

Bedeutung der Naturschutzgenetik für den Bund

Francis Cordillot

Bundesamt für Umwelt (BAFU), Abteilung Arten-Ökosysteme-Landschaften, CH-3003 Bern
francis.cordillot@bafu.admin.ch

Genetische Methoden nehmen als praktisches Hilfsmittel des Naturschutzes an Bedeutung zu. Auch der Bund bedient sich dieser Methoden, hauptsächlich im Vollzug des Schutzes (Management) von Tier- und Pflanzenpopulationen sowie zur Identifizierung von äusserlich schwierig zu bestimmenden Arten in der Überwachung (Monitoring und Erfolgskontrolle) der Biodiversität. Der Bundesrat bekräftigt seit 2012, wie bedeutend es ist, die genetische Vielfalt zu erhalten und zu fördern. Der nationale Aktionsplan soll dabei insbesondere das strategische Ziel von Generhaltungsgebieten (Waldbäume, Regionale Floren, Wildarten von Kulturpflanzen) und *Ex-situ*-Erhaltungs- und Ansiedlungsmassnahmen (Pflanzen, Tiere) unterstützen. Bei der Konkretisierung der «Ökologischen Infrastruktur» könnte es wichtig sein zu wissen, wie stark die Landschaft den Genfluss zwischen Populationen und deren Raumnutzung beeinflusst.

1 Einleitung

Die Schweiz zeichnet sich durch eine grosse Vielfalt an Lebensraumtypen und Ökosystemen aus. Besonders in den Alpen, die rund zwei Drittel der Schweizer Landesfläche ausmachen, gibt es eine hohe Dichte an vielfältigen Lebensräumen. Es ist anzunehmen, dass die darin lebenden Arten eine hohe Vielfalt an geographisch unterschiedlichen Formen und genetischen Gruppen entwickelt haben und die Schweiz insgesamt eine relativ hohe genetische Vielfalt aufweist. Diese Lebensraumvielfalt hat auch zum Entstehen endemischer Arten beigetragen (Tschudin *et al.* 2017). Allerdings ist von den evaluierten einheimischen Arten heute mehr als ein Drittel gefährdet, was eine grosse Herausforderung für ihre Erhaltung darstellt (BAFU 2017b). Mit der Artenvielfalt geht auch eine genetische Vielfalt einher, die beim Artenschwund und bei Populationsverlusten geschmälert wird.

Die Naturschutzgenetik kann einiges zum Management der biologischen Vielfalt beitragen. Holderegger und Segelbacher (2016) verdeutlichen, wie genetische Methoden wichtige Werkzeuge des Naturschutzes sind, um evolutive (z.B. Anpassungsvermögen von Arten an Umweltveränderungen) oder ökologische Prozesse (z.B. Austausch zwischen Populationen, Genfluss) in der Landschaft verstehen und erkennen zu

können. Zudem lassen sich mittels genetischer Methoden wichtige Indikatoren zum Zustand der Biodiversität erfassen (z.B. genetische Vielfalt in Populationen, Populationsgrösse, geographische Populationsstrukturen, Vernetzung).

Im Vollzug des Artenschutzes sind beim Bund hauptsächlich das Bundesamt für Umwelt BAFU und das Bundesamt für Landwirtschaft BLW tätig, meistens in Partnerschaft mit Kantonen und wissenschaftlichen Institutionen des Bundes (Eidg. Forschungsanstalt WSL, ETH Zürich, ETH Lausanne, Agroscope) und anderen. Diese wenden für die Artenförderung (Management, Planung von Massnahmen) und -überwachung (Monitorings und Erfolgskontrollen) sowie zur Erhaltung von genetischen Ressourcen (nachhaltige Nutzung) unterschiedliche genetische Methoden an.

Im Folgenden werden für den Bund typische Aktivitäten mit genetischen Hilfsmitteln im Vollzug des Artenschutzes genannt, die er in den letzten zehn Jahren durchgeführt hat oder mittelfristig bis 2023 weiterzuentwickeln gedenkt. Dies soll einen Eindruck über die Bedeutung der Naturschutzgenetik beim Bund vermitteln. Folgender Überblick behandelt aber nicht diejenigen genetischen Ressourcen, welche primär als Ökosystemleistungen für Versorgungsleistungen an das menschliche Wohlergehen und die wirtschaftliche Entwicklung aufzufas-

sen sind (Staub *et al.* 2011). Der Überblick umfasst auch nicht die Aktivitäten des BAFU bezüglich Umsetzung des Nagoya-Protokolls der Biodiversitätskonvention, welches zur Erreichung der Erhaltung der Biodiversität und der nachhaltigen Nutzung ihrer Bestandteile (genetischen Ressourcen) beiträgt. Denn es geht darin vor allem um den Zugang zu genetischen Ressourcen und den gerechten Vorteilsausgleich aus deren Nutzung.

Die in den Abschnitten Artenförderung (Kap. 4) sowie Erhaltung und Nutzung der genetischen Ressourcen (Kap. 5) genannten Projekte zeigen die Bestrebungen des Bundes, Plattformen und Informationssysteme zur Erhaltung der genetischen Vielfalt mit zugehörigem Wissensmanagement aufzubauen und zu fördern. Damit werden vorhandene Informationen über genetische Ressourcen und wildlebende Arten der Schweiz zusammentragen, mit Fundmeldungen gekoppelt und der Fachwelt und Öffentlichkeit zur Verfügung gestellt. Genetische Monitorings werden bisher nur in ganz speziellen Fällen durchgeführt. Allgemein werden fallweise Abklärungen mit genetischen Methoden angestellt, sei es zur Identifikation von Arten, wenn diese morphologisch schwierig zu unterscheiden oder nur Spuren vorhanden sind, sei es für ein gezieltes Management von Artbeständen (Tab. 1).

2 Mittelfristige Schwerpunkte des Bundes

Gemäss Oberziel des Bundesrats (BR-Beschluss vom 1. Juli 2009) sind sowohl die Biodiversität reichhaltig und gegenüber Veränderungen reaktionsfähig als auch ihre Ökosystemleistungen langfristig zu erhalten. Folglich müssen das Überleben der einheimischen Arten in ihrem natürlichen Verbreitungsgebiet sichergestellt sein und die genetische

Tab. 1. Beispiele zur Verwendung genetischer Methoden beim Bund. Die aufgeführten Beispiele mit Referenzen werden in den angegebenen Unterkapiteln ausgeführt.

| § | Beispiel | Referenzen |
|-----|--|---|
| 3.1 | Barcoding als Bestimmungshilfe für Flechtenarten, Wildbienenarten Identifikation einer morphologisch nicht sichtbaren Hybridisierungsausbreitung bei Wasserfröschen Abklärung der Kontaktzonen verschiedener Reptilienarten; Erkennen einer neuen Reptilienart Genetisches Monitoring zur Abklärung von Nutztierriissen durch Grossraubtiere und Überwachung von Schadorganismen für den Wald | MARK <i>et al.</i> 2016; Prax C. und Müller A.: Bienen der Schweiz (CSCF) DUFRESNES <i>et al.</i> 2016; Amphibien (karch) KINDLER <i>et al.</i> 2017; Ursenbacher S.: Reptilien (karch) Grossraubtiere (Bundesamt für Umwelt BAFU); RIGLING <i>et al.</i> 2016: Schadorganismen für den Wald (WSL) |
| 3.2 | Informationen aus DNA-Barcode Sequenzen und Funddaten | Info BOL (Fach- und Koordinationsstelle) über GBIF.ch |
| 4.1 | Genetische und demografische Grundlagen für Amphibienförderung | BRANDT 2015; MÜLLER 2016; CRUICKSHANK 2017; CRUICKSHANK <i>et al.</i> 2017 |
| 4.2 | Hilfsmittel für die räumliche Orientierung der ökologischen Infrastruktur an artspezifischen Verbreitungsmustern und Populationsstrukturen | BAFU 2017a: Aktionsplan zur Schweizer Biodiversitätsstrategie |
| 4.3 | <i>Ex-situ</i> -Erhaltung und Wiederansiedlung gefährdeter Blütenpflanzen | www.infoflora.ch/de/flora/ansiedlung/tagung-2015 |
| 5.1 | Stärkung von Fischpopulationen | VONLANTHEN und HEFTI 2016; SELZ <i>et al.</i> 2017 |
| 5.2 | Regionale Saatgutzentralen und Crop wild relatives (CWR) | www.regioflora.ch , BUWAL 1997; NAP-PGREL (Bundesamt für Landwirtschaft BLW) |
| 5.3 | Generhaltungsgebiete im Wald, BGI-Wälder | RUDOW 2016 |

Vielfalt der einheimischen Wildarten, Nutzzassen und Kultursorten erhalten werden. Entsprechend bekräftigt die Strategie Biodiversität Schweiz («SBS», BAFU 2012a) mit dem strategischen Ziel 7.4 die generelle Bedeutung der Erhaltung und Förderung von genetischer Vielfalt als Grundlage für das Überleben von Arten und die Aufrechterhaltung von Ökosystemleistungen als Quelle genetischer Ressourcen: «Die genetische Verarmung wird bis 2020 gebremst, wenn möglich gestoppt. Die Erhaltung und die nachhaltige Nutzung der genetischen Ressourcen, einschliesslich der Nutztiere und Kulturpflanzen, werden gesichert.» Das zugehörige Konzept Artenförderung (BAFU 2012) gibt an, nach welchen Grundsätzen artspezifische Massnahmen umgesetzt werden sollen, wobei National Prioritäre Arten (BAFU 2017b) bei der Erhaltung der genetischen Vielfalt speziell zu berücksichtigen sind. Das Wissen über die genetische Vielfalt von wildlebenden Arten ist zurzeit noch gering, unter anderem auch mangels nötigen Spezialist/innen und Ressourcen im Vollzug. Eine Neuauflage des Konzepts Artenförderung ist derzeit in Erarbeitung und konkre-

tere Vorstellungen vermitteln. Diese sollen im Rahmen des vom Bundesrat genehmigten Aktionsplans (BAFU 2017a) in zwei Umsetzungsphasen konkretisiert werden. In einer ersten Umsetzungsphase 2017 bis 2023 sollen spezifische Massnahmen für ca. 800 Arten mit klarem Massnahmenbedarf über die Pflege- und Aufwertungsmassnahmen der Lebensräume hinaus konkretisiert werden. Zudem sollen Synergienmassnahmen zur Konkretisierung der in der nationalen Biodiversitätsstrategie geforderten landesweiten Ökologischen Infrastruktur anhand von Pilotprojekten ab 2019 umgesetzt werden (BAFU 2017a: Kap. 3.2.1, 3.3 und Tab. 4.1.4, 4.2.1). Zu diesem Zweck werden «konzeptionelle Grundlagen» erarbeitet, wobei «vorhandene Daten zur Darstellung der Ökologischen Infrastruktur geprüft und Lücken identifiziert» werden (Synergienmassnahmen 4.2.1). In diesem Schritt dürften genetische Abklärungen als Entscheidungsgrundlagen für die räumliche Planung von Vernetzungsmassnahmen zugezogen werden. Denn durch die funktionale Vernetzung von Lebensräumen soll ja «der Austausch und die Bewegungen von Individuen, Genen und ökologi-

schen Prozessen (beispielsweise durch Wanderung) zwischen diesen Lebensräumen mit Korridoren und Trittsteinen gewährleistet» werden oder auch nicht (vgl. BOLLIGER und GUGERLI 2017, in diesem Band), zum Beispiel dann, wenn eine Hybridisierung mit allochthonen Arten droht (Kap. 4). Der Aktionsplan sieht zudem eine Prüfung weiterer Massnahmen für eine zweite Umsetzungsphase 2024–2027 vor, womit sektorspezifische Instrumente und Programme zur Vermeidung der genetischen Verarmung ausgearbeitet und weiterentwickelt (BAFU 2017a: Tab. 3, Kap. 5.2) sowie *Ex-situ*-Sammlungen zur Erhaltung prioritärer genetischer Ressourcen und gefährdeter Arten auf- und ausgebaut werden sollen (BAFU 2017a: Tabelle 3 und Kapitel 5.3). Auch die Generhaltungsgebiete in Synergie mit Waldreservaten sowie die Förderung der regionalen Vielfalt im Grünland stellen weiterhin klare Schwerpunkte in den Umsetzungsphase dar.

Die prioritären Forschungsthemen des BAFU (Ressortforschung) bezüglich der Erarbeitung von wissenschaftlichen Grundlagen zur Erhaltung und Förderung der genetischen Vielfalt sind auch im Forschungskonzept Um-

welt (BAFU 2016) für die Jahre 2017–2020 ein Thema. Sie umfassen unter anderem Untersuchungen über die genetische Diversität von Arten, welche für die Überlebensfähigkeit und das Evolutionspotenzial von Populationen und Metapopulationen wichtig ist (adaptive genetische Diversität; RELLSTAB *et al.* 2017, in diesem Band). Die genetischen Methoden können dazu beitragen, mögliche regionale Unterschiede bezüglich der (anpassungsrelevanten) genetischen Vielfalt von Populationen bestimmter Arten und deren Bedarf an Lebensraumvernetzung zu untersuchen. Diese wissenschaftlichen Erkenntnisse sind für den Vollzug als Entscheidungsgrundlage für ein zielführendes Management von Artbeständen und den Aufbau der Ökologischen Infrastruktur (Flächenbedarf, Qualität und Verteilung) wichtig.

3 Artbestimmung und Datenfluss

Genetische Monitorings finden zurzeit nicht systematisch statt. Jedoch werden fallweise genetische Methoden zur Identifikation von Arten bzw. zur Feststellung von Artvorkommen vorgenommen.

3.1 Hilfsmittel zur Bestimmung und Unterscheidung schwierig bestimmbarer Arten

Das Projekt «Barcoding als Bestimmungshilfe für Flechtenarten» (Christoph Scheidegger und Silvia Stofer WSL, 2009–2011) testete genetische Methoden zur Bestimmung von morphologisch schwierig identifizierbaren baumbewohnende Flechten und beschrieb das Verfahren vom Präparieren von Krustenflechten bis zur DNA-Sequenzierung (MARK *et al.* 2016). Die Artansprache mittels Barcodes wurde mit der Artansprache mittels Dünnschicht-Chromatographie (herkömmliche Bestimmungsmethode aufgrund chemischer Inhaltsstoffe) verglichen. Auch wurden dabei erste Sequenzen für eine genetische Referenzdatenbank von Flechten der Schweiz generiert. ITS-Sequenzen für das Barcoding von Pilzen (entscheidende Art

bei Flechten) sind in der Zwischenzeit etabliert. In der laufenden Revision der Roten Liste der gefährdeten Flechten der Schweiz kommt Barcoding zum Beispiel zur Unterscheidung von äusserlich ähnlichen Arten («species pairs», wobei die eine häufig und die andere sehr selten ist) zur Anwendung. Auch Wildbienen sind teilweise morphologisch schwierig bestimmbar. Im Rahmen der laufenden Revision der Roten Liste der gefährdeten Bienen der Schweiz werden etliche der 600 Wildbienenarten genetisch überprüft (Christophe Praz und Andreas Müller, UniNE). Das Potenzial des Einsatzes von genetischen Methoden als Hilfsmittel zur Unterscheidung von Arten zeigt sich besonders eindrücklich an Resultaten, die im Rahmen eines Vorprojekts zur Revision der Einstufung des Gefährdungszustands der Amphibien in der Schweiz erarbeitet wurden (Sylvain Dubey, UniL; DUFRESNES *et al.* 2016; siehe auch BÜHLER und DUBEY 2017, in diesem Band): Der aus Norditalien eingeschleppte Italienische Wasserfrosch *Pelophylax bergeri* hat den Kleinen Wasserfrosch *Pelophylax lessonae* fast überall in der Schweiz verdrängt. Morphologisch sind die zwei Arten, die sich untereinander kreuzen können, kaum abgrenzbar. Hier hilft die genetische Analyse, die es erlaubt, diese zwei Arten (und die Hybriden) zu unterscheiden. Ebenfalls als Vorprojekt der Revision der Roten Liste der gefährdeten Reptilien der Schweiz (Sylvain Ursenbacher, UniBS) erfolgte bei der Abklärung der Kontaktzonen verschiedener Reptilienarten eine Beurteilung auf Ebene Unterarten und in einem Fall auf derjenigen der genetischen Gruppe. Dabei stellte sich heraus, dass die beiden in der Schweiz vorkommenden Unterarten der Ringelnatter, *Natrix natrix natrix* und *N. n. helvetica*, basierend auf genetischen Untersuchungen taxonomisch eigentlich zwei Arten darstellen. Dass *Natrix helvetica* eine neue europäische Schlangenart ist, haben Senckenberg-Wissenschaftler mit einem internationalen Team dieses Jahr bestätigt (KINDLER *et al.* 2017). Aufgrund genetischer Untersuchungen konnte zudem im Tessin und im Misox die Anwesenheit einer zweiten Blindschleichenart, der Italienischen Blindschleiche (*Anguis veronensis*), nachgewiesen werden. Basierend auf den

erwähnten Arbeiten wurden die Verbreitungsareale der Reptilien in der Schweiz aktualisiert.

Genetische Methoden kommen auch im Management von Wildtierpopulationen zum Einsatz. Das BAFU beteiligt sich u. a. an einem (passiven) genetischen Monitoring zur Abklärung von Nutztierriassen durch Grossraubtiere. Ferner werden genetische Analysen in Form von Forschungsprojekten in Auftrag gegeben, um das Wildtiermanagement von Arten wie zum Beispiel des Steinbocks zu verbessern (siehe auch BIEBACH und KELLER 2017, in diesem Band).

Genetische Analysen werden bei der Überwachung von Schadorganismen für den Wald routinemässig angewendet. Zum Beispiel waren 2016 die Arbeiten geprägt durch die Analyse von Nadelproben mit einer speziellen Hochdurchsatz-Diagnostik-Methode zur Erhebung der Rotband- und Braunfleckenkrankheit (besonders gefährliche Schadorganismen) bei Föhren. Im Routinebetrieb wurden zusätzlich biologische Proben von Bakterien, Insekten, Nematoden, Oomyzeten und Pilzen genetisch analysiert. Der Erstnachweis des Bakteriums *Pseudomonas syringae* pv. *aesculi* an Rosskastanien führte zu einem merklichen Zuwachs an Bakterien-Untersuchungen (RIGLING *et al.* 2016).

3.2 Informationen aus DNA-Barcode Sequenzen und Funddaten

Wie bereits in Kapitel 3.1 erwähnt, ist Barcoding eine vielversprechende Methode, um morphologisch schwierig abzugrenzende Arten sicherer ansprechen zu können. Referenzsequenzen für die routinemässige Bestimmung gesammelter Belege aller Arten liegen aber noch (lange) nicht vor; und die Genetik kann nicht Gewissheit für alle Fragen zu Artkonzepten bringen. Denn für eine genaue taxonomische Ansprache von Organismen werden in der Regel morphologische, geographische und genetische Informationen benötigt. Diese werden vermehrt in «Barcode of Life»-Initiativen zusammengetragen. Nach Projektabschluss einer Startphase für die Schweizer Beteiligung mit Anschubfinanzierung des BAFU wurde 2015 der Verein SwissBol (www.

swissbol.ch) gegründet, der nationale Aktivitäten zu DNA-Barcoding koordiniert und fördert. Da die Finanzierung von Barcoding keine Aufgabe des BAFU ist (sondern der Wissenschaft), fördert es den Daten- und Informationsfluss zu einheimischen Arten via Info Species und Global Biodiversity Information Facility Switzerland GBIF.ch. Zu diesem Zweck wird eine nationale genetische Referenzdatenbank mit der Fach- und Koordinationsstelle Info BOL zur Verfügung gestellt, womit DNA-Sequenzen von Arten aus der Schweiz standardisiert abgelegt werden. Die Verknüpfung einer Sequenz auf BOLD oder der internationalen DNA-Sequenzdatenbank Genbank (a) mit dem entsprechenden Voucher/Referenzbeleg, (b) der DNA-Extrakte in einer öffentlichen DNA-Bank und (c) dem validierten Eintrag der nationalen Referenzdatenbank ist sichergestellt (Abb. 1). Die Daten stehen damit den Vollzugsstellen für Artenschutz, Jagd und Fischerei als zuverlässige und raumbezogene Referenzen zur Verfügung und sind über GBIF öffentlich zugänglich. Dank den Vorarbeiten von Info fauna – CSCF und GBIF Schweiz wird die Datenbank für die Integration von Barcodes mit Informationen der Datenbanken von Info Species (www.infospecies.ch) ab 2018 zur Verfügung stehen. Zudem sollen ver-

schiedene Massnahmen zur Verbesserung der Datennutzung, Visualisierung und Datenqualität bis 2021 weiterentwickelt werden.

4 Artenförderung

Folgende Beispiele zeigen unterschiedliche Anwendungen der Naturschutzgenetik im Bereich Artenförderung, an denen Forschungsinstitute und Behörden des Bundes beteiligt sind.

4.1 Genetische und demographische Grundlagen für Amphibienförderung

Für einen verbesserten Schutz und die Förderung von Laubfrosch, Geburtshelferkröte und Gelbbauchunke wurden für diese stark gefährdeten Arten im Auftrag des BAFU wichtige Grundlagen erarbeitet. Mittels naturschutzgenetischer Untersuchungen und der Entwicklung von Methoden zur verbesserten Auswertung von Monitoring-Projekten wurden mögliche Ursachen für den Rückgang der Populationen identifiziert und die Methodik des Biodiversitätsmonitorings verbessert. Das von 2012 bis 2016 an der Universität Zürich durchgeführte Projekt trug

zur Erreichung des strategischen Ziels «Wissen generieren und verteilen» der Strategie Biodiversität Schweiz bei und entsprach den Schwerpunkten des Forschungskonzepts Umwelt 2013–2016 des BAFU. Unter anderem zeigten genetische und demographische Analysen, dass sich die genetische Diversität angesiedelter und natürlicher Populationen der Geburtshelferkröte kaum unterscheiden (Artenförderungsprojekt Geburtshelferkröte des Kantons Luzern; Müller 2016). Sowohl die Ansiedlung der Geburtshelferkröte als auch das Vernetzungsprojekt der Gelbbauchunken waren erfolgreich und können als Beispiele für ähnliche Projekte in anderen Kantonen dienen (Vernetzungsprojekt Gelbbauchunke Schwyz-Ingebohl; BRANDT 2015; CRUICKSHANK 2017; CRUICKSHANK *et al.* 2017).

4.2 Hilfsmittel für die Ökologische Infrastruktur

Im Rahmen der Konkretisierung der «Ökologischen Infrastruktur» und der «spezifischen Förderung national prioritärer Arten» gemäss Aktionsplan Biodiversität (BAFU 2017a: Tab. 4.1.4 und 4.2.1) zur nationalen Biodiversitätsstrategie (BAFU 2012a) müssen Fragen beantwortet werden, wie zum Beispiel ob ein genetischer Austausch zwischen Teilpopulationen bestimmter Arten stattfindet oder ob die Bestände bedingt durch die Fragmentierung der Landschaft voneinander isoliert sind. Derzeit überlegt man sich unter anderem, welche Arten (z.B. national prioritäre Arten) und/oder Organismengruppen (mit Ziel- und Leitarten, von denen jeweils zahlreiche national prioritäre Arten profitieren) bei solchen Überlegungen stellvertretend für die Vielzahl der in der Schweiz vorkommenden Arten betrachtet werden sollen. Bei der regionalen Operationalisierung des ökologischen Netzwerks in den kommenden Jahren werden sich dann Fragen stellen, die fallweise Analysen von artspezifischen Verbreitungsmustern und Populationsstrukturen (Kerngebiete, Differenzierungszone, Ökotypen) verlangen könnten. Methoden der Landschafts- und Naturschutzgenetik können bei diesen Untersuchungen unter anderem dazu beitragen, herauszufinden, wie stark sich Populati-

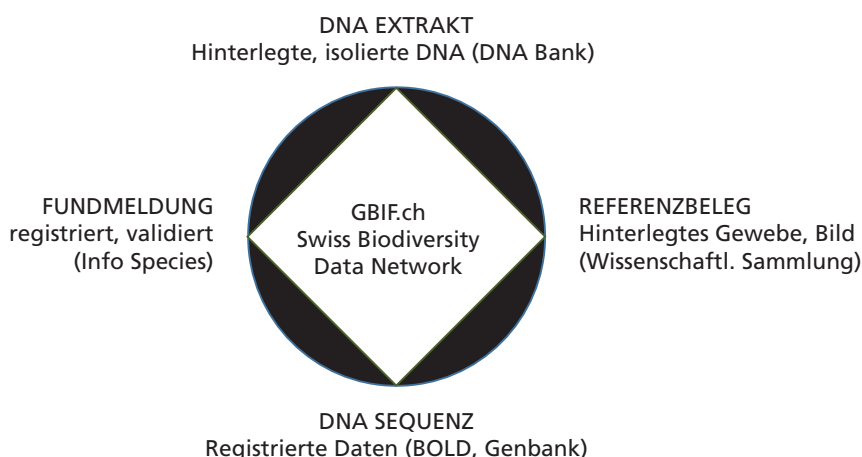


Abb. 1: Info-BOL-Dokumentationsstandard für DNA-Sequenzen aus der Schweiz. Verknüpfung von Sequenzdaten mit Nachweisen der nationalen Datenzentren (Info Species), dem hinterlegten Referenzbeleg und dem DNA-Extrakt in einer öffentlichen Sammlung über die Fach- und Validierungsstelle Info BOL. Auf dem Portal GBIF Schweiz (Swiss Biodiversity Data Network) werden die Informationen der Partnerinstitutionen zusammengeführt. Morphologische, geographische und genetische Daten sind zugänglich. Quelle: P. Tschudin GBIF.ch

onen genetisch unterscheiden, ob zwischen ihnen ein genetischer Austausch stattfindet und ob zum Beispiel Vernetzungsmassnahmen erfolgreich sind (BOLLIGER und GUGERLI 2017, in diesem Band).

4.3 *Ex-situ*-Erhaltung und Wiederansiedlung gefährdeter Blütenpflanzen

Neben vielen wichtigen Zielen des Naturschutzes, wie die Erhaltung der Lebensräume *in-situ*, lautet eines der Ziele die langfristige Sicherung genetischer natürlicher Ressourcen, die unter anderem durch *Ex-situ*-Erhaltung, Vermehrung und Wiederansiedlung erreicht werden kann. Die Global Strategy for Plant Conservation der Biodiversitätskonvention (CBD) fordert jeden Vertragsstaat auf, bis 2020 bis 75 Prozent (544 Taxa für die Schweiz) der gefährdeten heimischen Pflanzenarten (725 Taxa) in allgemein zugänglichen Einrichtungen mit *Ex-situ*-Erhaltungsmassnahmen aufzunehmen und 20 Prozent (145 Taxa) für Wiederansiedlungsmassnahmen zur Verfügung zu stellen. In dem vom BAFU finanzierten Pilotprojekt zur *Ex-situ*-Erhaltung und Wiederansiedlung gefährdeter Blütenpflanzen wurden bereits ein gutes Netzwerk aufgebaut, verschiedene wichtige Fragen beantwortet und wissenschaftlich fundierte Konzepte zur *Ex-situ*-Erhaltung und Ansiedlung erarbeitet, die 2015 an der Konferenz «*Ex-situ*-Erhaltung und Ansiedlung gefährdeter Pflanzenarten» präsentiert wurden (www.infoflora.ch/de/flora/ansiedlung/tagung-2015.html). Als logische Konsequenz will das BAFU im Folgeprojekt 2017–2021 mit Markus Fischer der UniBE das Netzwerk aus Forschungsinstituten, Botanischen Gärten, naturschutzrelevanten Behörden, Umweltbüros und dem Datenzentrum Info Flora ausbauen und wissenschaftlich begleitete Förderprojekte zugunsten 100 gefährdeter Pflanzenarten (was 14 % der in der Schweiz gefährdeten Pflanzenarten entspricht) durchführen, für welche die Schweiz eine besondere Verantwortung trägt. Dabei sollen populationsbiologische Aspekte in beispielhafter Weise berücksichtigt, offene Fragen geklärt und Beratungen geleistet werden.

5 Erhaltung und Nutzung der genetischen Ressourcen

In Ergänzung zur Artenförderung werden auch Massnahmen zur Erhaltung und Nutzung genetischer Ressourcen realisiert, die eine langfristige Erhaltung der genetischen Vielfalt bezwecken und potenziell für den Menschen von Nutzen sind. Dies betrifft sowohl wildlebende Arten als auch Nutztiere und Kulturpflanzen. Beispielsweise dienen die Erhaltung lokal angepasster Fischpopulationen oder Wildformen unserer Kulturpflanzen der Ernährungssicherheit, die Erhaltung von Waldbäumen und Wildpflanzen der nachhaltigen Sicherung von Ökosystemleistungen.

5.1 Stärkung von Fischpopulationen: Lokale Herkunft und Genetik sind wichtig

Die Lebensraumfragmentierung und Nutzungsinteressen führen zu unüberlegten Aussetzungen von Fischpopulationen aus verschiedenen Einzugsgebieten mit unterschiedlichen ökologischen und genetischen Eigenschaften. Der Einsatz von Fischen spielt bei der fischereilichen Bewirtschaftung nach wie vor eine wichtige Rolle (Besatz). Künstlich aufgezogene Fische werden dabei in bestehenden Fischpopulationen freigelassen. Für eine nachhaltige Bewirtschaftung ist es dabei wichtig, dass die genetischen Eigenschaften einzelner Populationen einer Art erhalten bleiben und so wenig wie möglich in die vorhandenen evolutiven Prozesse eingegriffen wird. Es wird deshalb empfohlen, dass wenn die natürliche Fortpflanzung in einem Gewässer funktioniert, immer auf Besatzmassnahmen verzichtet werden soll. Falls Besatzmassnahmen notwendig sind, sollen die Besatzfische möglichst im gleichen Gewässer und geografisch möglichst nahe zum Besatzort beschafft werden (VONLANTHEN und HEFTI 2016). Diese Massnahmen haben zum Ziel, die Erhaltung der genetischen Vielfalt innerhalb und zwischen den Populationen sowie das Anpassungspotenzial der Fischarten zu gewährleisten (siehe auch RELLSTAB *et al.* in diesem Band). Anhand von standardisierten DNA-Analysen können die genetischen Eigenschaften der

Besatzfische charakterisiert werden. Für eine nachhaltige Bewirtschaftung müssen jedoch mittelfristig aufgrund der genetischen Eigenschaften der Populationen sogenannte Bewirtschaftungseinheiten bestimmt werden. Die Grösse dieser Einheiten hängt von der Biologie und Ökologie der jeweiligen Art ab. Dabei ist eine möglichst lokale Bewirtschaftung der Fische (also nach Einzugsgebiet) anzustreben (VONLANTHEN und HEFTI 2016). Bis sich die Besatzmassnahmen z.B. als Folge von erfolgreichen Gewässerrenaturierungen erübrigen, wird die Bewirtschaftung der Fischbestände mittels den oben beschriebenen genetisch kontrollierten Massnahmen optimiert.

Bei morphologisch schwer zu bestimmenden Arten, wie zum Beispiel bei der Gattung der Felchen, sind genetische Hilfsmittel zur Artbestimmung unumgänglich. Als taxonomischen «Beifang» konnten vor zwei Jahren aufgrund genetischer Untersuchungen 8 bis 10 zusätzliche Arten identifiziert werden (BAFU-EAWAG-Projekt: Felchenvielfalt der Schweizer Seen mit drei Modulen: taxonomische Revision; Zusammenstellung über Taxonomie, Ökologie und Evolution; SELZ *et al.* 2017) – eine unverhoffte, wenn auch nur theoretische Bereicherung der einheimischen Biodiversität.

5.2 Regionale Saatgutzentralen und Crop wild relatives (CWR)

«Regioflora» (www.regioflora.ch) ist das Schweizer Portal zur Förderung der regionalen Vielfalt im Grünland. Durch die Verwendung von regionalem Saatgut für Direktbegrünungen wird dem genetischen Verlust regional angepasster Wildpflanzen auf Wiesen und Weiden, an Strassenböschungen, auf Naturschutzflächen, Biodiversitätsförderflächen, Skipisten oder Rekultivierungsflächen entgegengewirkt. «Regioflora» ist ein Projekt von Pro Natura Schweiz, unterstützt durch BAFU, BLW und andere Partnerinstitutionen. Diese sind am Aufbau eines Spenderflächenkatasters für die Ansaat standortgerechter Wiesen beteiligt. Dafür werden Gebiete in der Schweiz gemeldet, die sich durch Arten und Populationen mit genetischen und anderen Besonderheiten auszeichnen.

Das BAFU fördert seit Jahren den Aufbau und die Vermittlung von praktischen Informationen zur Verwendung von standörtlich und regional angepassten Pflanzen. Zum Beispiel wurde anlässlich des Europäischen Naturschutzjahrs von 1995 (ENSJ'95; BUWAL 1997) einerseits die Wildpflanzen-Infostelle als Vermittlungsportal zwischen Wildstaudenproduzenten und Konsumenten aufgebaut (Info Flora überarbeitet momentan das Portal) und andererseits die innovative Idee der regionalen Saatgutzentralen konkretisiert. Beide Angebote basieren auf den Empfehlungen der vormaligen Schweizerischen Kommission zur Erhaltung der Wildpflanzen (SKEW-CPS), deren Aufgaben das nationale Daten- und Informationszentrum Info Flora übernommen hat.

Zur Bewahrung und nachhaltigen Nutzung der Agrobiodiversität unterstützt das Bundesamt für Landwirtschaft (BLW) Initiativen und Partnerschaften für die Erhaltung der Vielfalt von genetischen Ressourcen, Arten und Ökosystemen im Zusammenhang mit der Landwirtschaft. In diesem Rahmen finden Fördermassnahmen für mit Kulturpflanzen verwandte Wildarten (Crop wild relatives, CWR) zwecks Erhaltung der pflanzengenetischen Ressourcen (Genpools von Kulturpflanzen) statt. Unter Einbezug der internationalen Definition für CWR und deren gewählten Methodik wurden die CWR der Schweiz definiert. 83 Prozent der Schweizer Flora kann als CWR bezeichnet werden. Mittels Experteneinschätzung zum Potenzial der Wildpflanzen in Bezug zu ihren verwandten Kulturpflanzen wurde eine prioritäre CWR-Artenliste mit 143 Arten erarbeitet. Aufgrund von Aktionsfeldern und ihren Zielen, welche die *ad hoc* Gruppe bezüglich der Erhaltung und nachhaltigen Nutzung von CWR erarbeitete, wird der allgemeine Handlungsbedarf abgeleitet. Weiter zeigen Fallstudien zu drei CWR-Arten den artspezifischen Handlungsbedarf auf. Diese Resultate sind die ersten Schritte auf dem Weg zu einer nationalen CWR-Strategie und wichtig zur Verankerung der CWR-Thematik im Nationalen Aktionsplan für pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft (kurz Nationaler Aktionsplan PGREL oder NAP-

PGREL) des BLW. Pflanzengenetische Ressourcen sind auch Bestandteil der nationalen Biodiversitätsstrategie. Das BLW fördert die Erhaltung und nachhaltige Nutzung von alten Sorten von Kulturpflanzen, zusammen mit privaten und öffentlichen Erhaltungsorganisationen (Pro Specie Rara, Fructus u.a.m.). Von 2015 bis 2018 läuft die fünfte Förderphase in Form von Leistungsaufträgen oder Finanzhilfen an Projekte, damit alte Kulturpflanzen gefunden, erhalten, sicher bestimmt und beschrieben werden können, um sie für die Ernährung und die Landwirtschaft nutzbar zu machen. Agroscope betreibt die Nationale Genbank (BDN) für PGREL. Dort werden auch jene Sorten, welche über Samen vermehrt werden, gesichert.

5.3 Generhaltungsgebiete im Wald

Als Folge der Waldsterbediskussion der 80er-Jahre schuf der Bund «Genreservate» zur *In-situ*-Erhaltung genetischer Vielfalt von Waldbäumen und Sträuchern. Aufgrund ihrer tragenden Rolle in Waldökosystemen ist die genetische Vielfalt der Baumarten ein Garant für die nachhaltige Sicherung von Waldleistungen, gerade auch unter sich rasch ändernden Umweltbedingungen, zum Beispiel als Folge des Klimawandels. Ausgewiesene Samen-erntebestände (Kataster) und *Ex-situ*-Samenernte- und Erhaltungsplantagen von Bund und Kantonen für die einheimischen Hauptbaumarten und einige Nebenbaumarten sind aufgeführt (vgl. GUGERLI *et al.* 2015), aber eine systematische qualitative Überprüfung der genetischen Eigenschaften (Ökotypen) fehlt bisher. Jedenfalls bestehen die nationalen Handlungsziele bis 2030 unter anderem in der gezielten Auswahl der Provenienzen des forstlichen Vermehrungsgutes bei der Jungwaldpflege sowie im Ausscheiden von Samenerntebeständen durch die Kantone, um die Anpassungsfähigkeit und das Überleben der sich daraus entwickelnden Waldbestände langfristig zu sichern (IMESCH *et al.* 2015). In den letzten Jahren wurde durch EUFORGEN das Fundament für eine paneuropäisch koordinierte Erhaltung forstgenetischer Ressourcen geschaffen, das den Erfahrungsaustausch fördert, ge-

meinsame Erhaltungsstrategien definiert, technische Leitlinien entwickelt und Forschungsprojekte initiiert. Die Schweiz ist Mitglied bei EUFORGEN und beteiligt sich seit 1997 aktiv in den Netzwerken und Arbeitsgruppen. Dabei hat sie sich verpflichtet, nationale Generhaltungsgebiete (gene conservation units, GCU) auszuscheiden und sich am paneuropäischen Verfahren zu beteiligen. Im Rahmen des nationalen Konzepts «Forstliche Genressourcen und Klimawandel» stehen Überlegungen an, wie bestehende und zusätzlich begründete Sonder- oder Naturwaldreservate, die bestimmte Voraussetzungen erfüllen, eine zusätzliche Funktion als sogenannte Generhaltungsgebiete übernehmen könnten (RUDOW 2016). Das bisher diesem Zweck dienende Instrument der «Wälder von besonderem genetischem Interesse» (kurz BGI-Wälder) (BONFILS und BOLLIGER 2003) mit baumartenspezifischen Zielsetzungen soll also mittel- bis langfristig ins Waldreservatnetz integriert werden. Dabei sollen unterschiedliche Ansprüche berücksichtigt werden, zum Beispiel dass Eingriffe in gewisse Schutzgebiete unerwünscht und als störend empfunden werden, während Bewirtschaftungsmassnahmen in Generhaltungswäldern nötig sind. Eine Herausforderung besteht darin, dass weder aktuelle Daten über den Zustand der in Frage kommenden Waldbestände (z.B. Verjüngungszustand) noch entsprechende Pflegekonzepte vorhanden sind. Zur Behebung heutiger Defizite hat das BAFU die ETH Zürich mit spezifischen Leistungen beauftragt.

6 Literatur

- BIEBACH, I.; KELLER, L., 2017: Inzucht und ihre Bedeutung für den Naturschutz. WSL Ber. 60: 15–22.
- BOLLIGER, J.; GUGERLI, F., 2017: Isoliert oder vernetzt? Auswirkungen der Landschaft auf den Genfluss. WSL Ber. 60: 23–29.
- BÜHLER, C.; DUBEY, S., 2017: Application de la génétique de la conservation dans les bureaux d'études en écologie. WSL Ber. 60: 77–82.
- Bundesamt für Umwelt (BAFU) 2012a: Strategie Biodiversität Schweiz. Ausarbeitung einer Strategie zur Erhaltung und Förderung der Biodiversität in Erfüllung

- der Massnahme 69 (Ziel 13, Art. 14, Abschnitt 5) der Legislaturplanung 2007–2011. Bern, Bundesamt für Umwelt. 89 S.
- Bundesamt für Umwelt (BAFU) 2012b: Konzept Artenförderung Schweiz. Grundlagen für den Aktionsplan zur Strategie Biodiversität Schweiz im Bereich Artenförderung - Handlungsfeld II.2 Artenförderung mit Beiträgen zu weiteren Handlungsfeldern. Bern, Bundesamt für Umwelt. 64 S.
- Bundesamt für Umwelt (BAFU) 2016: Forschungskonzept Umwelt für die Jahre 2017–2020. Schwerpunkte, Forschungsgebiete und prioritäre Forschungsthemen. Bern, Bundesamt für Umwelt. 70 S.
- Bundesamt für Umwelt (BAFU) 2017a: Aktionsplan Strategie Biodiversität Schweiz. Bern, Bundesamt für Umwelt. 50 S.
- Bundesamt für Umwelt (BAFU) 2017b: Liste der National Prioritären Arten und Lebensräume. Prioritäre Arten und Lebensräume für die Förderung in der Schweiz. Bern, Bundesamt für Umwelt. 89 S.
- Bundesamt für Umwelt, Wald und Landschaft (BUWAL) 1997: Einzelideen für Natur und Landschaft. Erste Serie Vollversion. Bern, Bundesamt für Umwelt.
- BONFILS, P.; BOLLIGER, M., 2003: Wälder von besonderem genetischem Interesse (BGI-Wälder). Bern, Bundesamt für Umwelt. 60 S.
- BRANDT, H., 2015: Dispersal in a metapopulation of the yellow-bellied toad: does conservation action work? Masterarbeit, Universität Zürich.
- CRUICKSHANK, S.S., 2017: Dealing with uncertainty in amphibian and reptile population monitoring for conservation. Dissertation, Universität Zürich.
- CRUICKSHANK, S.S.; JANSEN VAN RENSBURG, A.; BRANDT, H.; OZGUL, A.; SCHMIDT, B.R., 2017: Demographic and genetic analysis of an isolated population network of an endangered amphibian under habitat management. Unpubliziertes Manuskript, Universität Zürich.
- DUFRESNES, C.; DI SANTO, L.; LEUENBERGER, J.; SCHUERCH, J.; MAZEPKA, G.; GRANDJEAN, N.; CANESTRELLI, D.; PERRIN, N.; DUBAY, S., 2017: Cryptic invasion of Italian pool frogs (*Pelophylax bergeri*) across Western Europe unraveled by multilocus phylogeography. *Biol. Invasions* 19: 1407–1429.
- GUGERLI, F.; HOLDEREGGER, R.; BOLLIGER, M., 2015: Genetische Ressourcen. In: Waldbericht 2015: Zustand und Nutzung des Schweizer Waldes. Bern, Bundesamt für Umwelt BAFU. 82–83.
- HOLDEREGGER, R.; SEGELBACHER, G. (Hrsg.), 2016: Naturschutzgenetik – Ein Handbuch für die Praxis. Bern, Haupt. 247 S.
- IMESCH, N.; STADLER, B.; BOLLIGER, M.; SCHNEIDER, O., 2015: Biodiversität im Wald: Ziele und Massnahmen. Vollzugshilfe zur Erhaltung und Förderung der biologischen Vielfalt im Schweizer Wald. Bundesamt für Umwelt, Bern. 186 S.
- KINDLER, C.; CHÈVRE, M.; URSENBACHER, S.; BÖHME, W.; HILLE, A.; JABLONSKI, D.; VAMBERGER, M.; UWE FRITZ, U., 2017: Hybridization patterns in two contact zones of grass snakes reveal a new Central European snake species. *Scientific Reports* 7: 12 S.
- MARK, K.; CORNEJO, C.; KELLER, C.; FLÜCK, D.; SCHEIDEGGER, C., 2016: Barcoding lichen-forming fungi using 454 pyrosequencing is challenged by artifactual and biological sequence variation. *Genome* 59, 9: 685–704.
- MÜLLER, R. P., 2016: Genetic assessments of translocations: a case study of two endangered amphibians. Masterarbeit, Universität Zürich.
- RELLSTAB, C.; FISCHER, M.C.; CSENCICS, D.; GUGERLI, F.; HOLDEREGGER, R., 2017: Bedeutung der lokalen Anpassung in der Naturschutzgenetik. *WSL Ber.* 60: 31–37.
- RIGLING, D.; PROSPERO, S.; HÖLLING, D.; SCHÖBEL, C.; CORNEJO, C.; SCHNEIDER, S.; MEIER, F.; DUBACH, V.; QUELOZ, V., 2016: Überwachung von besonders gefährlichen Schadorganismen für den Wald – Jahresbericht 2016. Eig. Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft WSL, Birmensdorf. 53 S.
- RUDOW, A., 2016: Generhaltung in Waldreservaten. *Schweiz. Z. Forstwes.* 167: 344–347.
- SELZ, O.; VONLANTHEN, P.; SEEHAUSEN, O., 2017: Felchenvielfalt der Schweizer Seen. Zwischenbericht zum Modul 1 Taxonomische Revision zum BAFU-EAWAG-Projekt. Eig. Wasserforschungsinstitut Eawag, Kastanienbaum. 19 S.
- STAUB, C.; OTT, W.; HEUSI, F.; KLINGLER, G.; JENNY, A.; HÄCKI, M.; HAUSER, A., 2011: Indikatoren für Ökosystemleistungen: Systematik, Methodik und Umsetzungsempfehlungen für eine wohlfahrtsbezogene Umweltberichterstattung. Bern, Bundesamt für Umwelt BAFU. 106 S.
- TSCHUDIN, P.; EGGENBERG, S.; FIVAZ, S.; JUTZI, M.; SANCHEZ, A.; SCHNYDER, N.; SENN-IRLET, B.; GONSETH, Y., 2017: Endemiten der Schweiz – Methode und Liste, Schlussbericht. Bern, Bundesamt für Umwelt BAFU. 37 S.
- VONLANTHEN, P.; HEFTI, D., 2016: Genetik und Fischerei. Zusammenfassung der genetischen Studien und Empfehlungen für die Bewirtschaftung. Bern, Bundesamt für Umwelt BAFU. 90 S.

Abstract

Significance of conservation genetics for federal authorities

Genetic methods are increasing in their relevance as practical tools in conservation. Also federal agencies are applying these methods, mainly in the implementation of the protection (management) of animal and plant populations, and for the identification of taxa that are difficult to morphologically distinguish when it comes to the surveillance (monitoring, implementation success) of biodiversity. Since 2012, the federal council has affirmed the importance of maintaining and promoting genetic diversity. To do so, the national action plan should particularly support the strategic aims of gene conservation units (forest trees, regional floras, wild relatives of cultivated crops) and measures for *ex-situ* preservation and translocations (plants, animals). In the course of implementing the “ecological infrastructure,” it may be important knowing to what degree landscape features affect gene flow among populations and their habitat use.

Keywords: areas of concern, conservation, genetic diversity, genetic resources, governance, landscape genetics, population assignment, species management