und im Rahmen einer nachhaltigen Landwirtschaft zu nutzen, müssen ihre Merkmale identifiziert und charakterisiert werden. Moderne molekulargenetische Untersuchungsmethoden bieten dazu erste erfolgversprechende Ansätze.

Die heutige Landwirtschaft wird von unterschiedlichen Produktionsweisen geprägt. Dabei lassen moderne Produktionsverfahren, in denen die effiziente Erzeugung hochwertiger Nahrungsgüter im Vordergrund steht, wenig Platz für Romantik. Dennoch haben wir oftmals ein Bild bunter Vielfalt auf dem Bauernhof vor Augen, wenn wir an ländliche Idylle denken.

Molekulargenetische Methoden helfen bei der Charakterisierung von Nutztierrassen

Einschränkung der Rassenvielfalt

Genetische Vielfalt innerhalb einer Art spiegelt sich wider in Unterschieden zwischen den einzelnen Rassen, Populationen und Individuen. Bei allen Nutztierarten lässt sich ein zunehmender Verlust von Rassen und damit von innerartlicher Variabilität beobachten. Als besonders gefährdet gilt der Geflügelbereich, da hier die Spezialisierung und Industrialisierung der Produktion wie bei keiner anderen Nutztierart vorangeschritten ist.

Während von Hobbyzüchtern eine Vielzahl von Geflügelrassen gepflegt wird, beschränkt sich die kommerzielle Geflügelzucht auf wenige, wirtschaftlich genutzte Zuchtlinien. Beim Huhn ist darüber hinaus eine Spezialisierung in Mast- und Legerichtung erfolgt. In der Legehennenzucht gibt es drei Zuchtunternehmensgruppen (mit 1 bis 3 individuellen Zuchtunternehmen), die den gesamten Weltmarkt mit Legehybriden weiß- und braunschaliger Eier abdecken. Eines dieser Unternehmen ist in Deutschland angesiedelt. In der Mastrichtung sind es ebenfalls drei Unternehmen, die 90 % des Weltmarktes abdecken. Auch bei Puten wird die Zucht von nur drei weltweit operierenden Unternehmen betrieben. Beim Wassergeflügel existieren etwa 20 Zuchtunternehmen, von denen weniger als fünf den weitaus größten Teil aller Elternlinien bereitstellen.

Den Geflügelzuchtprogrammen liegt eine hierarchische Struktur zugrunde. Die

Box 1: Eigenschaften der Mikrosatelliten

➪ *Molekulare Struktur [Beispiel $(CA)_n$– Repeat]*

5'.....TCTTGTGATGCGCACACACACACACACAAAAAACAACAGC.....3'
3'.....AGAACACTACGCGTGTGTGTGTGTGTGTTTTTTGTTGTCG.....5

➪ *Genetische Eigenschaften*
- *Co-dominante Vererbung*
- *Locus-Spezifität*
- *Über das gesamte Genom verteilt*
- *Hoch variabel*

➪ *Technische Eigenschaften*
- *Einfache und akkurate Analysierbarkeit*
- *Hoher Probendurchsatz*
  - *automatisierbar*
  - *Parallele Mehrfachbestimmung*
  - *Nichtradioaktive Analyseverfahren*

Zuchtlinien werden in den Basiszuchten gehalten und züchterisch bearbeitet. Zwischengeschaltete Vermehrungsbetriebe erzeugen Produktionstiere als 3- oder 4-Linien-Kreuzungsprodukte der in den Basiszuchtunternehmen selektierten Zuchtlinien. Das bedeutet, dass die Zuchtbasis nahezu aller weltweit wirtschaftlich genutzten Produktionstiere ausschließlich bei einer geringen Anzahl multinationaler Basiszüchter konzentriert ist, die wenige, hoch spezialisierte Zuchtlinien entwickelt haben.

Genetische Unterschiede müssen quantifizierbar sein

Die Wirtschaftsgeflügelzucht verzichtet derzeit darauf, das breite Spektrum der wirtschaftlich nicht genutzten Geflügelrassen aus dem Hobbyzuchtbereich in kommerzielle Zuchtprogramme einzubeziehen. Doch für eine zukünftige Geflügelproduktion könnte das genetische Potenzial dieser Rassen von Nutzen sein. Welchen Beitrag allerdings einzelne Rassen leisten können, lässt sich gegenwärtig nicht abschätzen. Zu ungenau sind die Informationen über die Verwandtschaft der Rassen, ihre Eigenschaften und das Leistungsvermögen.

Die überwiegende Zahl der verschiedenen Hühnerrassen, die in Deutschland verbreitet waren, werden heute von Hobbyzüchtern gehalten und entsprechend dem Rassestandard selektiert. In der organisierten Hobbygeflügelzucht gibt es jedoch kaum eine Herdbuchzucht mit systematischer Aufzeichnung der Abstammung wie bei Großtieren. Selektiert wird vorwiegend auf formale äußerliche Merkmale. Eine systematische Erfassung der Leistung unter definierten Umweltbedingungen existiert für diese Rassen in Deutschland nicht mehr.

In einer vom Bund Deutscher Rassegeflügelzüchter (BDRG) im Jahr 2000 durchgeführten Bestandsrecherche wurden allein 95 Hühnerrassen (ohne Zwerghuhnrassen), 20 Entenrassen und 14 Gänserassen erfasst. Dabei ist noch keine Aufteilung nach Farbschlägen erfolgt, die die Anzahl der Gruppen noch weit erhöhen würde. Angesichts der Vielzahl der Rassen und Farbschläge beim Geflügel ist es praktisch unmöglich, alle Eigenschaften dieser Tiere anhand experimenteller Prüfungen zu beschreiben. Folglich wird eine Alternative für die Bewertung genetischer Ressourcenpopulationen benötigt.

Molekulare Marker

Nach allgemein akzeptierter Auffassung sind Rassen als erhaltenswert einzustufen, wenn sie eine hohe genetische Distanz (Unverwandtschaft) zu anderen Rassen aufweisen und eine eigenständige Entwicklungsgeschichte haben. Um die genetische Distanz zu beschreiben, werden Merkmale benötigt, die die Unterschiede zwischen den Rassen beschreiben, also zwischen den Rassen variieren. Das können Merkmale sein, die äußerlich sichtbar sind wie die Gefiederfarbe, die Ausprägung des Kammes oder das Körpergewicht. Aber auch biochemische oder molekulare Merkmale oder Marker können zur Rassenunterscheidung herangezogen werden.

Molekulare Marker sind Abschnitte in der DNS (Desoxyribonukleinsäure), dem Träger der Erbinformation, die zwischen Individuen variabel sind. Die beachtlichen Fortschritte in der Molekulargenetik eröffnen heute völlig neue Möglichkeiten, solche Unterschiede zwischen Individuen, Populationen, Rassen und Arten zu charakterisieren. Während der letzten zwei Jahrzehnte sind eine Reihe unterschiedlicher Arten von molekularen Markern identifiziert geworden. Mit Hilfe einer Gruppe, den sogenannten „Variable Number of Tandem Repeat" (VNTR) Markern, zu denen auch Mikrosatelliten gehören, ließ sich bei Nutztieren die genetische Verwandtschaft zwischen Rassen erfolgreich studieren. Diese molekularen Marker sollen im Folgenden näher besprochen werden.

Mikrosatelliten als molekulare Marker

Mikrosatelliten sind Abschnitte in der DNS eines Individuums, die im Gegensatz zu Genen keine Bauanleitungen für Proteine enthalten. Diese DNS-Abschnitte bestehen aus kleinen, sich wiederholenden Unterabschnitten, das heißt Sequenzen mit sehr kurzer Basenfolge (z.B. [CA]n, siehe Box 1). Die Funktion von Mikrosatelliten ist nicht bekannt. Ihre Eigenschaften jedoch, insbesondere ihre zwischen Individuen variierende Länge (Allele), lassen Mikrosatelliten als bevorzugte Marker für verwandtschaftliche Untersuchungen zwischen Rassen oder anderen Gruppen von Individuen erscheinen.

Mikrosatelliten werden co-dominant vererbt: Unterscheiden sich die elterlichen DNS-Abschnitte, können beide Allele nachgewiesen werden. Weiterhin ist es gelungen, jedem Mikrosatelliten eine bestimmte Position in der genetischen Karte, dem Bauplan der Erbanlagen der je-

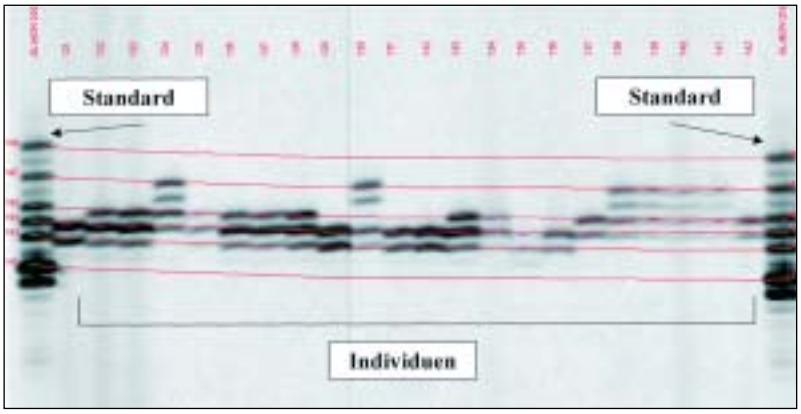


Abb. 1: Bild einer elektrophoretischen Auftrennung von DNS–Abschnitten unterschiedlicher Länge (Allele) des Mikrosatelliten MCW0216 beim Haushuhn
Äußere Spuren: Standardallele unterschiedlicher Länge (141bp, 143bp, 144bp, 145bp, 147bp, 149bp) zur Justierung der Allelgrößenbestimmung
Innere Spuren: 22 Individuelle Proben, die nach Vervielfältigung in der Polymerase-Ketten-Reaktion gelelektrophoretisch aufgetrennt wurden

weiligen Art, zuzuweisen. Dadurch ist es möglich, von den zahlreichen bekannten Mikrosatelliten solche für die Untersuchung auszusuchen, die gleichmäßig und unabhängig voneinander über das gesamte Genom verteilt sind. Auf diese Weise kann man mit einer begrenzten Anzahl von Markern repräsentative Informationen über Unterschiede zwischen Individuen auf der molekularen Ebene erhalten.

Mikrosatelliten sind für Biodiversitätsstudien nicht zuletzt deshalb so beliebt, weil sie sich gut technisch handhaben lassen. Ausgangspunkt sind spezifische, zum Beispiel aus einer Blutprobe gewonnene DNS-Abschnitte, die mit einem biochemischen Verfahren, der Polymerase-Kettenreaktion (PCR), in großen Mengen vervielfältigt werden. Dadurch steht genügend Material zur Verfügung, um die Längenausprägung des für das jeweilige Individuum charakteristischen DNS-Abschnitts analysieren zu können. Die Längenunterschiede der DNS-Kopien lassen sich auf einem geeigneten Träger (Polyacrylamid-Gel) in einem elektrischen Feld auftrennen und darstellen (Abb. 1). Aufbauend auf diesem Prinzip wurden Methoden entwickelt, die einen hohen Probendurchsatz bei akkurater Analysierbarkeit erlauben. Mit Hilfe spezieller Computerprogramme können DNS-Profile zahlreicher Individuen unterschiedlicher Rassen verglichen und ihre Ähnlichkeiten analysiert werden.

Biodiversitätsstudien mit Mikrosatelliten

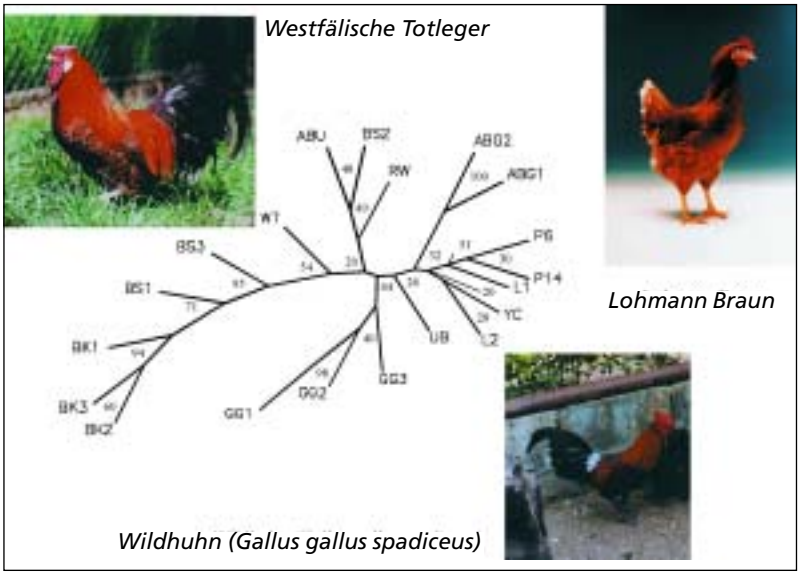
Die Charakterisierung mit Hilfe von Mikrosatelliten ist in den vergangenen Jahren bei allen wichtigen Nutztierarten erfolgt. Damit haben wir Einblicke in die Variabilität innerhalb der Rassen und zwischen Rassen gewinnen können.

Ein Maß für die Variabilität innerhalb einer Rasse ist der Heterozygotiegrad. Dieses Maß beschreibt den Anteil von Individuen, die in einzelnen Mikrosatelliten unterschiedliche Allele (unterschiedliche Länge des jeweiligen DNS-Abschnittes) von Mutter und Vater tragen. Dieser Anteil wird relativ zur Gesamtanzahl untersuchter Individuen bestimmt und für jede Rasse über alle Mikrosatelliten gemittelt.

In einem vor kurzem durchgeführten EU-weiten Forschungsprojekt (AVIAN-DIV), an dem das Institut für Tierzucht der Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL) federführend beteiligt war, wurden mehr als 50 verschiedene Hühnerrassen mit Hilfe von 25 Mikrosatelliten untersucht. Der durchschnittliche Heterozygotiegrad lag bei 47 %.

Interessanterweise zeigten die untersuchten Linien aus der Wirtschaftsgeflügelzucht eine mittlere bis hohe Variabilität in den untersuchten Markern – für einzelne Masthuhnlinien lag sie nahezu so hoch wie bei Wildhühnern. Offensichtlich wird in der Wirtschaftsgeflügelzucht intensiv darauf geachtet, Verpaarungen eng verwandter Tiere zu vermeiden, die zu einer

Abb. 2: Dendrogramm der verwandtschaftlichen Beziehungen zwischen 20 Hühnerpopulationen basierend auf der Allelanalyse von 14 Mikrosatellitenloci. Zahlenwerte an den Verzweigungen des Stammbaumes zeigen die Wiederholbarkeit der jeweiligen Gruppierung (in Prozent) bei 1000 Wiederholungen an (Bootstrapping).



Abnahme des Heterozygotiegrades und einer Zunahme der Inzucht führen würde.

Im Vergleich zu anderen Arten scheint der durchschnittliche Heterozygotiegrad bei Hühnern jedoch geringer zu sein. Bei anderen landwirtschaftlichen Nutztieren wie dem Schwein (68 %) oder Rind (60 %), aber auch beim Menschen (70–80 %) wurden höhere Heterozygotiegrade festgestellt. Sollte sich dieses Ergebnis in weiteren Untersuchungen bestätigen, wäre dies ein Hinweis, dass die genetische Vielfalt bei Hühnern mehr als bei anderen Nutztierarten gefährdet ist.

Ausgehend von Unterschieden in der Häufigkeit des Auftretens einzelner Mikrosatellitenallele können die genetische Distanzen verschiedener Rassen berechnet werden. Je mehr Individuen zweier Rassen DNS-Abschnitte gleicher Länge aufweisen, umso enger verwandt sind diese Gruppen. Auf diese Weise ist es möglich, die genetische Verwandtschaft zwischen Gruppen zu quantifizieren, dessen Ausdruck die genetische Distanz ist.

Spezielle mathematische Algorithmen erlauben es, die untersuchten Rassen in Stammbäumen (Dendrogrammen) zu gruppieren. Abbildung 2 zeigt ein Dendrogramm von 20 Hühnerpopulationen. Diese Hühnerpopulationen unterschiedlicher Herkunft wurden von uns an 14 Mikrosatellitenorten im Genom untersucht. Der daraus rekonstruierte Stammbaum lässt drei Verwandtschaftsgruppen der untersuchten Hühner erkennen: Rote Kammhühner (Wildhuhn, Vorfahre der Haushühner), Rassen nordwesteuropäischen Ursprungs (zu denen die Westfälischen Totleger gehören) und Rassen asiatischen Ursprungs, die unter anderem die Grundlage für kommerzielle Legelinien braunschaliger Eier bildeten.

Mikrosatellitenmarker können auch für eine Zuordnung einzelner Individuen zu einer Rasse verwendet werden. Anhand individueller Typisierungen von 27 Mikrosatelliten in einer Untersuchung bei 600 Tieren aus 20 Hühnerpopulationen wurde im Rahmen des AVIANDIV Projektes gezeigt, dass in 98 % der Fälle eine richtige Zuordnung der Individuen anhand der Mikrosatellitenmarker zur jeweiligen Rasse möglich war (Abb. 3). Bei einer Verringerung der Anzahl auf 12–15 hoch variable Marker und 15–20 Individuen erfolgte die Zuordnung der Tiere noch in 90 % der Fälle richtig.

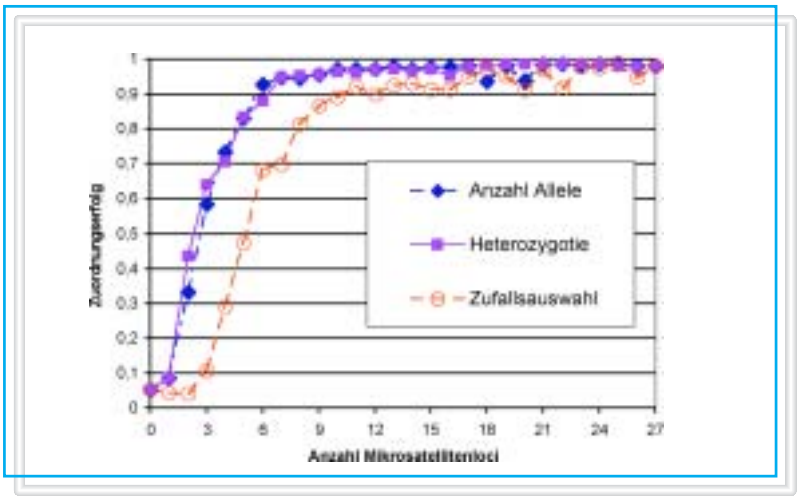


Abb. 3: Erfolgsrate einer korrekten Zuordnung von Individuen zu rassetypischen Clustern bei zunehmender Anzahl Mikrosatellitenloci als Beitrag zur Identifizierung und Erhaltung genetischer Ressourcen beim Haushuhn.
Mit steigender Anzahl Mikrosatelliten verbessert sich der Anteil richtig zugeordneter Tiere zur jeweiligen Rasse. Die Marker besitzen einen unterschiedlichen Informationsgehalt. Die schrittweise Einbeziehung der Marker in die Analyse, beginnend mit dem informativsten Marker, erlaubt eine Reduzierung der notwendigen Anzahl zu typisierender Marker und verringert dadurch den Aufwand. Bereits mit 10–12 hoch variablen Markern ist die Zuordnung der Tiere in mehr als 90 % der Fälle richtig.

Marker der nächsten Generation

Neueste Entwicklungen auf dem Gebiet der Molekulargenetik werden auch die zukünftige Strategie zur Bewertung genetischer Vielfalt entscheidend beeinflussen. Mikrosatelliten haben ihre Eignung als Marker für Biodiversitätsuntersuchungen bereits unter Beweis gestellt. Doch da sie nicht an der Kodierung von Proteinen, die ja die Merkmalsausprägungen steuern, beteiligt sind, gestatten sie nur indirekt eine Bewertung möglicher Unterschiede zwischen Rassen in speziellen Eigenschaften.

Punktmutationen (Single Point Mutation, SNP) stellen molekulare Marker dar, die überall im Genom auftreten können, also auch in Genen. Die Analyse von Punktmutationen werden daher auch Untersuchungen der molekularen Variabilität im funktionellen Bereich der DNS erlauben. In dem bereits erwähntem Forschungsprojekt AVIANDIV wurde geprüft, ob sich SNPs für Biodiversitätsstudien beim Haushuhn potenziell eignen. Dabei zeigte sich, dass Punktmutationen mit großer Häufigkeit im Genom des Huhnes auftreten.

Intensive Forschungen auf diesem Gebiet erweitern ständig unsere Kenntnisse über variable Bereiche im Genom unserer Haustiere. Dadurch wächst das Verständnis, wie sich die genetische Diversität auf molekularer Ebene widerspiegelt. Die Entwicklung effizienter Analysenmethoden zum Nachweis von SNPs in merkmalsbeeinflussenden Bereichen des Genoms der Nutztiere wird in künftigen Forschungsarbeiten zweifelsohne eine Schlüsselrolle einnehmen. ■

Dr. Steffen Weigend, Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL), Institut für Tierzucht, Höltystraße 10, 31535 Neustadt-Mariensee. E-mail: steffen.weigend@fal.de

Die Datenbank Seed Oil Fatty Acids (SOFA)

Ein Werkzeug zur Bearbeitung entwicklungsgeschichtlicher und oleochemischer Fragen

Bertrand Matthäus, Kurt Aitzetmüller (Münster) und Holger Friedrich (Bonn)

Die Samenöle der Pflanzen enthalten verschiedene Fettsäuren, die als natürliche Rohstoffe für die oleochemische Industrie interessant sind oder auch für eine pharmazeutische Nutzung in Frage kommen. Darüber hinaus bieten „ungewöhnliche", nur von Vertretern bestimmter Pflanzenfamilien gebildete Fettsäuren die Möglichkeit, Verwandschaftsverhältnisse zwischen einzelnen Pflanzengruppen näher abzuklären. Am Institut für Lipidforschung der Bundesanstalt für Getreide-, Kartoffel- und Fettforschung (BAGKF) sind über viele Jahre die in der Fachliteratur verstreuten Angaben zum Vorkommen und Gehalt einzelner Fettsäuren in Pflanzensamen gesammelt worden. Gemeinsam mit der Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (ZADI) ist diese Sammlung jetzt in eine online recherchierbare Datenbank überführt worden. Damit erschließen sich neue Dimensionen bei der gezielten Suche nach bestimmten Fettsäuren.

Hintergrund

Vor rund 10 Jahren, im Juni 1992, wurde auf der Umweltkonferenz „UNCED" in Rio de Janeiro mit dem Übereinkommen über die Biologische Vielfalt ein Abkommen von 157 Staaten und der Europäischen Gemeinschaft unterzeichnet, mit dem versucht werden soll, die Artenvielfalt unter den lebenden Organismen jeglicher Herkunft auch für nachfolgende Generationen zu sichern. Das „gemeinsame Erbe der Menschheit" soll – über nationale kommerzielle Erwägungen hinaus – für alle Länder verfügbar und nutzbar gehalten werden. Hinter dem Abkommen stand auch der Gedanke, natürliche Rohstofflieferanten für aktuelle und künftige Nutzungen zu bewahren. Dazu gehören auch Erkenntnisse über das im Pflanzenreich insgesamt vorhandene genetische Potenzial, das in den Pflanzensamen gespeichert ist. Bisher sind nur wenig Informationen über dieses Potenzial verfügbar. Jeden Tag verschwinden viele dieser Pflanzen von der Erde, sodass die Erforschung der Zusammensetzung der Samen zu einem Wettlauf mit der Zeit wird.

Fettsäuren und phylogenetische Fragen

Die Samen von Pflanzen dienen – anders als ihre grünen Teile – als Reservoir für Lipide, Kohlenhydrate und Proteine, die bei der Keimung in Energie umgesetzt werden und zum Wachstum der Pflanze führen. Gerade Lipide (Fette) sind in vielen Pflanzensamen sehr stark enthalten, da es sich um energiereiche Stoffe handelt. Hauptkomponenten der Fette sind in der Regel Triglyceride, die aus verschiedenen Fettsäuren aufgebaut sind.

Die in unseren essbaren Speiseölen üblicherweise vorhandenen Fettsäuren wie Palmitinsäure, Stearinsäure, Linolsäure oder Linolensäure kommen in fast allen Pflanzensamen in mehr oder weniger großen Mengen vor. Sie sind somit für eine verwandtschaftliche Einordnung der Pflanzen ohne Bedeutung. Ungewöhnliche Fettsäuren entstanden im Zuge der Evolution durch Mutationen. Heute sind sie oftmals auf Arten beschränkt, die während der Evolution in bestimmten Nischen überlebt haben oder zu sehr alten Pflanzenfamilien gehören. Hier sind Fettsäuren mit ungewöhnlichen Strukturen dann oft in erheblichen Mengen enthalten. So finden sich Fettsäuren mit Kohlenstoffringen, mit ungewöhnlicher Lage der Doppelbindung oder mit ungewöhnlichen Kettenlängen vor allem in archaischen Familien aus der Frühzeit der Evolution der Angiospermen (Bedecktsamer), während die Vertreter der jüngeren Pflanzenfamilien eher oxidierte und konjugierte Fettsäuren in ihren Samen aufweisen.

Für den Taxonomen ist das Wissen über ungewöhnliche Fettsäuren von Interesse, da hierdurch das Verständnis der entwicklungsgeschichtlichen Zusammenhänge zwischen verschiedenen Pflanzenfamilien wächst. Beispiele für Fettsäuren, die charakteristisch für bestimmte Familien sind und somit eine chemotaxonomische Bedeutung haben, sind die Laballensäure (18:2n5c,6c) bei Mitgliedern der Familie Lamiaceae (Lippenblütler), die ernährungsphysiologisch und pharmazeutisch bedeutsame g-Linolensäure (18:3n6c,9c,12c), die typisch für die Familie Boraginaceae (Borretschgewächse) ist, oder auch Cyclopenten-Fettsäuren, die nur bei den Flacourtiaceae, einer altertümlichen, weitgehend auf die Tropen/Subtropen beschränkten Pflanzenfamilie, vorkommen.

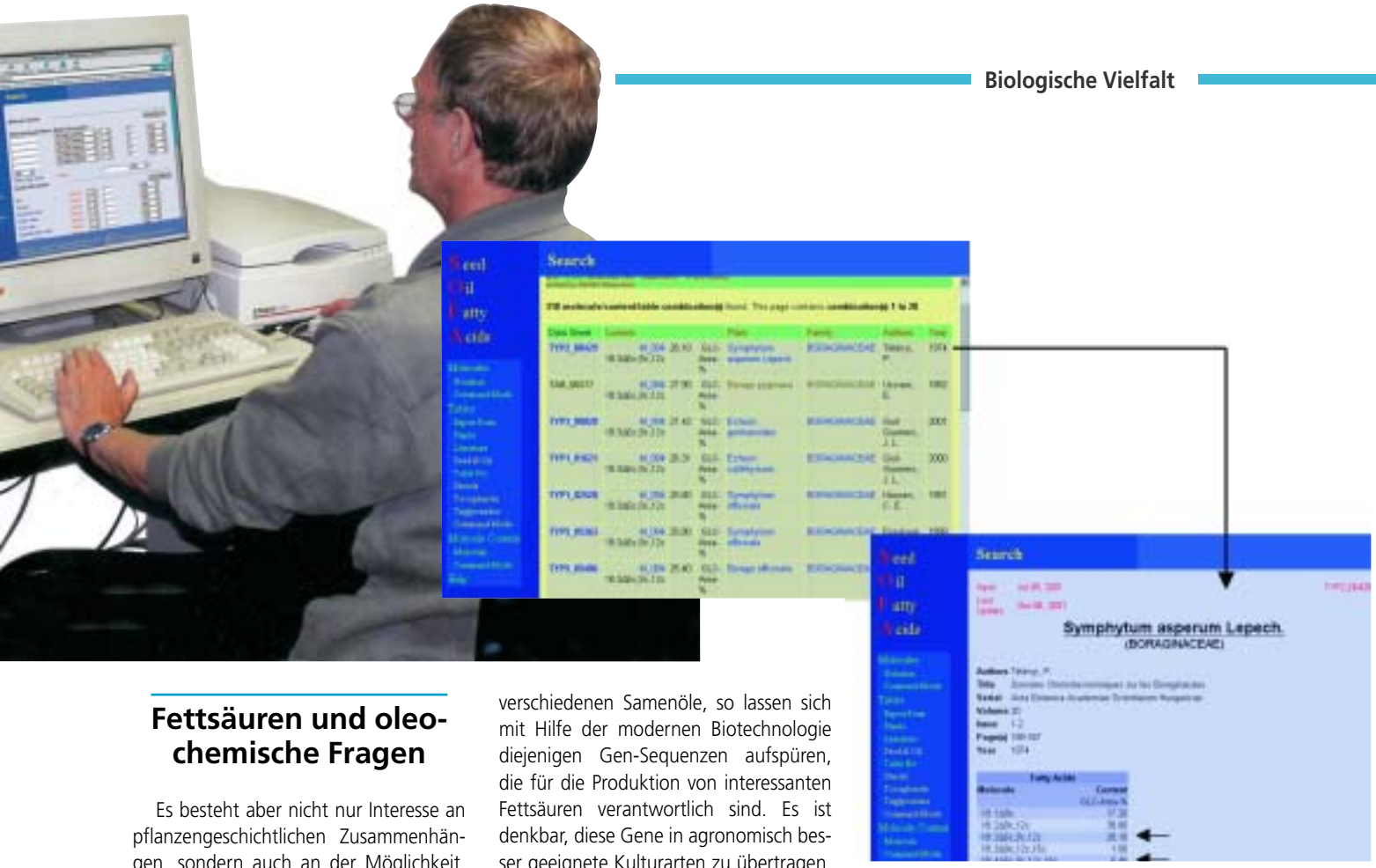


Abb. 1: Ergebnis einer Suche nach Pflanzen, die sowohl Stearidon- als auch g-Linolensäure enthalten.

Fettsäuren und oleochemische Fragen

Es besteht aber nicht nur Interesse an pflanzengeschichtlichen Zusammenhängen, sondern auch an der Möglichkeit, ungewöhnliche Fettsäuren für technische Anwendungen zu nutzen.

Neben den „gewöhnlichen", in fast allen Pflanzensamen vorkommenden Fettsäuren sind inzwischen mehr als 500 Fettsäuren mit den unterschiedlichsten Strukturen bekannt, die bisher nur in einigen Pflanzenlipiden nachgewiesen wurden. Viele dieser ungewöhnlichen Fettsäuren sind toxisch oder zumindest ungenießbar, sodass sie für die menschliche Ernährung nicht in Frage kommen. Auch sind die Pflanzen, die solche Fettsäuren enthalten, für die konventionelle Pflanzenzüchtung bisher nicht von Interesse gewesen, da ihr Anbau nicht wirtschaftlich war. Viele dieser Pflanzen sind bereits vom Aussterben bedroht.

Mit den neuesten Entwicklungen im Bereich Gentransfer und Enzymdesign wird aber das Wissen über die Biodiversität der Pflanzen, deren Enzyme und auch der Fettsäurestrukturen hochinteressant, weil solche Fettsäuren als Vorstufen oder Zwischenprodukte für die Synthese hochwertiger Endprodukte in der oleochemischen Industrie von großer Bedeutung sein können.

Außerdem liegen in den Samen neben den ungewöhnlichen Fettsäuren auch die Enzymsysteme vor, die an der Synthese dieser Fettsäuren beteiligt sind. Kennt man die Fettsäurezusammensetzung der verschiedenen Samenöle, so lassen sich mit Hilfe der modernen Biotechnologie diejenigen Gen-Sequenzen aufspüren, die für die Produktion von interessanten Fettsäuren verantwortlich sind. Es ist denkbar, diese Gene in agronomisch besser geeignete Kulturarten zu übertragen, um damit den gewünschten Inhaltsstoff in großem Maßstab zu produzieren.

Für solche Forschungsarbeiten ist es zunächst einmal wichtig zu wissen, welche Fettsäurestrukturen es in der Natur der Pflanzen überhaupt gibt und vor allem in welchen Pflanzen diese in welchen Mengen vorkommen.

Die Datenbank „Seed Oil Fatty Acids (SOFA)"

Einen wichtigen Beitrag, um solche Informationen einem großen Nutzerkreis zugänglich zu machen, liefert seit einiger Zeit die neue Datenbank „Seed Oil Fatty Acids" (SOFA) des Instituts für Lipidforschung (ehemals Institut für Chemie und Physik der Fette) der Bundesanstalt für Getreide-, Kartoffel- und Fettforschung (BAGKF) in Münster. Hier wird seit über 30 Jahren die einschlägige pharmazeutische, botanische und chemische Fachliteratur nach Informationen über die Fettsäurezusammensetzung von Pflanzensamen durchsucht und die entsprechenden Informationen gesammelt. Die im Institut seit langem geführte Lose-Blatt-Sammlung enthält neben den Fettsäurezusammensetzungen der Samen auch die Strukturen und Trivialnamen der Fettsäuren, sowie zum Teil auch Angaben über Ölgehalte, chemische Kennzahlen, Tocopherole und Sterole. Neben den Literaturdaten werden im Institut aber auch eigene Daten über die Zusammensetzung der Fettsäuren und anderer Fettbegleitstoffe von Pflanzensamen erarbeitet.

Obwohl es sich bei dieser Lose-Blatt-Sammlung um eine einzigartige Informationsquelle handelt, stand diese große Datenmenge nur einem kleinen Kreis von Fachwissenschaftlern der Ressortforschung zur Verfügung. Außerdem war die Suche nach Pflanzen mit bestimmten Fettsäurezusammensetzungen oder gar nach Fettsäure-Teilstrukturen in mehr als 17.000 Datensätzen mühsam, wenn nicht unmöglich.

In Zusammenarbeit mit der Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (ZADI) wurde von Mai 1997 bis September 2000 mit Mitteln des BMVEL ein Projekt durchgeführt mit dem Ziel, die papiergebundenen Informationen in eine recherchierbare, elektronische Datenbank zu überführen. Dadurch sollte das im Institut für Lipidforschung gesammelte umfangreiche Wissen einem größeren Kreis von Interessenten zugänglich gemacht werden.

Während des Projekts wurden alle Arbeiten, die die Datenbank betrafen (z.B. Entwicklung von geeigneten Abfrage-Algorithmen) von der ZADI übernommen, während das Institut für Lipidforschung die fachspezifischen Arbeiten hinsichtlich der gesammelten Daten sowie die Eingabe der Informationen in die Datenbank durchführte.

Die Datenbank ist unter der Internetadresse www.bagkf.de/sofa nach Beantragung einer Zugangsberechtigung beim Institut für Lipidforschung kostenfrei verfügbar.

Abb. 2: Ergebnis einer Suche nach Pflanzen, die Nervonsäure mit Gehalten über 20 % enthalten

Beispiele für die Anwendung

Oleochemische Fragen

Mit Hilfe der Datenbank ist es möglich, in einem großen Pool von Daten nach bestimmten Fettsäuren in verschiedenen Pflanzenfamilien zu suchen. Die neue Datenbank gestattet dabei nicht nur die Suche nach einzelnen definierten Fettsäuren, sondern auch die Suche nach Teilstrukturen von Fettsäuren und nach deren Prozentgehalten im Samenöl. Interessiert beispielsweise das Vorkommen der in der Ernährung bedeutsamen Fettsäuren g-Linolensäure (18:3n6c,9c,12c) oder Stearidonsäure (18:4n6c,9c,12c,15c), so kann man nach dem gemeinsamen Strukturelement *6c,9c,12c* suchen und erhält bei der Recherche 1182 Treffer. Sind nur die Pflanzen von Interesse, die sowohl Stearidon- als auch g-Linolensäure enthalten, so ist es auch möglich, die beiden Fettsäuren in Kombination zu suchen. Diese Liste kann nach den Gehalten sortiert dargestellt werden; die Fettsäure mit dem höheren Gehalt wird jeweils zuerst angegeben (Abb. 1).

Ein weiteres interessantes Beispiel für eine Suche in der SOFA-Datenbank ist Nervonsäure (24:1n15c). Sie wird in der Industrie als Kunststoffadditiv und Gleitmittel eingesetzt, ist vor allem aber für die pharmazeutische Industrie interessant. Im menschlichen Körper wird Nervonsäure insbesondere in Geweben des Zentralen Nervensystems gefunden. Bei erblichen Nervenerkrankungen wie Multipler Sklerose und Adrenoleukodystrophie fehlt diese Fettsäure in den Myelin- oder Markscheiden, die die Nervenbahnen umgeben. Dieses Fehlen wird mit bestimmten Ausfallerscheinungen wie Sehverlust sowie Störungen beim Gleichgewichtsempfinden, bei Bewegungsabläufen und beim Erinnerungsvermögen in Zusammenhang gebracht. Daher könnten Pflanzensamen mit einem hohen Gehalt an Nervonsäure bei der Herstellung von pharmazeutischen Produkten eine Rolle spielen. Abbildung 2 zeigt das Ergebnis einer Suche nach Pflanzen mit Nervonsäuregehalten von über 20 Prozent. Es werden neun Pflanzenarten angezeigt, wobei Samen von *Malania oleifera* aus der Familie Olacaceae die höchsten Gehalte an Nervonsäure haben.

Die oleochemische Industrie kann die Datenbank für die Suche nach geeigneten Rohstoffen verwenden. Meist sollen Pflanzen die gesuchte Fettsäure in möglichst hohem Gehalt aufweisen, denn so

Abb. 3: Ergebnis einer Suche nach Pflanzen, die Palmitinsäure mit Gehalten über 70 % enthalten

lassen sich kostenintensive Syntheseschritte einsparen. Sucht man beispielsweise nach Pflanzen, die Palmitinsäure – eine bei der Herstellung von Seifen, Schmierölen und Imprägnierungen verwendete Fettsäure – in Gehalten von mehr als 70 % aufweisen, liefert die Datenbank 24 Treffer (Abb. 3). Der höchste gefundene Gehalt liegt hier bei 87 Prozent in den Samen von *Tapes japonica*.

Die Effizienz der Datenbank wird dadurch gesteigert, dass Abfragen nicht nur über die vorgefertigten Formulare möglich sind, sondern auch mit Hilfe der FQM-Abfragesprache. Mit dieser Expertensprache lässt sich eine Abfrage weitgehend frei gestalten und somit das Potenzial der Datenbank voll ausreizen.

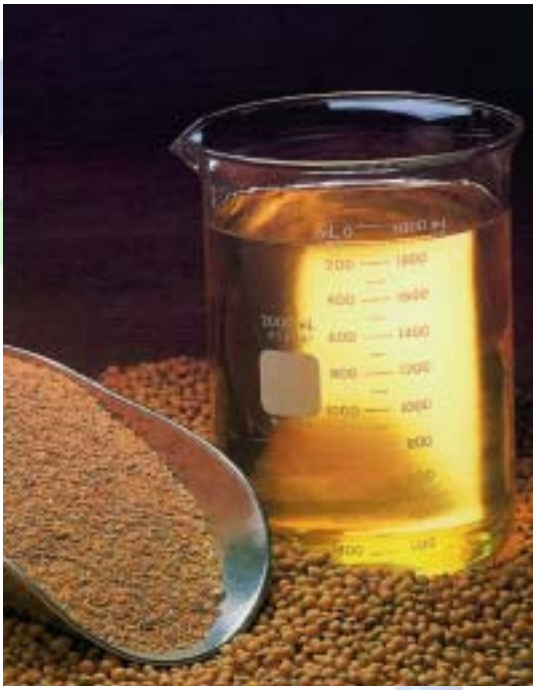
Phylogenetische Fragen

Neben der Suche nach geeigneten Rohstoffen sind es vor allem chemotaxonomische und phylogenetische Fragen, bei denen sich die Datenbank einsetzen lässt.

Eine in diesem Zusammenhang interessante Gruppe sind die n-5-NMIP-Fettsäuren (non-methylene-interrupted polyenes), die eine isolierte Doppelbindung in 5-Stellung besitzen. Sie kommen in erster Linie in Algen oder anderen niederen Meereslebewesen vor. Im Pflanzenreich sind sie in nahezu allen Gymnospermen (nacktsamige Pflanzen) in mehr oder weniger großen Mengen zu finden. Dies deutet darauf hin, dass die Fähigkeit zur Bildung von n5-NMIP-Fettsäuren in früheren Jahren im Pflanzenreich weit verbreitet gewesen sein muss. Später, bei den höher entwickelten Angiospermen (bedecktsamige Pflanzen), die in der Kreidezeit aus den Gymnospermen entstanden sind, muss dieser Syntheseweg weitestgehend verloren gegangen sein, da diese Fettsäuren in den Angiospermen nur bei einigen wenigen Familien vorkommen. Die interessanteste dieser Familien mit n5-NMIP-Fettsäuren sind die Ranunculaceae (Hahnenfußgewächse), eine von den meisten Botanikern als eher ursprünglich eingeordnete Gruppe. In einigen Mitgliedern dieser Pflanzenfamilie werden noch n5cis-C20-NMIP-Fettsäuren gefunden, die ansonsten nahezu ausschließlich auf die Gymnospermen beschränkt sind. Betrachtet man die höher entwickelten Pflanzenfamilien, so sind hier bis auf wenige Ausnahmen nur vereinzelt n5-Fettsäuren, aber keine n5-NMIP-Fettsäuren mehr zu finden.

Auch in allen Samen der bekannten Speiseöle haben sich einige wenige Fettsäuren durchgesetzt. Im Laufe der Evolution hat sich das Vorhandensein der n5-NMIP-Fettsäuren offenbar als nicht mehr günstig oder notwendig erwiesen, sodass die für die Bildung notwendigen Enzymsysteme aus den Pflanzen verschwunden sind. Ebenso ging während der Evolution die Möglichkeit verloren, Ketten mit 18 C-Atomen auf 20 C-Atome zu verlängern.

So lassen sich Pflanzen aufgrund des Vorhandenseins charakteristischer Fettsäuren bestimmten Familien zuordnen, wodurch entwicklungsgeschichtliche Zusammenhänge der Pflanzen deutlicher werden.



Breite Anwendungsmöglichkeiten

Insgesamt bietet die Datenbank SOFA hervorragende Möglichkeiten sowohl bei der Suche nach Pflanzen mit bestimmten Fettsäuren für die oleochemische Industrie als auch bei der Aufklärung von entwicklungsgeschichtlichen Zusammenhängen zwischen verschiedenen Pflanzenfamilien und Pflanzen. Hier kann sie einen Beitrag liefern zum Verständnis der Enzymsysteme für die Fettsäure-Biosynthese im Pflanzensamen und deren Mutationen während der Evolution. ■

Dr. Bertrand Matthäus und Dr. Kurt Aitzetmüller, Bundesanstalt für Getreide-, Kartoffel- und Fettforschung, Institut für Lipidforschung, Piusallee 68/76, 48147 Münster, E-mail: matthaus@uni-muenster.de

Dr. Holger Friedrich, Zentralstelle für Agrardokumentation und -information, Informationszentrum Verbraucherschutz und Ernährung, Villichgasse 17, 53177 Bonn, E-mail: friedrich@zadi.de

Tierproduktion und anthropogener Treibhauseffekt

Ulrike Schönhusen, Dorit Fiedler und Jürgen Voigt (Dummerstorf)

Wiederkäuer sind zu einem nicht unerheblichen Teil an der Emission des Gases Methan beteiligt: Die im Pansen von Rind & Co. lebenden Mikroorganismen schließen die pflanzliche Nahrung auf und produzieren dabei das klimarelevante Spurengas. Die Methan-Konzentration in der Atmosphäre ist in den letzten Jahrzehnten stark angestiegen. Diese Entwicklung hat – verbunden mit der Tatsache, dass die Ausscheidung von Methan für das Tier einen erheblichen Energieverlust darstellt – die Methanbildung im Pansen der Wiederkäuer verstärkt in die wissenschaftliche Diskussion gebracht. Nach heutigem Kenntnisstand ist es möglich, die Methanausscheidung über die Zusammensetzung des Futters zu beeinflussen. Dabei stehen auch natürlich vorkommende sekundäre Pflanzeninhaltsstoffe (z.B. Tannine), die von Wiederkäuern mit dem Futter aufgenommen werden, im Blickpunkt. Am Forschungsinstitut für die Biologie landwirtschaftlicher Nutztiere (FBN) wird nach Wegen gesucht, die Methanemission bei Wiederkäuern auf natürliche Weise zu hemmen, ohne dass es bei den Tieren zu Leistungseinbußen kommt.

In den letzten Jahrzehnten hat sich die Erdoberfläche zunehmend erwärmt, gleichzeitig stieg die Konzentration von Spurengasen (FCKW, Halone, Methan, Kohlenmonoxid, Lachgas) in der Atmosphäre. Insbesondere für Methan ist ein starker Anstieg zu verzeichnen. Die Spurengase lassen die Sonnenenergie unvermindert auf die Erde einstrahlen, reduzieren aber die Wärmeabgabe der Erde in den Weltraum (Treibhauseffekt). Dabei besitzt Methan eine wesentlich größere Wirkung als zum Beispiel Kohlendioxid: Eine Tonne Methan hat im Verlauf von 20 Jahren denselben Erwärmungseffekt wie 56 Tonnen Kohlendioxid.

Die Methankonzentration in der Atmosphäre wird seit 1983 global gemessen. Seit dieser Zeit ist sie von 1,61 auf 1,76 ppm im Jahre 2000 angestiegen (Abb. 1). Aktuellen Schätzungen zufolge liegt die globale Emission an Methan bei 535 Megatonnen/Jahr, wobei 103 Megatonnen (19 %) aus der Tierhaltung stammen (Abb. 2). 74 % der durch landwirtschaftliche Nutztiere verursachten globalen Methanemission entfallen auf Rinder.

Stoffwechselwege

Wiederkäuer sind aufgrund der Symbiose mit der Mikrobenpopulation in den Vormägen in der Lage, cellulosereiche Futterstoffe wie Gräser und Stroh in großem Umfang zu verdauen. Dabei entstehen aus der Cellulose die flüchtigen Fettsäuren Essig-, Propion- und Buttersäure, die von der tierischen Zelle aufgenommen und für energetische Zwecke und Synthesevorgänge genutzt werden. Ein Teil des bei diesen mikrobiellen Prozessen im Pansen freigesetzten Wasserstoffs wird dabei auf methanogene Bakterien übertragen, die unter Energiegewinn für ihre Zellsynthese aus einem Mol Kohlendioxid und 4 Mol Wasserstoff ein Mol Methan synthetisieren. Mit dieser Reaktion wird die Reduktions-Oxidations-Bilanz im Pansen ausgeglichen. 9–13 % der verdaulichen Energie gehen auf diese Weise verloren, da Methan vom Wiederkäuer im Stoffwechsel nicht verwertet werden kann.

Die Methanbildung in den Vormägen sinkt, wenn der beim Abbau der Kohlenhydrate entstehende Wasserstoff für andere biochemische Reaktionen verwendet wird. Bei der so genannten reduktiven Acetogenese zum Beispiel entsteht aus Kohlendioxid und Wasserstoff nicht Methan, sondern Essigsäure, die vom Tier energetisch genutzt werden kann.

Wenn wir genauer wissen, wie sich die Methanbildung bei Wiederkäuern regulieren lässt, ist das sowohl für den Klimaschutz als auch für die effiziente Produktion von Milch und Fleisch von Bedeutung.

Methanemission auf natürliche Weise reduzieren

Am Forschungsinstitut für die Biologie landwirtschaftlicher Nutztiere suchen wir

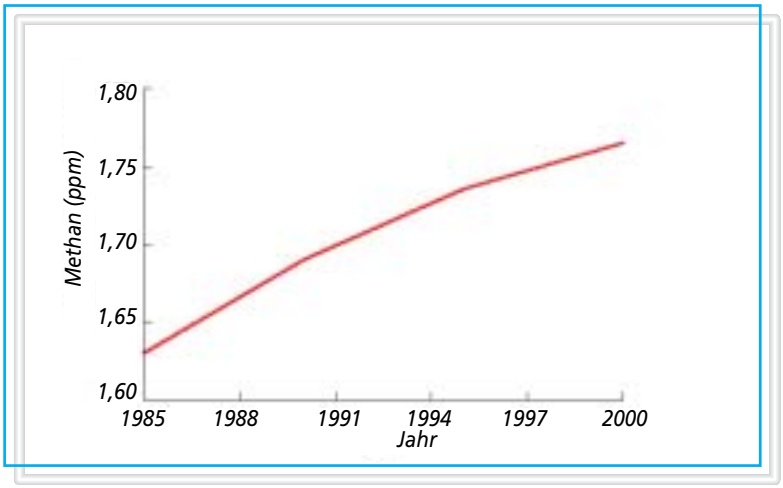


Abb. 1: Anstieg der Methankonzentration in der Atmosphäre (nach IPPC, 2001)

nach Wegen, die Methanemission beim Wiederkäuer auf natürliche Weise zu hemmen. Wesentlich dafür ist die Erkenntnis, dass die Methanbildung im Pansen durch Protozoen (Einzeller) gefördert wird. Sie sind es, die im Zuge ihrer Stoffwechseltätigkeit Wasserstoff freisetzen und an die Wasserstoff-konsumierenden Methanbakterien abgeben. Protozoen spielen eine wichtige Rolle beim Nahrungsabbau im Pansen, sind für die Verdauungsprozesse jedoch nicht unbedingt erforderlich.

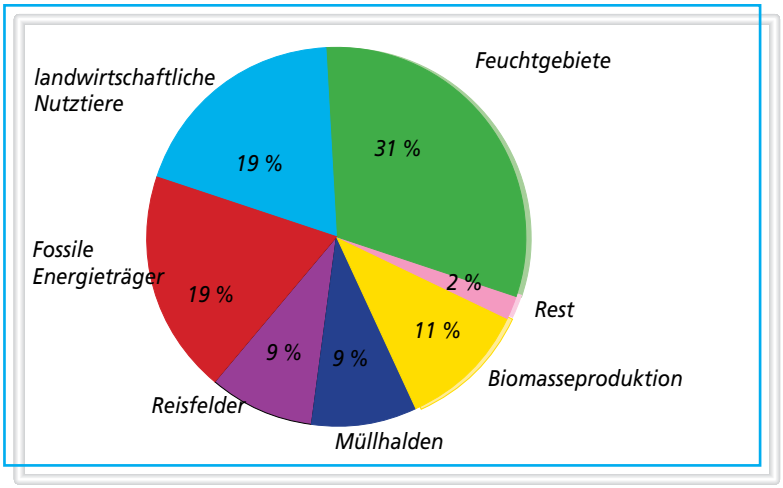


Abb. 2: Anteil der Quellen an der Methanemission auf der Erde (nach Daten von Hougton et al., 1996)

Die Protozoenpopulation im Pansen junger Kälber entwickelt sich im Verlauf der ersten Lebenswochen während der Saug- und Absetzphase. Von ausschlaggebender Bedeutung ist dabei die Ernährung.

Weniger Methan bei dezimierter Protozoenzahl

Uns interessierte die Frage, wie sich die Methanproduktion beim Kalb während der Herausbildung der Pansenfunktion beeinflussen lässt. Dazu untersuchten wir drei Punkte: den Zeitpunkt des Absetzens des Kalbes von der Milch, die Gestaltung der Futterration sowie die Etablierung der Protozoenpopulation im Pansen. Die Versuche wurden mit männlichen Milchrind-Kälbern der Rasse Holstein Friesian durchgeführt.

Eine Gruppe von Kälbern bekam nur bis zur 6. Lebenswoche Milch (Festfuttergruppe), eine andere Gruppe bis zur 9. Woche (Milchgruppe). Von der 2. Lebenswoche an wurde beiden Tiergruppen zusätzlich eine Konzentrat-Heu-Mischung zur freien Aufnahme angeboten, bei der Festfuttergruppe im Verhältnis 80:20, bei der Milchgruppe im Verhältnis 95:5. In der fünften und in der neunten Lebenswoche analysierten wir bei Tieren aus beiden Gruppen den Pansensaft (Tab. 1).

Um die Wirkung der Protozoen im Pansen zu untersuchen, wurde in einem zweiten Versuch eine Tiergruppe protozoenfrei aufgezogen und die andere in der 5. Lebenswoche durch Pansensaftübertragung (100 ml/Tier) fauniert. In in-vitro-Inkubationen mit Pansensaft wurde die Bildung von Methan gemessen. Die Bestimmung der Protozoenpopulation erfolgte mittels Lichtmikroskopie. In einer Respirationskammer wurde die Methanbildung bei den Tieren in der 9. Lebenswoche registriert.

Protozoen konnten sich in den ersten 5 Lebenswochen nicht ansiedeln, da die Milchernährung zu einem niedrigen pH-Wert im Pansen der jungen Kälber führt. Dieses saure Milieu lässt eine Entwicklung

Der Pansen junger Rinder ist in den ersten Lebenswochen noch nicht von Protozoen besiedelt

der Protozoen nicht zu (Tab. 1). Eine verstärkte Heufütterung in den ersten 5 Lebenswochen des Kalbes stimulierte die mit Methanbildung einhergehende Pansenfermentation: Bei eingeschränkter Verabreichung von Heu war die pro Mol flüchtige Fettsäuren (FFS) gebildete Methanmenge in der 5. Woche um 35 % geringer als bei einer Fütterung mit höherem Heuangebot (Tab. 1). Mit fortschreitendem Lebensalter änderten sich jedoch die Verhältnisse: Bei den Tieren aus der Festfuttergruppe war die Methanbildung im Pansen in der 9. Lebenswoche signifikant um 24 % gehemmt. Dieses ist im Zusammenhang mit der reduzierten Protozoenzahl zu sehen.

Der Vergleich von faunierten und protozoenfreien Tieren zeigte, dass Protozoenzahl und Methanbildung positiv miteinander korreliert sind (Abb. 3). Steigende Protozoenzahlen führten insbesondere zu Beginn der Pansenentwicklung zu einer Erhöhung der Methanbildung. So war bei protozoenfreier Aufzucht die Methanbildung im Verdauungstrakt von 9 Wochen alten Kälbern um 30 % signifikant verringert; pro MJ umsetzbarer Energie bildeten diese Tiere 0,8 Liter weniger Methan als die faunierten Vergleichstiere (Tab. 2). Dabei blieb bei geringfügigem Rückgang der Verdaulichkeit der Gehalt an umsetzbarer Energie pro kg Futtertrockensubstanz, also die vom Tier für Erhaltung und Wachstum unmittelbar nutzbare Energie, praktisch unverändert. Überträgt man diese Ergebnisse auf die Jungbullenmast, so würden bei einer täglichen Lebendmassezunahme von 1200 g bei einem Tier mit einer Lebendmasse von 375 kg rund 31 Liter Methan pro Tag weniger gebildet.

Tannine hemmen die Methanbildung

Kondensierte Tannine kommen in vielen Leguminosen vor und sind somit häufig Bestandteil des Futters von Wiederkäuern. Es gibt Anhaltspunkte für einen methanhemmenden Effekt von Tanninen

Tab. 1 Einfluss des Zeitpunktes des Absetzens und des Ernährungsregimes auf die Methanbildung im Pansen des Kalbes (Mittelwerte, n = 4)[1]

Untersuchungszeitpunkt	5. Lebenswoche		9. Lebenswoche	
Gruppe	**Festfutter**	**Milch**	**Festfutter**	**Milch**
pH	5,8	5,5	6,6	6,2
Protozoen (Zellen/ml PS)[2]	0	0	3,5 x 104[a]	3,4 x105[b]
Methan (µmol/10 ml PS)	204	180	274[a]	293[b]
Acetat (Mol%)	61	58	60	63
Methan : Gesamt FFS	0,17[a]	0,11[b]	0,16[a]	0,21[b]
2H-Bilanz (%)[3]	76	74	82[a]	91[b]

[1] [ab] Signifikante Unterschiede innerhalb einer Altersgruppe zwischen den Diäten ($p < 0,05$)
[2] PS = Pansensaft
[3] 2H (Wasserstoff)-Bilanz (%) = $2H_{verbraucht} \times 100/2H_{gebildet}$

Tab. 2 Methanbildung und Verdaulichkeit der Nährstoffe faunierter und protozoenfreier Kälber in der 9. Lebenswoche (Mittelwerte, n = 4)[1]. Die Messungen erfolgten in der Respirationskammer.

Gruppe	Fauniert	Protozoenfrei
Methan		
l/d	42,8[a]	30,0[b]
l/kg TS-Aufnahme[2]	25,7[a]	18,0[b]
l/kg verdauliche organische Substanz	44,2[a]	32,0[b]
% der verdaulichen Energie	9,9[a]	7,3[b]
l/MJ umsetzbare Energie	2,9[a]	2,1[b]
% der umsetzbaren Energie	11,4[a]	8,2[b]
Verdaulichkeit (%)		
Organische Substanz	63,3[a]	61,4[b]
Kohlenhydrate	65,5[a]	63,0[b]
Umsetzbare Energie (MJ/kg TS)	8,87	8,74

[1] [ab] Signifikante Unterschiede zwischen den Gruppen ($p < 0,05$)
[2] TS = Trockensubstanz

im Pansen von Wiederkäuern. Deshalb inkubierten wir Pansensaft von Rindern (Holstein Friesian) im Labor mit der tanninhaltigen Futterleguminose Hornklee (*Lotus* spp.) und mit einem Tannin-Extrakt aus dem Quebracho Baum (*Schinopsis balansae*) (Abb. 4). Ebenfalls untersuchten wir, wie sich eine 5 %ige Zulage von Quebracho-Tanninen in der Ration der Pansensaft-Spendertiere auf den mikrobiellen Stoffwechsel auswirkt. Dabei konnte erstmals nachgewiesen werden, dass kondensierte Tannine die Methanbildung spezifisch und dosisabhängig hemmen (Abb. 5). Dieser Effekt war auch nach längerer Fütterungsdauer noch nachweisbar.

Abb. 4: Tanninhaltige Pflanzen: Quebracho-Baum und Hornklee

Abb. 3: Ausschließlich durch Protozoen verursachte Methanbildung im Pansen von Kälbern (5.–10. Lebenswoche)

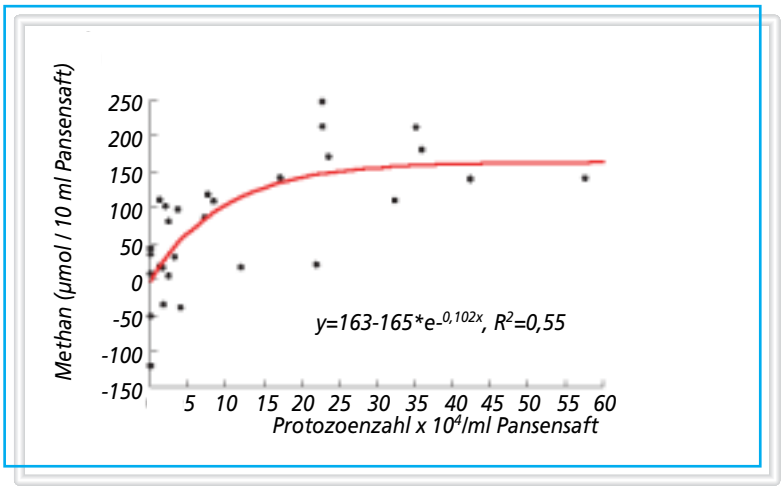
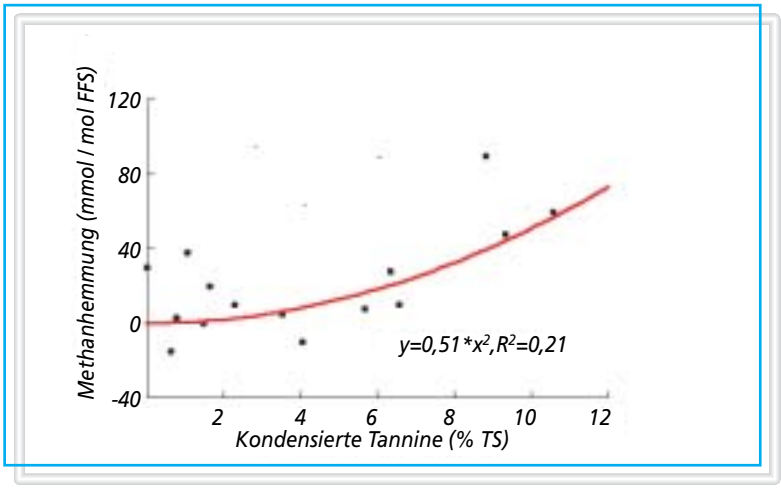


Abb. 5: Kondensierte Tannine im Futter hemmen spezifisch die Methanbildung der Pansenfermentation (Methanhemmung pro Einheit gebildeter flüchtige Fettsäuren (FFS), welche dem Tier als Energiequelle dienen).



Die Fütterung des Quebracho-Tanninextraktes führte gleichzeitig zu einer signifikanten Dezimierung der Protozoen im Pansen. Auch aufgrund der symbiotischen Beziehungen zwischen Protozoen und Methanbakterien kann auf eine Hemmung der Methan-Bildung durch Tannine geschlossen werden.

Weitere Herausforderungen

Bei den Untersuchungen zeigte sich, dass durch die Hemmung der Protozoenzahl bzw. deren Eliminierung im Pansen die Methanbildung signifikant abnimmt, gleichzeitig aber die Wasserstoffbilanz vermindert ist. Unklar ist, wie der aus der verringerten Methanbildung resultierende überschüssige Wasserstoff verwertet wird. Es bleibt zu klären, inwieweit eine Stimulierung der reduktiven Essigsäurebildung unter diesen Bedingungen möglich ist. Auch die komplexe Wirkung der Tannine auf das Fermentationsgeschehen ist weiter zu erforschen. ■

Dr. Ulrike Schönhusen, Dr. Dorit Fiedler, Dr. habil. Jürgen Voigt, Forschungsinstitut für die Biologie landwirtschaftlicher Nutztiere, FB Ernährungsphysiologie „Oskar Kellner", Wilhelm-Stahl-Allee 2, 18196 Dummerstorf, E-mail: schoenhu@fbn-dummerstorf.de

Wege zum Schutz untermaßiger Dorsche in der Ostsee

Erdmann Dahm, Otto Gabriel (†) und Harald Wienbeck (Hamburg)

Dorsche und Plattfische im gehievten Schleppnetz-Steert eines Fischkutters

Die Dorsch-Bestände in der Ostsee gehen seit Jahren zurück. Um diese für die Ostseefischer wichtige Ressource langfristig weiter nutzen zu können, hat die EU-Kommission, gestützt auf die Internationale Kommission für die Ostseefischerei (IBSFC), das Gebot erlassen, nur bestimmte Netzkonstruktionen zu verwenden, die untermaßigen Dorschen ein Entkommen und Überleben ermöglichen sollen. Die Eignung und Praktikabilität dieser Fanggeräte wird aber von Experten angezweifelt.

Gegenwärtige Situation

Mit der internationalen Fischerei auf den Ostseedorsch geht es seit etwa 1984 bergab. Hauptursache ist die sich verschlechternde hydrografische Situation in der Ostsee: In den letzten Jahren ist der Zustrom sauerstoffreichen Salzwassers aus der Nordsee immer seltener geworden. Das hat das vor allem im östlichen Teil der Ostsee zu einem dramatischen Rückgang der Fänge geführt. Als Folge davon nimmt die Fischerei auf den Bestand der westlichen Ostsee (Abb. 1) erheblich zu . 50–70 % der Fänge in diesem Teil der Ostsee sind im ersten Halbjahr zweijährige Dorsche. Im zweiten Halbjahr können bereits die nur einjährigen, in der Mehrzahl untermaßigen Dorsche 35–50 % Fanganteil erreichen. Ein verantwortungsbewusstes Fischereimanagement muss alles versuchen, diese unnötigen Bestandsverluste zu verringern.

Verantwortlich für Managemententscheidungen auf dem Gebiet der Ostseefischerei ist die Internationale Kommission für die Ostseefischerei (IBSFC). Ihre Beschlüsse werden formal für das Gebiet der Europäischen Union durch die EU-Kommission in geltendes Recht umgesetzt. Die Bundesforschungsanstalt für Fischerei (BFAFi) mit ihrem Institut für Fischereitechnik und Fischqualität sowie dem Institut für Ostseefischerei liefert mit eigenen Untersuchungsprogrammen dafür praxisnahe Entscheidungshilfen.

Abb. 1: Fischkutter in der Ostsee. Der Dorschfang ist oft ein rauhes Geschäft.

Technische Maßnahmen der IBSFC

Zum Schutz untermaßiger Dorsche werden neben der zeitlichen und örtlichen Sperrung bestimmter Gebiete vor allem „Technische Maßnahmen" genutzt, das heißt das Gebot, nur solche Fanggeräte einzusetzen, die fangunwürdige Bestandsanteile im Wesentlichen unbehelligt lassen. Besondere Bedeutung kommt dabei dem letzten Teil des Schleppnetzes zu, dem so genannten Steert. Die gefangenen Fische sammeln sich dort und können, wenn sie hinreichend klein bzw. die Steertmaschen genügend groß sind, durch die Maschen entkommen.

Bei ersten Alarmzeichen der Bestandsentwicklung der Ostseedorsche hat die

IBSFC 1994 den Beschluss gefasst, die Mindestmaschenöffnung im Steert von 105 auf 120 mm zu erhöhen. Dies stieß aber wegen der erforderlichen Umrüstkosten auf erheblichen Widerstand der Praxis.

Eine Vergrößerung der Steertmaschen hat bis Anfang der 90er Jahre als wesentliches Mittel gegolten, mehr jugendlichen Fischen das Entkommen zu ermöglichen. Intensive Untersuchungen im letzten Jahrzehnt haben aber erhebliche Zweifel an der dauerhaften Wirkung einer Steertmaschenvergrößerung aufkommen lassen. So konnte in der Nordsee gezeigt werden, dass die positive Wirkung größerer Mindestmaschenöffnungen (100 statt 80 mm) durch legale, aber manipulative Gegenmaßnahmen – in diesem Fall durch die Verwendung dickeren Steertgarns – nahezu aufgehoben wird. Seit längerem sind eine Reihe von Faktoren bekannt, die die Ausleseeigenschaften eines Steerts negativ beeinflussen. Unter ihnen sind auch einige, die dazu missbraucht werden können, manipulativ die Selektion zu verschlechtern.

Als Alternativen zu einer Vergrößerung der Steertmaschen waren zur gleichen Zeit die so genannten „Fluchtfenster" bekannt geworden (Abb. 2). Der IBSFC entschloss sich kurzfristig, zwei Modifikationen, die als „schwedische" und „dänische" Lösung bezeichnet werden, ebenfalls in sein Regelwerk aufzunehmen.

Die Untersuchung beider Varianten durch ein Expertengremium des Internationalen Rats für Meeresforschung ergab jedoch, dass dieser Beschluss voreilig war. Es wurde nachgewiesen, dass Steerte nach dänischem Muster in der Form, wie sie in den Regeln festgelegt wurde, unwirksam waren. Schwedische Untersuchungen wiesen zudem daraufhin, dass bei der schwedischen Variante, bei der das Steertgarn besonders imprägniert wurde, die gewünschten Eigenschaften zwar erreicht, aber auch nicht über längere Zeit aufrechtzuerhalten waren. Nach dem Auswaschen der Imprägnierung ging die Ausleseeigenschaft dieser Steerte deutlich zurück.

Das Baltic Cod Management-Projekt (BACOMA)

Im Lichte der oben genannten Schwierigkeiten haben skandinavische Institute 1997–2000 ein größeres Forschungsprogramm zur Ostseedorsch-Selektion durchgeführt, das zu einem erheblichen Teil von der EU-Kommission gefördert wurde. Der Abschlussbericht des Projekts wurde 2001 vorgelegt und ist in den aktuellen Entscheidungen von IBSFC und EU von zentraler Bedeutung gewesen, obschon er nicht auf uneingeschränkte Zustimmung der nicht beteiligten Ostsee-Anrainerstaaten traf.

Die Kritik richtet sich vor allem dagegen, dass nur eine bestimmte Netzkonstruktion, der so genannte BACOMA-Steert (Abb. 3), ausführlich untersucht wurde. Mögliche Probleme bei dieser Konstruktion wie der Einfluss des Materials, die Verschärfung des Beifangproblems mit Plattfischen in der südlichen Ostsee sowie die unzureichende Eignung für kleine Schleppnetze blieben ungelöst.

Durch internationale Kontakte ist versucht worden, das Projekt durch nationale Untersuchungen zu ergänzen. Schwerpunktmäßig haben sich diese mit der Verbesserung der Selektionseigenschaften durch alternative Steertkonstruktionen befasst.

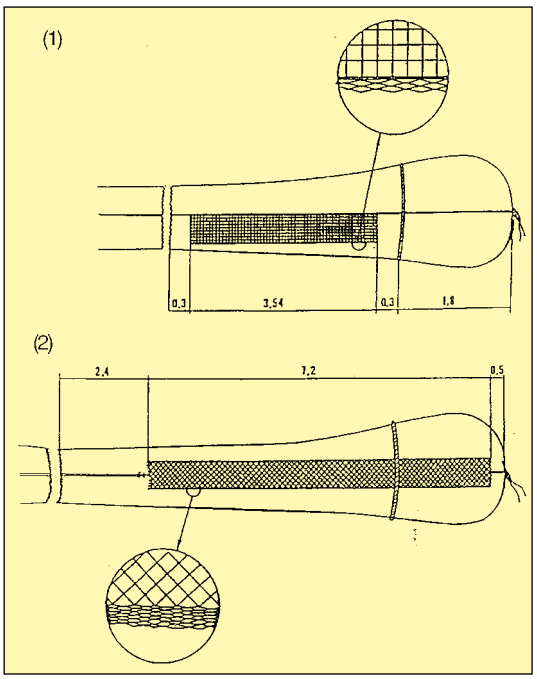


Abb. 2: Ehemals in der Ostsee gültige Steertalternativen zum legalen 120 mm Normalmaschen-Steert: (1) „dänische" Variante, gültig bis 1998, (2) „schwedische" Variante, gültig bis Ende 2001

Alternative deutsche und polnische Untersuchungen

In schwedischen Forschungsberichten findet sich bereits ein erster Hinweis auf eine Steertkonstruktion, deren Auslesewirkung als überraschend gut beurteilt wird. Dieser Steert ist im Prinzip aus sechs gleichgroßen Bahnen zusammengelascht und wird daher als Multipanel-Steert bezeichnet. Drei der Netzblätter bestehen aus herkömmlichem Rautenmaschentuch, drei aus Quadratmaschentuch (Abb. 4). Eine zweite interessante Alternative wurde von polnischen Wissenschaftlern entwickelt. Sie fußt auf der Be-

obachtung, dass die Maschen in einem Netztuch unter Belastung eine ganz unterschiedliche Form annehmen, je nachdem, in welcher Richtung sie beansprucht werden (Abb. 5). Steerte aus um 90° aus der Normalrichtung verdrehtem Netztuch zeigten im Einsatz über die gesamte Steertlänge weit offenere Maschen als ein herkömmlicher Steert mit rhombischen Maschen.

Beide Steert-Alternativen bildeten in gemeinsam von der BFAFi und dem polnischen Institut für Seefischerei durchgeführten Versuchen die Basis für die Entwicklung eines Steerts, der seine positiven Eigenschaften über einen längeren Zeitraum und unter unterschiedlichen Fangbedingungen bewahrt und wenig Ansatz für Manipulation bietet (Abb. 6). Unterwasserbeobachtungen zeigten, dass dem aufwärts gerichteten Fluchtverhalten der Dorsche beide Steertformen sehr entgegenkommen.

In vierjährigen Untersuchungen der beiden Partner konnte bewiesen werden, dass sowohl der Multipanel-Steert als auch der Steert mit den um 90° gedrehten Maschen jedem Normalmaschen-Steert gleicher Maschengröße in der Wirkung überlegen ist. Gegenüber dem BACOMA-Steert sind sie in der Selektionswirkung gleichwertig, ohne dessen negativen Eigenschaften im Material- und Konstruktionsbereich zu besitzen.

Aktuelle Beschlusslage

Ungeachtet der Kritik am BACOMA-Steert und der vorgelegten Steertalternativen hat die IBSFC zum 1. Januar 2002 aus rational nicht nachvollziehbaren Gründen für die Fischerei auf den Ostseedorsch folgende Steertmodifikationen zugelassen:

1. der sogenannte BACOMA-Steert mit 120 mm Maschenöffnung im Quadratmaschennetzteil des Oberblattes;
2. der herkömmliche Rautenmaschensteert aus allen Netzmaterialen (außer Polyamid) mit 130 mm Maschenöffnung und der Beschränkung des Steertgarndurchmessers auf 6 mm bei Einzelgarn und 4 mm bei Doppelgarn;
3. der herkömmliche Rautenmaschensteert aus Polyamidnetztuch mit 125 mm Maschenöffnung (3,5 mm Einzelgarndurchmesser) nur in den nationalen Fischereizonen der Nicht-EU-Staaten.

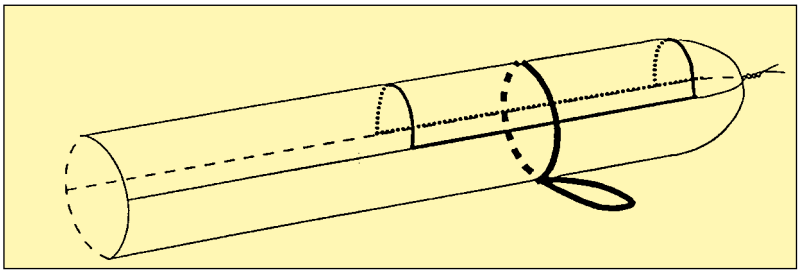


Abb. 3: Anordnung des „BACOMA"- Fluchtfensters mit 120 mm Maschenöffnung im Oberblatt eines Normalmaschen-Steerts

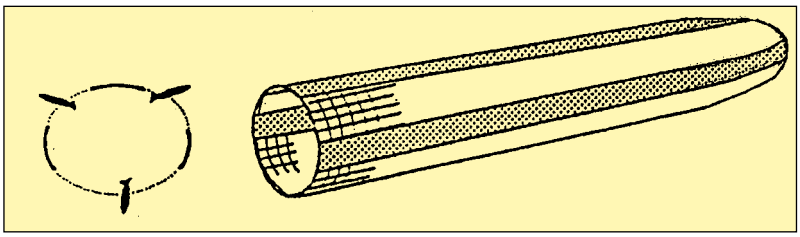


Abb. 4: Schema eines aus Normalmaschen- und Quadratmaschenblättern zusammengesetzten „Multipanel"- Steerts

Diskussion

Die verstärkten Forschungsarbeiten im letzten Jahrzehnt haben erheblich zum Verständnis des Phänomens Selektivität beigetragen. Mit modernen Unterwasser-Verfahren konnte gezeigt werden, dass Dorsche nach dem Entkommen durch eine Netzmasche generell eine hohe Überlebenschance haben. Dies rechtfertigt Aktivitäten, künftig noch mehr für den Schutz der Jungdorsche zu tun. Der gegenwärtig in der fischereilichen Praxis zu beobachtende Trend, stärkere und steifere Netzgarne zu verwenden, ist in dieser Hinsicht kontraproduktiv und sollte umgehend durch eine Präzisierung der Gesetzgebung verhindert werden.

Abb. 6: Fischmessungen an Deck während der Selektionsuntersuchungen

Es ist nicht nachzuvollziehen, warum IBSFC und EU-Kommission nur eine einzige alternative technische Lösung, das so genannte BACOMA-Fenster, favorisieren, die auf Grund einiger ungünstiger Eigenschaften Kritik auf sich zieht. Noch erstaunlicher ist die Tatsache, dass gleichzeitig mit der Entscheidung für das BACOMA-Fenster nach wie vor auch Normalmaschen-Steerte mit 130 mm Maschenöffnung zugelassen bleiben. Eine kürzlich durchgeführte Beurteilung durch ein Expertengremium hat ergeben, dass in ihnen deutlich mehr kleine Dorsche zurückgehalten werden als zum Beispiel im BACOMA-Steert. Es ist leicht vorherzusagen, wo die Wahl der von der Regelung betroffenen Fischer hinfallen wird. Es ist aber auch leicht vorherzusagen, dass diese Tatsachen in Kürze eine Neuregelung erfordern werden, die auf die Gleichwertigkeit beider Lösungen hinzielt.

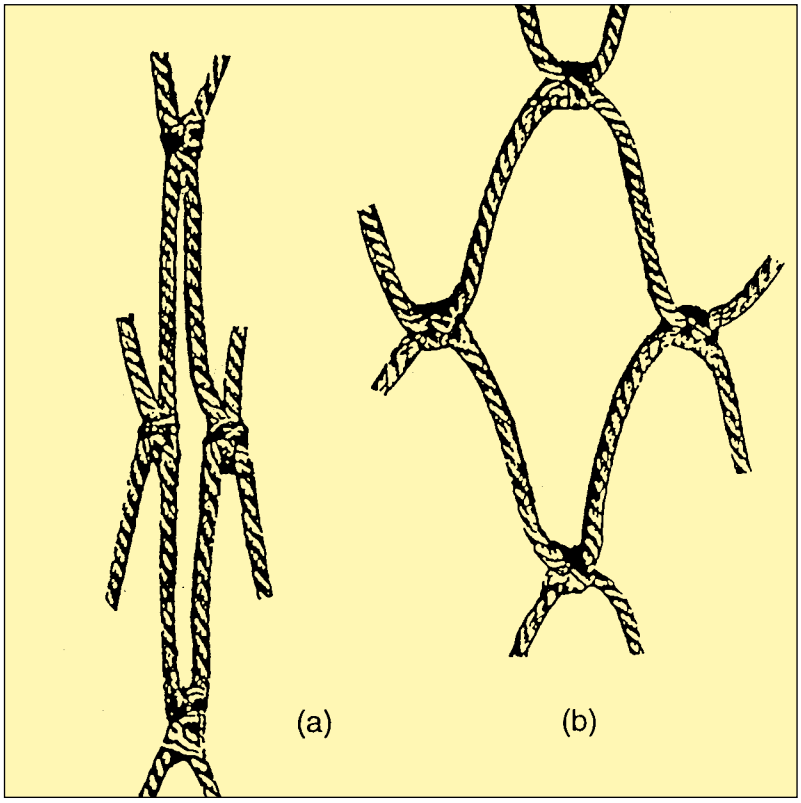
Unabhängig von einer Entscheidung der IBSFC und EU-Kommission für BACOMA-Steert oder eine andere alternative Lösung führt die Verwendung selektiver Steerte in den ersten beiden Jahren zu erheblichen Einkommensverlusten für die Fischer. Die Zahl der hiermit „fangbaren" Dorsche in der Ostsee ist nun einmal zurzeit sehr niedrig. Es ist zwar auf Grund der dann einsetzenden Bestandserholung wahrscheinlich, dass vom dritten Jahr an keine Verluste, sondern stetig zunehmende Gewinne zu erwarten sind, sofern die heutigen Bedingungen konstant bleiben. Dies kann aber niemand garantieren. Solche Modelle enthalten zu viele auf menschlichem Verhalten und auf Umwelteinflüssen basierende Faktoren. Daher sind die Vorhersagen von Langzeitauswirkungen immer mehr Vermutung als Berechnung.

Die „Solea", eines der drei Fischereiforschungsschiffe der BFAFi.

Die Fischer erfassen intuitiv die Schwächen solcher Modelle und denken heute bereits über Strategien nach, ihre Verluste zu beschränken. Vermutlich ist es grundsätzlich klüger, Maßnahmen zur Bestandsrestaurierung über einen längeren Zeitraum in kleinen Schritten zu planen.

Um die sozioökonomischen Konsequenzen für kleine Fischereibetriebe in Grenzen zu halten, sollten gezielte Fischereien auf andere Fischarten, wie die Flunder, auch weiterhin mit den bisherigen Netzmaschen möglich sein, bis auch hierfür ausreichende wissenschaftliche Ergebnisse über die Selektionswirkung von neuen Netzkonstruktionen erarbeitet worden sind. Da diese küstennahen Fischereien bei den Gesamtanlandungen der Ostsee statistisch kaum eine Rolle spielen, genügt eine festgelegte Beifangregelung, um die Bestandsschädigung für den Dorsch möglichst gering zu halten. ■

Abb. 5: Unter Belastung auftretende Form einer Rautenmasche bei Beanspruchung in Herstellungsrichtung (a) und nach Drehung um 90° (b).



Dr. Erdmann Dahm, Dr. Otto Gabriel (†) , Harald Wienbeck, Bundesforschungsanstalt für Fischerei, Institut für Fischereitechnik undf Fischqualität, Palmaille 9, 22767 Hamburg, E-mail: dahm.ifh@bfa-fisch.de

ZENTRALSTELLE FÜR AGRARDOKUMENTATION UND –INFORMATION (ZADI)

Informationszentrum Biologische Vielfalt (IBV), Bonn

Im Jahr 2000 hat das BMVEL die „Konzeption zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung genetischer Ressourcen für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten" veröffentlicht. Diese Konzeption bildet die Grundlage für nationale Fachprogramme zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung der landwirtschaftlichen Biodiversität, deren Umsetzung nur unter Beteiligung einer Vielzahl von Partnern aus der Praxis, Wissenschaft, Wirtschaft, Verwaltung und Öffentlichkeit möglich ist. Dafür sind umfangreiche Mechanismen zur Information, Beratung und Koordination erforderlich. Zu diesem Zweck wurde am 8. März 2002 das Informationszentrum Biologische Vielfalt (IBV) in der ZADI, der wissenschaftlichen Informationseinrichtung des BMVEL, gegründet.

Die Bundesregierung verfolgt das Ziel, die landwirtschaftliche Produktion stärker als bislang an den wirtschaftlichen, sozialen und ökologischen Prinzipien der Nachhaltigkeit auszurichten. Die Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft sollen damit auch einen größeren Beitrag zur Erhaltung der Kulturlandschaft und der biologischen Vielfalt mit ihren natürlichen Ressourcen leisten. Während im Bereich der abiotischen Faktoren die Umweltbilanz in den letzten Jahren erheblich verbessert werden konnte, nimmt die biologische Vielfalt weiter ab. Diese Entwicklung soll gestoppt werden.

Biologische Vielfalt

Im hier verwendeten Sinne erstreckt sich die biologische Vielfalt auf die Vielfalt der Ökosysteme, die Artenvielfalt sowie die Vielfalt innerhalb einzelner Arten, soweit sie für die Ernährung, Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft genutzt werden. Sie schließt die dabei nutzbaren genetischen Ressourcen mit ein.

Funktionen des IBV

Das Informationszentrum Biologische Vielfalt (IBV) unterstützt als zentrale Informationsstelle die beteiligten Akteure, um Synergien zu nutzen und die Effizienz ihrer Bemühungen zu steigern. Das IBV ist aus dem früheren Informationszentrum Genetische Ressourcen (IGR) hervorgegangen. Seine Aktivitäten umfassen unter anderem folgende Bereiche:

News

Neben den aktuellen News auf der IBV-Homepage (www.zadi.de/ibv/) informieren die IBV-Schlagzeilen regelmäßig über Wissenswertes zur landwirtschaftlichen Biodiversität.

Informationssystem Genetische Ressourcen (GENRES)

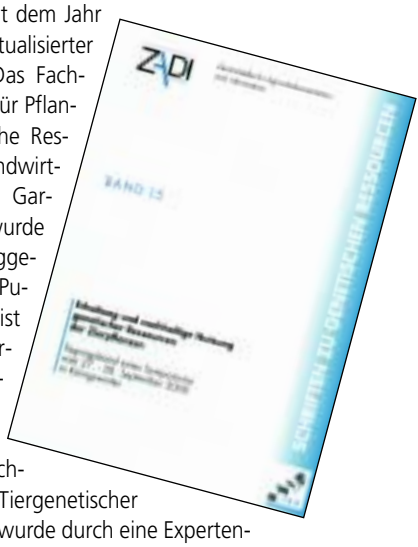
Das Internet-Fachportal GENRES verweist auf nationale und internationale Informationsangebote zu pflanzen- tier-, forst-, mikrobiellen und aquatischen genetischen Ressourcen sowie zu rechtlich-politischen Rahmenbedingungen. GENRES wird verstärkt zu einem effizienten Monitoring-Werkzeug über die nationalen Aktivitäten in diesen Bereichen ausgebaut.

Datenbanken

Das IBV bietet zusammen mit geeigneten Partnern nationale und internationale Online-Datenbanken an; unter anderem die nationalen Inventare zu Beständen und Sammlungen pflanzen- tier-, forst-, mikrobieller und aquatischer genetischer Ressourcen in Deutschland (Informationsplattform XGRDEU), das Bundesinformationssystem Genetische Ressourcen (BIG) und das Informationssystem für frei zugängliche Evaluierungsdaten pflanzengenetischer Ressourcen in der Bundesrepublik Deutschland (EVA).

Nationale Fachprogramme

Im Rahmen der Umsetzung der nationalen Fachprogramme zu genetischen Ressourcen unterstützt das IBV das BMVEL durch Koordinationsaufgaben. Das Programm für Forstgenetische Ressourcen liegt seit dem Jahr 2000 in aktualisierter Form vor. Das Fachprogramm für Pflanzengenetische Ressourcen (Landwirtschaft und Gartenbau) wurde 2002 fertiggestellt; eine Publikation ist derzeit in Arbeit. Ein erster Rohentwurf für ein Fachprogramm Tiergenetischer Ressourcen wurde durch eine Expertengruppe, in der das IBV vertreten ist, vorgelegt. Es ist beabsichtigt, das Programm im Laufe des Jahres 2002 fertigzustellen und als Teil des Nationalen Berichts zum Weltzustandsbericht zu tiergenetischen Ressourcen der FAO zu übergeben. Mit den Vorbereitungen für ein Fachprogramm aquatischer Genressourcen wurde begonnen.



Kooperation im Rahmen des ECP/GR

Das Europäische Kooperationprogramm für pflanzengenetische Ressourcen (ECP/GR) ist eine Plattform für die gesamteuropäische Zusammenarbeit. Zur Unterstützung der deutschen Partner führt das IBV Vor- und Nachbereitungen der ECP/GR-Sitzungen durch.

Schriften zu Genetischen Ressourcen

Die Schriftenreihe bietet eine Plattform zur Information der Wissenschaft, Praxis, Entscheidungsträger und interessierten Öffentlichkeit. Sie erscheint in aperiodischer Folge und publiziert Tagungsberichte und Einzelveröffentlichungen in ge-

Informationen online auf der Homepage des Informationszentrums Biologische Vielfalt (IBV)

druckter Form und als Online-Version im Internet.

Symposien

Gemeinsam mit wechselnden Partnern führt das IBV seit 10 Jahren jährliche Symposien zu verschiedenen Themen durch.

Forschung und Entwicklung

Um seine Aufgaben wahrnehmen zu können führt das IBV Forschungs- und Entwicklungsvorhaben durch, die dem Ausbau der eigenen Informationsdienstleistungen dienen. Dazu gehört insbesondere die Weiterentwicklung von Multi-Host-Suchsystemen zur Nutzung dezentraler Datenbanken. Diese Werkzeuge können künftig auch für die Europäische Informationsplattform pflanzengenetischer Ressourcen (EPGRIS), die zentrale Dokumentation tiergenetischer Ressourcen (TGRDEU) oder das Zentralregister biologischer Forschungssammlungen (ZEFOD) eingesetzt werden. Zur Steigerung der Nutzerfreundlichkeit und wissenschaftlichen Verwertbarkeit von Informationen wird am Einsatz von Geographischen Informationssystemen (GIS-Applikationen) gearbeitet. Darüber hinaus erstellt das IBV eine Metadatenbank von Geoinformationen im Geschäftsbereich des BMVEL mit einer Schnittstelle zu GeoMIS.Bund (Geoinformationen im Bereich des Bundes).

Beratung

Das IBV erfüllt ein breites Spektrum von Beratungsdienstleistungen. Schwerpunkte der vergangenen Zeit waren:

- Beratung des BMVEL bei den Regierungsverhandlungen zum Internationalen Vertrag der FAO über pflanzengenetische Ressourcen, in Fragen zum Zugang zu genetischen Ressourcen, zu relevanten EU-Verordnungen sowie zu spezifischen Themen der Agrobiodiversität. In Teilen dieser Themen arbeitet das IBV mit Kollegen innerhalb der Senatsarbeitsgruppe „Biodiversität" zusammen.
- Beratung anderer Bundesministerien (u.a. BMZ, BMU, BMBF) im Rahmen der internationalen Agrarforschung und den damit verbundenen Maßnahmen zur Erhaltung und Nutzung genetischer Ressourcen, des Clearing-House-Mechanismus des Übereinkommens über die Biologische Vielfalt sowie der weltweiten Bemühungen zum Auf- und Ausbau von Informationsnetzen zur Biologischen Vielfalt, u.a. der Global Biodiversity Information Facility (GBIF);
- Beratung von öffentlichen und privaten Einrichtungen, Experten und Verbänden bei Maßnahmen zur Erhaltung und Nutzung genetischer Ressourcen;
- Beratung bei der Durchführung multilateraler Maßnahmen, u.a. im Rahmen der FAO und des ECP/GR oder bilateraler Maßnahmen, u. a. mit Rußland und den USA.

Dr. Frank Begemann und Dr. Eberhard Münch, Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (ZADI), Informationszentrum Biologische Vielfalt (IBV), Villichgasse 17, 53177 Bonn, E-mail: begemann@zadi.de, muench@zadi.de

Aufgaben des IBV:

- Sammlung, Dokumentation und Bereitstellung von Informationen für nationale Stellen und im Rahmen von EU- und internationalen Aufgaben;
- Beratung des Bundesministeriums für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft und anderer Ressorts sowie der Bundesländer, soweit diese betroffen sind, zu allgemeinen Fragen bei Fördermaßnahmen und politischen Entscheidungen im Bereich genetischer Ressourcen;
- Wahrnehmung technisch-administrativer Koordinationsaufgaben im Rahmen nationaler, internationaler und EU-Maßnahmen und Programme;
- Forschungs- und Entwicklungsarbeiten zur Information und Dokumentation genetischer Ressourcen, einschließlich der Gewinnung und Bereitstellung von Informationen zur Verbesserung von Maßnahmen zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung genetischer Ressourcen;
- Sekretariat für den zu berufenden Beirat für genetische Ressourcen für Ernährung, Land- und Forstwirtschaft.

Bundesforschungsanstalt für Fischerei

Bedrohte Meeresfischarten wieder häufiger

Von den sieben Fischarten, die zeitweise im Meer leben und auf der Europäischen Liste der Fauna Flora Habitat Richtlinie (FFH) als besonders gefährdet eingestuft werden, zeigen mindestens zwei in den letzten Jahren wieder eine erfreuliche Zunahme in ihrem Vorkommen in der Deutschen Bucht. Das hat die Auswertung einer langjährigen Datenreihe der Bundesforschungsanstalt für Fischerei in Hamburg ergeben. Danach kommen das seltene Flussneunauge und die heringsähnliche Finte seit etwa 1990 deutlich häufiger in den wissenschaftlichen Probefängen vor als in früheren Jahren. Die Finte ist inzwischen wieder regelmäßig in den deutschen Küstengewässern anzutreffen (s. Grafik).

Grafik: Vorkommen der Finte (Alosa fallax) in wissenschaftlichen Fängen in den tieferen Gebieten der Deutschen Bucht (außerhalb des Wattenmeeres).

Bestätigt wurden diese Befunde durch eine Studie der Hochschule Bremen aus den Unterläufen der niedersächsischen Nordseezuflüsse. Für beide Fischarten ist der Zugang zu ihren Laichgewässern in Flüssen und Bächen die kritischste Gefährdungsursache. Offenbar zeigen hier die Anstrengungen zur Sanierung der Flüsse, die verbesserten Möglichkeiten für die ziehenden Fische die Sperrwerke zu überwinden (Fischtreppen) und die Verbesserung der Fangselektivität der Netze der Küstenfischer positive Auswirkungen auf die Fischvorkommen.

Diese ersten Erfolge belegen, dass bedrohte Fischarten auch in unseren hochgradig genutzten aquatischen Lebensräumen eine Chance haben, wenn Fischerei, Gewässernutzer und Naturschutz gemeinsam Anstrengungen zu ihrem Schutz unternehmen. *(BFAFi)*

Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen

Genetische Ressourcen bei Reben

EU fördert europaweites Netzwerk

Die Internet-basierte Europäische Vitis-Datenbank (www.dainet.de/eccdb/vitis) leistet einen wichtigen Beitrag zur Beschreibung, Erhaltung und Nutzung der genetischen Ressourcen der Rebe. In ihr sind mehr als 27.000 Akzessionen aus 18 Rebsortimenten registriert und durch 12 Passport-Daten – darunter Name der Rebsorte, Herkunftsland, Vitis-Art und Abstammung – charakterisiert. Nach diesen Passport-Daten kann frei recherchiert werden.

Die online nutzbare Datenbank ist ein Ergebnis des Projekts „Europäisches Netzwerk für die Erhaltung und Charakterisierung der rebengenetischen Ressourcen", das in den Jahren 1997–2002 von der Europäischen Union gefördert wurde. Koordiniert von Dr. Erika Dettweiler aus dem BAZ-Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof waren 19 Partner aus 14 Ländern an dem Projekt beteiligt.

Merkmale zur Unterscheidung von Rebsorten müssen objektiv, unabhängig von Umwelteinflüssen, leicht und schnell erfassbar sein. Neben „Primärdeskriptoren", wie ampelographischen, ampelometrischen (= gemessenen) Blattmerkmalen, kommen „Sekundärdeskriptoren" zur Anwendung, mit denen beispielsweise Ertrag und Qualität, Triebwachstum oder Pilzwiderstandsfähigkeit erfasst werden. Fotos der Triebspitzen, Blätter und Trauben erleichtern es, die Rebsorten besser zu erkennen. Alle erfassten Daten und Fotos sind über das Internet zugänglich.

Seit einigen Jahren ermöglichen auch Mikrosatelliten-Marker eine Differenzierung von Rebsorten, so dass in Zukunft weltweit eine Überprüfung von Sortenidentitäten auf Grund der Allel-Länge möglich ist. Der Aufbau einer Mikrosatelliten-Datenbank als Teil der Europäischen Vitis-Datenbank ist geplant.

Eine Vitis-Arbeitsgruppe innerhalb des europäischen Kooperationsprogramms „Genetische Ressourcen" (ECP/GR) sorgt dafür, dass die Arbeiten auch über das Projektende hinaus fortgeführt werden.

An der Erstellung der Internet-Version der Europäischen Vitis-Datenbank hatte die Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (ZADI) entscheidenden Anteil. *(BAZ)*

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft

Georg Backhaus neuer Leiter der BBA

Am 2. September 2002 wurde Dr. Georg F. Backhaus von Bundesministerin Renate Künast zum neuen Leiter der Biologischen Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft (BBA) bestellt.

Nach dem Ausscheiden von Prof. Dr. Fred Klingauf aus dem aktiven Dienst im August 2001 blieb das Amt des Präsidenten der BBA ein Jahr lang unbesetzt. Während dieser Zeit führte Vizepräsident Dr. Gerhard Gündermann die Geschäfte.

Georg Backhaus (47) hat an der Universität Hannover Gartenbauwissenschaft studiert und dort 1984 promoviert. Anschließend war er am Landespflanzenschutzamt Rheinland-Pfalz und am Pflan-

Seit September 2002 ist Dr. Georg Backhaus neuer Leiter der BBA

zenschutzamt der Landwirtschaftskammer Weser-Ems in Oldenburg tätig. 1993 wechselte der Phytopathologe an die BBA und übernahm dort die Leitung des Instituts für Pflanzenschutz im Gartenbau.

Bei dem Berufungsverfahren im vergangenen Jahr zur Wiederbesetzung der Stelle des BBA-Präsidenten war Backhaus der bestplatzierte Bewerber. *(BBA)*

Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL)

Neues FAL-Institut in Celle

Wissenschaftliche Grundlagen für Tierschutz und Tierhaltung

Im Beisein von Bundesministerin Renate Künast, des Präsidenten der Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL) und zahlreicher Vertreter aus Wissenschaft, Verbänden, Behörden und Politik wurde am 17. Juli 2002 das neue FAL-Institut für Tierschutz und Tierhaltung in Celle feierlich eröffnet. Frau Künast wies in ihrer Ansprache auf die Bedeutung der Verhaltensforschung für die landwirtschaftliche Nutztierhaltung hin. Von Tierschützern und Landwirten wird immer nachdrücklicher verlangt, dass das Verständnis für die Tiere erweitert und die Haltungssysteme an die Bedürfnisse der Tiere angepasst werden. Um diese Bedürfnisse ermitteln zu können, sind aufwändige wissenschaftliche Untersuchungen notwendig, die der neue Institutsleiter Dr. Lars Schrader zusammen mit seinem Team methodisch so weiter entwickeln wird, dass möglichst viele Antworten zur Gestaltung der Haltungsumgebung von den Tieren selbst kommen. Neben der Versuchsstation für Geflügel in Celle wird insbesondere die Versuchsstation für Rinder und Schweine in Mariensee/Mecklenhorst genutzt werden.

Mit Dr. Lars Schrader konnte ein international anerkannter Wissenschaftler als Leiter für das neue Institut berufen werden. Lars Schrader, geboren 1964 in Cuxhaven, studierte Biologie an der Freien Universität Berlin und promovierte dort am Institut für Verhaltensbiologie. 1998 wechselte er an die Eidgenössische Technische Hochschule Zürich.

Celle hat als Standort für landwirtschaftliche Forschungseinrichtungen eine lange Tradition. Ein großer Sohn Celles, Albrecht Daniel Thaer, gründete dort 1802 die erste akademische Lehranstalt für den Landbau. *(FAL)*

Gut beschirmt: Der neue Leiter des Instituts für Tierschutz und Tierhaltung, Dr. Lars Schrader, mit Bundesministerin Renate Künast. Rechts: FAL-Präsident Prof. Gerhard Flachowsky. (Foto: Müller, Cellesche Zeitung)

Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL)

Amarant – Eine neue Anbaufrucht?

In Deutschland leiden rund 60.000 Menschen an Zöliakie, einer Überempfindlichkeit gegen das Klebereiweiß Gluten im Getreide. Der als „Inka-Weizen" bekannte Amarant ist ein in Mittel-und Südamerika beheimatetes Fuchsschwanzgewächs, desen Körner sich durch glutenfreies Mehl auszeichnen, das für Zöliakie-Kranke geeignet ist. Gegenüber einheimischem Getreide gewinnt Amarant außerdem durch einen erhöhten Protein-, Vitamin E- und Eisengehalt sowie höhere Anteile an essenziellen Aminosäuren.

Amarant-Produkte sind frei von Gluten und daher für Zöliakie-Kranke geeignet.

Das FAL-Institut für Pflanzenbau und Grünlandwirtschaft hat jetzt erstmals die Anbaufähigkeit unterschiedlicher Amarant-Sorten in Norddeutschland getestet. Obwohl gute Ergebnisse mit tschechischen und amerikanischen Sorten erzielt wurden, erwies sich der „Inka-Weizen" als sehr empfindlich gegen Kälte und Wind. Auf leichten Böden liegt der zu erwartende Kornertrag nach 120–150 Tagen Anbau zwischen 20 und 30 dt TM/ha.

Amarant benötigt derzeit keinen chemischen Pflanzenschutz, da Unkräuter mechanisch bekämpft werden können und Schädlinge bislang nicht aufgetreten sind. *(FAL)*

Bundesanstalt für Milchforschung

Auch Öko-Milch hat hohe Qualität

Kaum Unterschiede zwischen konventionell und ökologisch erzeugter Milch

In einer umfassenden Untersuchung hat die Bundesanstalt für Milchforschung (BAfM) in Kiel die Milchproduktion von Rindern aus ökologischer und konventioneller Tierhaltung miteinander verglichen. Wesentliche verbraucherrelevante Unterschiede traten dabei nicht auf.

Sowohl in der ökologischen als auch in

der konventionell-integrierten Produktionsform gibt es unterschiedliche Intensitäten, die zu entsprechenden Leistungsniveaus führen. Bei der Tiergesundheit und Fruchtbarkeit fanden die Forscher keine Unterschiede.

Bei der Milchqualität wurden unter dem Gesichtspunkt der Lebensmittelsicherheit Infektionserreger, Umweltkontaminanten, Arzneimittelrückstände, Pflanzenschutzmittel und Mykotoxine (Pilzgifte) betrachtet. Lediglich bei letzteren fanden sich gewisse Unterschiede: Öko-Milch enthielt kein Aflatoxin, bei konventionell produzierter Milch fanden sich in einigen wenigen Proben Spuren dieses Pilzgiftes, die unterhalb des festgesetzten Grenzwertes lagen und vermutlich von Aflatoxin-belasteten Kraftfuttermitteln herrührten.

In den Fällen, wo sensorische Unterschiede zwischen den Rohmilchen beider Produktionsformen auftraten, waren diese nicht auf die Futtermittel zurückzuführen, sondern auf Differenzen im Fettgehalt. Bei pasteurisierten und auf gleichen Fettgehalt eingestellten Milchen gab es keine Unterschiede. Auch die Verarbeitungseignung zu Butter und Käse war gleich.

Die Regeln für die ökologische Milcherzeugung sind in der EU-Öko-Verordnung 2092/91 festgelegt. Danach verzichten ökologisch wirtschaftende Milchviehbetriebe u.a. auf mineralischen Dünger, den prophylaktischen Einsatz von chemisch-synthetischen Tierarzneimitteln und Antibiotika, halten in der Futterration ein bestimmtes Verhältnis von Grundfutter zu Kaftfutter ein, und im Sinne der Kreislaufwirtschaft spielen Zukaufsfuttermittel eine geringere Rolle als in konventionellen Betrieben. Spezielle, auf die Bedingungen der ökologischen Milcherzeugung abgestimmte Rinderzuchtprogramme gibt es derzeit nicht.

Um Öko-Milch mit Gewinn erzeugen zu können, müssen die Milcherzeuger insbesondere wegen des größeren Flächenbedarfs höhere Milchpreise erzielen. *(K. Pabst, BAfM)*

Bundesforschungsanstalt für Viruskrankheiten der Tiere

Richtfest für neuen Quarantänestall

Erster großer Neubau verbessert Forschungsbedingungen auf dem Riems

Die Arbeitsbedingungen der Bundesforschungsanstalt für Viruskrankheiten der Tiere (BFAV) an ihrem Hauptsitz, der Insel Riems, verbessern sich zusehends: Am 10. September 2002 feierten die Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter der Forschungsanstalt zusammen mit den beteiligten Handwerkern und geladenen Gästen Richtfest für den neuen Quarantänestall. In dem rund 10 Mio. Euro teuren, dreiteiligen Gebäudekomplex wird es künftig möglich sein, sowohl Großtiere wie Rinder, Schweine, Ziegen und Pferde als auch Kleintiere (u.a. Mäuse, Kaninchen, Hühner) und Fische unter kontrollierten Bedingungen zu halten.

Die Tierställe sind multifunktional ausgerichtet, sodass unterschiedliche Tierarten in den Räumen gehalten werden können. In den Kleintierräumen werden keine festen Einbauten vorgenommen; dort wird nur mit Käfiggestellen gearbeitet. Damit ist das Gebäude an die wechselnden Anforderungen, die sich aus den unterschiedlichen Forschungsaufgaben ergeben, optimal angepasst.

Ende kommenden Jahres soll das 160 Meter lange Stallgebäude fertig eingerichtet sein und die ersten Tiere aufnehmen. Im Gebäudeteil für Kleintierzucht und -haltung werden rund ein Drittel der Versuchstiere unter spezifisch pathogenfreien Bedingungen gehalten. Auch die transgenen Mäuse, die für die BSE-Forschung benötigt werden und derzeit noch im Anstaltsteil Tübingen untergebracht sind, finden dort Raum.

Der Präsident der BFAV, Professor Thomas C. Mettenleiter, beschrieb in seiner Festrede die Investitionen für den Quarantänestall als Teil eines rund 100 Mio. Euro schweren Ausbauprogramms für den Forschungsstandort auf der Ostseeinsel, an dem einst der Mikrobiologe Friedrich Loeffler die erste virologische Forschungsstätte der Welt eingerichtet hatte. „Damit", so Mettenleiter, „haben wir hier nicht nur eine lange Tradition und eine interessante Gegenwart, sondern auch eine hoffnungsvolle Zukunft." *(Senat)*

Der Richtspruch für den neuen Quarantänestall der BFAV wurde von den Bauhandwerkern, BFAV-Mitarbeitern und Gästen mit Freude aufgenommen.

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft

Neue Viruskrankheit im Weizen nachgewiesen

Viren haben durch die seit rund 30 Jahren veränderten Anbaubedingungen beim Wintergetreide eine immer größere Bedeutung erlangt. Durch die frühe Aussaat können Viren die Pflanzen befallen und zu großen Ertragsverlusten führen. Eine neue Viruskrankheit hat jetzt Dr. Winfried Huth von der Biologischen Bundesanstalt (BBA) in einem Weizenfeld in Süddeutschland nachgewiesen: das Bodenbürtige Getreidemosaik-Furovirus. Auf der 53. Deutschen Pflanzenschutztagung in Bonn informierte der Virologe über den neuen Schaderreger und die Virenproblematik.

In der Gerste sind es vornehmlich zwei Viren, die eine wichtige Rolle spielen und sich seit Mitte der 70er Jahre über alle Anbaugebiete in Westeuropa ausgebreitet haben. Seit den 80er Jahren kamen aus Frankreich und Italien Bodenviren auf deutsche Weizen- und Roggenfelder. Häufig treten sogar zwei Viren auf dem selben Feld auf.

Pflanzen werden nur dann nicht befallen, wenn das Getreide möglichst spät gesät wird. Das war der Grund dafür, dass bodenbürtige Viren bis in die 70er Jahre keine Rolle spielten. Eine andere Maßnahme ist der Anbau von widerstandsfähigen Sorten, die aber nicht gegen alle Viren vorhanden sind. *(BBA)*

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft

Vogelabwehr mit lasergesteuertem Knallschreck

Vögel werden in Landwirtschaft und Gartenbau schon seit jeher mit lauten Geräuschen vertrieben. Auch Schreckschüsse sind eine alte Methode, die aber meistens die Nachbarn verärgert. Leider gewöhnen sich Vögel sehr schnell an regelmäßige Geräusche. Anders bei einem neuen Gerät mit lasergesteuertem Knallschreck, das jetzt auf der Deutschen Pflanzenschutztagung in Bonn vorgestellt wurde: Das neue Gerät knallt nur, wenn die Vögel in eine Laser- bzw. Infrarotlichtschranke fliegen. Da es nur bei Anflug der Vögel knallt, konnte nicht nur die Vogelabwehr verbessert, sondern auch die Lärmbelästigung der Anwohner stark reduziert werden.

Wie die Videoüberwachung in einem Versuch der Biologischen Bundesanstalt (BBA) in Münster zeigte, flogen Ringeltauben meistens nur abends bzw. morgens für kurze Zeit über die Felder und kamen nach dem Knall für längere Zeit nicht wieder zurück. Dadurch wurde der Knallschreck im Laufe des Tages nur selten ausgelöst, so dass die Anwohner den Einsatz des Gerätes auch in der Nähe ihrer Häuser akzeptierten. *(BBA)*

Eine frühe Aussaat macht Wintergetreide anfälliger gegen Virusbefall.

Forschungsinstitut für die Biologie landwirtschaftlicher Nutztiere

Fettleibigkeit bei Mäusen und Menschen

Selektierte Mäuse dienen der Ursachenforschung für Fettansatz

Neben Tierzüchtern sind auch Humanmediziner interessiert, genetische und physiologische Ursachen für Unterschiede im Fettansatz zu erforschen. Sie hoffen,

dadurch therapeutisch wirksame Substanzen zu finden, die beim Menschen die Fettleibigkeit verhindern oder reduzieren. Beim Tier tragen die Kenntnisse dazu bei, die Fütterung zu optimieren oder bevorzugt solche Tiere zu selektieren, die weniger überschüssiges Fett ansetzen, aber dennoch gesundes, schmackhaftes Fleisch liefern.

Die Veranlagung zum Fettansatz und damit die Neigung zu Übergewicht ist auf mehrere Gene zurückzuführen. Die Aktivität jedes einzelnen Gens kann von der Ernährung, dem Geschlecht und dem Alter abhängen. Inzwischen ist mehrfach bestätigt worden, dass Befunde, die am Mausmodell erarbeitetet wurden, sowohl auf den Menschen als auch auf das Nutztier übertragen werden können. „Um das komplexe Netz von Genen aufzuklären, das am Wachstum und am Fettansatz beteiligt ist, nutzen wir extrem differenzierte, auf hohe Körpermasse selektierte Mauslinien", erklärt die Molekularbiologin Dr. Gudrun Brockmann vom Forschungsinstitut für die Biologie landwirtschaftlicher Nutztiere (FBN) in Dummerstorf.

Von besonderem Wert ist dabei eine Mauslinie, die am FBN seit über 20 Jahren und mehr als 100 Generationen auf hohe Körpermasse gezüchtet wird. Es kann davon ausgegangen werden, dass die meisten wachstumsfördernden Genvarianten in dieser Linie angereichert sind. Das Zusammenspiel von rund 35 Genen, so schätzen die Forscher, ist für die hohe Körpermasse verantwortlich. Die Selektionslinie unterscheidet sich von der Kontrollpopulation durch ein zweieinhalbfach höheres Körpergewicht, ein fünffach stärkeren Fettansatz und Verdopplung der Muskelmasse.

Aus Kreuzungsexperimenten zwischen der „Fettmaus-Linie" und normalen Mauslinien konnten die Biologen Chromosomenregionen identifizieren, die einen eindeutig nachweisbaren Einfluss auf den Fettansatz, die Muskelmasse und die damit im Zusammenhang stehenden Hormone haben.

Der Schritt vom Auffinden eines Chromosomenabschnitts, der eine Wirkung auf den Fettansatz gezeigt hat, bis zur konkreten Identifizierung des Gens, das diesen Effekt verursacht, ist äußerst schwierig. Um Kandidatengene in den identifizierten Chromosomenregionen zu finden, werden gegenwärtig mehr als 11.000 Gene von selektierten und nichtselektierten Mäusen auf ihre Aktivität untersucht. Darüber hinaus suchen die Biologen nach Veränderungen im Proteinmuster. Bei diesem vom Land Mecklenburg-Vorpommern sowie dem BMBF geförderten Projekt arbeitet das FBN eng mit der Universität Rostock und dem Rostocker Proteomzentrum zusammen. *(FBN)*

Institut für Agrarentwicklung in Mittel- und Osteuropa

Niedriges Einkommen bei polnischen Landwirten

Die in der Landwirtschaft Südost-Polens Beschäftigten verdienen mit rund 1000 Euro/Jahr gut fünfundzwanzig mal weniger als Landwirte in Bayern. Durchschnittliche polnische Arbeitnehmer erzielen dagegen nur fünfmal weniger als ihre deutschen Kollegen. Zu diesen Ergebnissen kommt eine vom Institut für Agrarentwicklung in Mittel- und Osteuropa (IAMO) vorgelegte Studie, die in der Zeitschrift „Agrarwirtschaft" (Bd. 51, S. 203–214) veröffentlicht wurde.

Der Einkommensabstand zwischen polnischen und deutschen Landwirten ist damit rund fünfmal so hoch wie in der übrigen Wirtschaft. Gründe für dieses Gefälle sind eine im Vergleich mit Deutschland ungünstigere Betriebsgrössenstruktur sowie niedrigere Agrarsubventionen für polnische Betriebe. So liegt die mittlere Größe der im Südosten Polens untersuchten Betriebe bei knapp 9 Hektar, die in Bayern jedoch bei 37 Hektar, in Mecklenburg-Vorpommern sogar bei 230 Hektar.

Der Beitrag aus dem IAMO beruht auf der Analyse von einzelbetrieblichen Kennzahlen, die im Rahmen einer Befragung von 464 polnischen Landwirten im Jahr 2000 erhoben wurden. Die Analyse stützt sich auf den Vergleich von landwirtschaftlichen Betrieben in drei polnischen Woiwodschaften und den deutschen Bundesländern Bayern und Mecklenburg-Vorpommern. Die Analyse legt nahe, dass die geringere Rentabilität der Betriebe in Polen auf zwei Ursachen zurückgeht: Zum einen beziehen Unternehmen in den deutschen Regionen wesentlich höhere Subventionen, zum anderen weisen polnische Betriebe deutliche Strukturdefizite auf, die zu einem hohen Bedarf an Arbeitskräften führen. Darüber hinaus sind polnische Höfe weniger produktiv und weniger spezialisiert als die untersuchten deutschen Betriebe.

Diesen Hindernissen sollte nach Auffassung von Martin Petrick vom IAMO durch künftige Politikmaßnahmen angemessen begegnet werden, um weitere soziale Verwerfungen im Laufe des polnischen EU-Beitritts zu vermeiden. *(IAMO)*

Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V.

Über 100 Traktoren testen Rapsöl-Kraftstoff

Seit September 2002 fahren mehr als einhundert Traktoren im Rahmen des von der Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe (FNR) betreuten 100-Schlepperversuchs mit Rapsöl. Damit soll der Beweis erbracht werden, dass die Fahrzeuge sowohl unter technischen als auch unter wirtschaftlichen Gesichtspunkten ausschließlich mit dem Pflanzenkraftstoff betrieben werden können.

Drei Jahre lang dürfen die Traktoren nur Rapsöl tanken, das den Qualitätsstandard für Rapsöl als Kraftstoff erfüllt. Zudem ist eine Betriebsstundenzahl von wenigstens 800 Stunden im Jahr gefordert, um die notwendige Datenbasis für die wissenschaftliche Auswertung des Modellversuchs zu erlangen.

Die sechs zugelassenen Umrüster passen die Traktorenmotoren mit unterschiedlichen Konzepten an den Rapsölbetrieb an. Allen ist jedoch gemein, dass neben den motorspezifischen Besonderheiten der einzelnen Traktoren auch die Eigenschaften des Rapsöls berücksichtigt werden. So erfordert die höhere Viskosität des Pflanzenöls Änderungen der Kraftstoffleitungen und eine Erwärmung des Kraftstoffs.

Reines Rapsöl ist nach ersten Erfahrungen mit den bereits umgerüsteten Traktoren prinzipiell als Kraftstoff geeignet. Jedoch muss die Einhaltung des Qualitätsstandards sichergestellt sein, da technische Störungen sonst nicht auszuschließen sind. Aussagekräftige Ergebnisse liegen voraussichtlich im kommenden Frühjahr vor, wenn die meisten Traktoren die nötigen Betriebsstunden erreicht haben.

Das Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft (BMVEL) unterstützt das 100-Schlepper-Programm mit 3,6 Mio Euro. *(FNR)*

Die ersten Traktoren, die mit natürlichen Pflanzenölen betrieben werden, haben die 800 Stunden-Grenze mit positiven Ergebnissen überschritten.

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft

Größte deutsche agrarwissenschaftliche Tagung

Ehrung für Professor Fritz Führ

„Auch beim Pflanzenschutzmitteleinsatz heißt das Stichwort Nachhaltigkeit. Ohne Pflanzenschutzmittel geht es nicht; aber es kommt darauf an, neben wirtschaftlichen Aspekten auch die Belange des Verbraucherschutzes und des Umweltschutzes zu beachten." Darauf wies Dr. Gerald Thalheim, Parlamentarischer Staatssekretär beim Bundesverbraucherministerium, bei der Eröffnung der 53. Deutschen Pflanzenschutztagung hin, die vom 16.–19. September 2002 in Bonn stattfand. Mit rund 1.300 Besuchern gehört die Deutsche Pflanzenschutztagung zu den größten agrarwissenschaftlichen Fachtagungen in Deutschland. Sie wird turnusmäßig alle zwei Jahre veranstaltet.

Die 660 Vorträge und Poster boten eine Fülle von Informationen, die sich über alle Bereiche des Pflanzenschutzes erstreckten. Die Pilzgift-Problematik im Getreide wurde ebenso angesprochen wie das Umweltverhalten von Pflanzenschutzmitteln, die in Landwirtschaft und Gartenbau nach wie vor eine große Rolle spielen. Mehrere Sektionen zum biologischen Pflanzenschutz verdeutlichten aber, dass auch hier große Fortschritte zu erwarten sind.

Hohe Ehrung wurde auf der Tagung dem langjährigen Direktor des Instituts für Radioagronomie der Kernforschungsanlage Jülich, Prof. Dr. Fritz Führ, zuteil. Er erhielt die Otto-Appel-Denkmünze. Diese hohe Auszeichnung, die vor fünfzig Jahren zur Erinnerung an den Altmeister des deutschen Pflanzenschutzes Otto Appel (1867–1952) gestiftet wurde und alle zwei Jahre von der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft (DPG) verliehen wird, würdigt Personen für ihr Gesamtlebenswerk. Fritz Führ hat sich nicht nur als herausragender Forscher einen Namen gemacht, seine Fachkompetenz ist auch in wichtigen wissenschaftlichen Gremien gefragt, so bei der Deutschen Forschungsgemeinschaft, wo er seit 1989 in der Senatskommission zur Beurteilung von Stoffen in der Landwirtschaft tätig ist. Im letzten Jahr übernahm er auf Wunsch des Niedersächsischen Ministerpräsidenten Sigmar Gabriel den Vorsitz der dortigen Regierungskommission „Zukunft der Landwirtschaft – Verbraucherorientierung". Bei der Biologischen Bundesanstalt ist Führ seit 1987 Mitglied des Wissenschaftlichen Beirats, seit fünf Jahren dessen Vorsitzender. *(BBA)*

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft

Persistente Schadstoffe weltweit verboten

GTZ informiert auf der Deutschen Pflanzenschutztagung

Die Industrieländer sollen Entwicklungs- und Schwellenländer finanziell und technisch dabei unterstützen, persistente Schadstoffe zukünftig weder zu produzieren noch sie anzuwenden. Darauf wies die Deutsche Gesellschaft für Technische Zusammenarbeit (GTZ) auf der Deutschen Pflanzenschutztagung hin, die im September 2002 von der Biologischen Bundesanstalt gemeinsam mit der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft und dem Pflanzenschutzdienst ausgerichtet wurde. Die Verpflichtung für diese Unterstützung erwächst aus dem 2001 verabschiedeten internationalen Übereinkommen über langlebige organische Schadstoffe (POPs – Persistent Organic Pollutants), das von 151 Ländern unterzeichnet wurde. Die Konvention tritt in Kraft, wenn mindestens 50 Staaten dem Übereinkommen beigetreten sind. Deutschland hat die Konvention im April 2002 ratifiziert und bewirbt sich um den Sitz des Konventionssekretariats.

Geregelt wurden bisher die Pflanzenschutzmittel Aldrin, Chlordan, DDT, Dieldrin, Endrin, Heptachlor, Mirex, Toxaphen und Hexachlorbenzol sowie als Industriechemikalien die Gruppe der polychlorierten Biphenyle (PCBs). Außerdem wurde für die in Produktions- und Verbrennungsprozessen als unerwünschte Nebenprodukte entstehenden Dioxine, Furane, PCBs und Hexachlorbenzol eine kontinuierliche Verringerung bis hin zu einer vollständigen Verhinderung der Einträge in die Umwelt beschlossen.

In den meisten Industrieländern sind die betreffenden Pflanzenschutzmittel längst verboten. In vielen Entwicklungs- und Schwellenländern werden sie aber noch hergestellt und angewendet. Für diese Länder ermöglicht die Konvention spezifische und zeitlich befristete Ausnahmeregelungen. Im speziellen Fall von DDT erlaubt die Konvention 31 Ländern weiterhin den Einsatz des Mittels zur Bekämpfung von Krankheitsüberträgern (z.B. Malaria-Mücke), bis weniger gefährliche und ökonomisch akzeptable Alternativen gefunden sind. *(BBA)*

Persistente, umweltschädigende Pflanzenschutzmittel sollen auch in Entwicklungs- und Schwellenländern nicht mehr hergestellt und angewendet werden.

Senat der Bundesforschungsanstalten

Tagungsband „Biologische Vielfalt" erschienen

„Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?": Unter dieser Frage stand das Symposium, das die Arbeitsgruppe „Ökosysteme/Ressourcen" des Senats der Bundesforschungsanstalten im Mai 2001 an der Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL) in Braunschweig veranstaltet hatte. Der jetzt erschienene 380 Seiten starke Tagungsband gibt die insgesamt 30 Vorträge wieder und stellt die präsentierten Poster in Kurzfassungen vor.

Das Symposium war breit angelegt: Neben der Land- und Forstwirtschaft wurden auch die Fischerei einbezogen und ökonomische Fragen erörtert. Ihre besondere Bedeutung erhielt die Tagung durch die Tatsache, dass versucht wurde, den Beratungsbedarf der politischen Entscheidungsträger des Bundes zum Thema Biologische Vielfalt mit den Aktivitäten der BMVEL-Ressortforschung zu verzahnen. So gaben zu Anfang des Symposiums zwei hochrangige Vertreter des Bundesverbraucherschutz- und des Bundesumweltministeriums einen Überblick über die Anforderungen der Agrar- und Umweltpolitik an die Forschung. In den folgenden 28 Vorträgen stellten die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler ihre Arbeiten zur Diskussion, bei denen es um die Erhaltung und Förderung genetischer Ressourcen, um das Problem gebietsfremder Arten sowie um Wechselwirkungen der Land- und Forstwirtschaft, des Gartenbaus und der Fischerei mit der biologischen Vielfalt ging.

Die Spannbreite der Themen reichte von pflanzenbaulichen Möglichkeiten zur Sicherung der Biodiversität auf Ackerflächen und von der mikrobiologischen Vielfalt in Böden bis hin zu agroforstlichen Systemen in den Tropen. Vorsorgekriterien in der Fischerei zur Bewahrung der marinen Biodiversität wurden ebenso erörtert wie die ökonomische Bewertung von Maßnahmen zur Förderung der biologischen Vielfalt.

Der Tagungsband ist in der BMVEL-Schriftenreihe Angewandte Wissenschaft als Heft 494 erschienen. Er kann über den Landwirtschaftsverlag Münster oder den Buchhandel zum Preis von 15 € bezogen werden. Im Internet ist der Band unter http://bmvel.zadi.de/anwis/ dokumentiert. *(Senat)*

Bundesforschungsanstalt für Viruskrankheiten der Tiere

Vernetzung der deutschen Prionen-Forschung zeigt Erfolge

TSE-Forscher tagten in Berlin

Am 27./28. Juni 2002 fand das jährliche Treffen der Nationalen TSE-Forschungsplattform in Berlin statt. Mehr als 160 Forscherinnen und Forscher zu BSE, Creutzfeldt-Jakob-Krankheit (CJK) und der TSE-Grundlagenforschung trafen sich dort, um ihre Projektaktivitäten vorzustellen und sich über die neuesten Ergebnisse der deutschen TSE-Forschung auszutauschen. TSE (Transmissible spongiforme Enzephalopathien) ist der Oberbegriff für schwammartige, höchstwahrscheinlich von Prionen hervorgerufene Erkrankungen des Gehirns bei Mensch und Tier.

Fortschritte im molekularen Verständnis des Infektionsmechanismus haben dazu geführt, dass erste Verbindungen auf ihre therapeutische Wirkung gegen diese Krankheit geprüft werden können. Auf der Tagung wurde auch deutlich, dass man durch neue Techniken zum Nachweis von Einzelmolekülen die Empfindlichkeit von Diagnoseverfahren so steigern konnte, dass sich die Aussichten für Tests an lebenden Rindern erheblich verbessert haben.

Durch Fortschritte bei den Diagnoseverfahren haben sich die Aussichten auf BSE-Tests an lebenden Rindern verbessert.

Das Resümee nach gut einem Jahr Bestehen der Nationalen TSE-Forschungsplattform ist durchweg positiv. Ein ausgesprochener Erfolg ist, dass jetzt für jedes wissenschaftlich fundierte Projekt Probenmaterial zur Verfügung gestellt werden kann und die Verfügbarkeit nicht länger von mehr oder minder zufälligen Kontakten nach Großbritannien abhängt: Im Rahmen der TSE-Plattform wurden Probenbanken für BSE-Material an der Bundesforschungsanstalt für Viruskrankheiten der Tiere (BFAV) auf der Insel Riems und für CJK-Material an der Ludwig-Maximilians-Universität München sowie der Universität Göttingen eingerichtet.

Die Nationale TSE-Forschungsplattform wurde auf Initiative des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF) gegründet und wird von diesem sowie dem Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft (BMVEL) und dem Bundesgesundheitsministerium (BMG) gefördert.

Unter www.tse-forum.de sind weitere Informationen zu Prionenkrankheiten und der Forschungsplattform online verfügbar. *(Senat)*

IMPRESSUM

FORSCHUNGSREPORT
Verbraucherschutz – Ernährung – Landwirtschaft
2/2002 (Heft 26)

Herausgeber:
Senat der Bundesforschungsanstalten im Geschäftsbereich des Bundesministeriums für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft

Schriftleitung & Redaktion:
Dr. Michael Welling
Geschäftsstelle des Senats der Bundesforschungsanstalten
c/o Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Messeweg 11/12,
38104 Braunschweig
Tel.: 0531 / 299-3396
Fax: 0531 / 299-3001
E-mail: senat@bba.de

Redaktionsbeirat:
Dr. Stefan Kühne, BBA

Konzeption, Satz und Druck:
AgroConcept GmbH
Clemens-August-Str. 12–14
53115 Bonn
Tel.: 0228 / 969426-0
Fax: 0228 / 630311

Webdesign:
TAKO
Auf dem Äckerchen 11
53343 Wachtberg
Tel.: 0228 / 9323213
E-mail: frohberg@tako.de

Internet-Adresse:
http://www.bmvel-forschung.de

Bildnachweis:
AgroConcept GmbH, dpa, Welling

Erscheinungsweise:
Der ForschungsReport erscheint zweimal jährlich

Nachdruck, auch auszugsweise, mit Quellenangabe zulässig
(Belegexemplar erbeten)

ISSN 0931-2277

Druck auf Papier mit Recyclinganteil

Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft

Das Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft (BMVEL) unterhält einen Forschungsbereich, um wissenschaftliche Entscheidungshilfen für die Verbraucherschutz-, Ernährungs-, und Landwirtschaftspolitik der Bundesregierung zu erarbeiten und damit zugleich die Erkenntnisse auf diesen Gebieten zum Nutzen des Gemeinwohls zu erweitern (Rochusstr. 1, 53123 Bonn, Tel.: 0228/529-0, http://www.verbraucherministerium.de).

Dieser Forschungsbereich wird von 10 Bundesforschungsanstalten und der Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (ZADI) gebildet und hat folgende Aufgaben:

Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL):

Forschung auf dem Gebiet der Landbauwissenschaften und verwandter Wissenschaften schwerpunktmäßig zu naturwissenschaftlichen, technischen, ökonomischen und sozialen Fragen der umweltschonenden Erzeugung hochwertiger Nahrungsmittel und Rohstoffe, des Schutzes und der Haltung landwirtschaftlicher Nutztiere, des Ökolandbaus, der Wettbewerbsfähigkeit der Agrarproduktion, der Agrarmärkte, der Erhaltung natürlicher Ressourcen und der Pflege der Kulturlandschaft sowie der Entwicklung ländlicher Räume (Bundesallee 50, 38116 Braunschweig, Tel.: 0531/596-0, www.fal.de).

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft (BBA):

Eine selbstständige Bundesoberbehörde und Bundesforschungsanstalt mit im Pflanzenschutz-, Gentechnik-, Bundesinfektionsschutz- und Chemikaliengesetz festgelegten Aufgaben. Forschung auf dem Gesamtgebiet des Pflanzen- und Vorratsschutzes; Prüfung von Pflanzenschutzmitteln; Eintragung und Prüfung von Pflanzenschutzgeräten, Beteiligung bei pflanzengesundheitlichen Regelungen für Deutschland und der EU, Beteiligung bei der Bewertung von Umweltchemikalien und Bioziden; Mitwirkung bei der Genehmigung zur Freisetzung und zum Inverkehrbringen gentechnisch veränderter Organismen (Messeweg 11/12, 38104 Braunschweig, Tel.: 0531/299-5, www.bba.de).

Bundesforschungsanstalt für Fischerei (BFAFi):

Erarbeitung der wissenschaftlichen Grundlagen für die Wahrnehmung deutscher Verpflichtungen und Interessen in der Gemeinsamen Europäischen Fischereipolitik, in den internationalen Meeresnutzungs- und Schutzabkommen sowie im Lebensmittelrecht (Palmaille 9, 22767 Hamburg, Tel.: 040/38905-0, www.bfa-fisch.de).

Bundesanstalt für Milchforschung (BAfM):

Erarbeitung von Grundlagen für die Erzeugung von Milch, die Herstellung von Milchprodukten und anderen Lebensmitteln und die ökonomische Bewertung der Verarbeitungsprozesse sowie den Verzehr von Lebensmitteln mit dem Ziel einer gesunden Ernährung (Hermann-Weigmann-Str. 1, 24103 Kiel, Tel.: 0431/609-1, www.bafm.de).

Bundesanstalt für Getreide-, Kartoffel- und Fettforschung (BAGKF):

Forschungsarbeiten mit der Zielsetzung einer Qualitätsverbesserung von Getreide, Mehl, Brot und anderen Getreideerzeugnissen, von Kartoffeln und deren Veredelungsprodukten sowie der Lösung wissenschaftlicher und technologischer Fragen im Zusammenhang mit Ölsaaten und -früchten und daraus gewonnenen Nahrungsfetten und -ölen sowie Eiweißstoffen (Schützenberg 12, 32756 Detmold, Tel.: 05231/741-0, www.bagkf.de).

Bundesanstalt für Fleischforschung (BAFF):

Erforschung der Voraussetzungen, unter denen die Versorgung mit qualitativ hochwertigem Fleisch sowie einwandfreien Fleischerzeugnissen einschließlich Schlachtfetten und Geflügelerzeugnissen sichergestellt ist (E.-C.-Baumann-Str. 20, 95326 Kulmbach, Tel.: 09221/803-1, www.bfa-fleisch.de).

Bundesforschungsanstalt für Ernährung (BFE):

Horizontale, das gesamte Gebiet der Ernährungs- und Lebensmittelwissenschaften umfassende Aufgabenstellungen mit dem Schwerpunkt auf Obst und Gemüse (Haid-und-Neu-Str. 9, 76131 Karlsruhe, Tel.: 0721/6625-0, www.bfa-ernaehrung.de).

Bundesforschungsanstalt für Viruskrankheiten der Tiere (BFAV):

Eine selbstständige Bundesoberbehörde mit im Tierseuchengesetz und Gentechnikgesetz festgelegten Aufgaben. Erforschung und Erarbeitung von Grundlagen für die Bekämpfung viraler Tierseuchen (Boddenblick 5a, 17498 Insel Riems, Tel.: 038351/7-0, www.bfav.de).

Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft (BFH):

Wissenschaftliche Untersuchungen zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung des Waldes, zur Erweiterung der Einsatzbereiche des erneuerbaren Rohstoffes Holz sowie zur Verbesserung der Produkteigenschaften und der Prozessqualität (Leuschnerstr. 91, 21031 Hamburg, 040/73962-0, www.bfafh.de).

Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ):

Forschung auf dem Gebiet der Pflanzenzüchtung und angrenzender Gebiete. Beratung der Bundesregierung insbesondere zu den Schwerpunkten Genetische Ressourcen, Erweiterung des Kulturartenspektrums, Erhöhung der Widerstandsfähigkeit von Kulturpflanzen sowie Verbesserung wichtiger Eigenschaften und Inhaltsstoffe. Die Arbeiten der BAZ schaffen Grundlagen zur Erzeugung hochwertiger Agrarprodukte, zur Ressourcenschonung und zur Entlastung der Umwelt durch die Verringerung des Pflanzenschutzmittelaufwandes (Neuer Weg 22/23, 06484 Quedlinburg, Tel.: 03946/47-0, www.bafz.de).

Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (ZADI):

Konzeption, Entwicklung und Betrieb von Internet-Portalen, Online-Angebot nationaler und internationaler Datenbanken, Beratung in allen Fragen des Informationsmanagements, Forschung und Entwicklung auf den Gebieten Agrardokumentation und Informatik sowie Koordinierung der Dokumentation im Fachinformationssystem Ernährung, Land- und Forstwirtschaft (FIS-ELF) (Villichgasse 17, 53177 Bonn, Tel.: 0228/9548-0, www.zadi.de).

Forschungseinrichtungen der Wissenschaftsgemeinschaft G. W. Leibniz

Darüber hinaus sind sechs Forschungseinrichtungen der Wissenschaftsgemeinschaft G. W. Leibniz dem Geschäftsbereich des BMVEL zugeordnet: Deutsche Forschungsanstalt für Lebensmittelchemie (DFA) (Lichtenbergstr. 4, 85748 Garching, Tel.: 089/28914170, dfa.leb.chemie.tu-muenchen.de); Zentrum für Agrarlandschafts- und Landnutzungsforschung e. V. (ZALF) (Eberswalder Str. 84, 15374 Müncheberg, Tel.: 033432/82-0, www.zalf.de); Institut für Agrartechnik Bornim e. V. (ATB) (Max-Eyth-Allee 100, 14469 Potsdam-Bornim, Tel.: 0331/5699-0, www.atb-potsdam.de); Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau Großbeeren/Erfurt e. V. (IGZ) (Theodor-Echtermeyer-Weg 1, 14979 Großbeeren, Tel.: 033701/78-0, www.igzev.de); Forschungsinstitut für die Biologie landwirtschaftlicher Nutztiere (FBN) (Wilhelm-Stahl-Allee 2, 18196 Dummerstorf, Tel.: 038208/68-5, www.fbn-dummerstorf.de); Institut für Agrarentwicklung in Mittel- und Osteuropa (IAMO) (Theodor-Lieser-Straße 2, 06120 Halle/S., Tel.: 0345/5008-111, www.iamo.de).

Anstaltsübergreifende wissenschaftliche Aktivitäten des Forschungsbereiches werden durch den **Senat der Bundesforschungsanstalten** koordiniert, dem die Leiter der Bundesforschungsanstalten, der Leiter der ZADI und sieben zusätzlich aus dem Forschungsbereich gewählte Wissenschaftler angehören. Der Senat wird von einem auf zwei Jahre gewählten Präsidium geleitet, das die Geschäfte des Senats führt und den Forschungsbereich gegenüber anderen wissenschaftlichen Institutionen und dem BMVEL vertritt (Geschäftsstelle des Senats der Bundesforschungsanstalten, c/o BBA, Messeweg 11/12, 38104 Braunschweig, Tel.: 0531/299-3396, **www.bmvel-forschung.de**).

Senat der Bundesforschungsanstalten im Geschäftsbereich
des Bundesministeriums für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft