

Advies over het verwijderen van bomen in de zaadboomgaard 'Nieuw goed te Parijs' te Astene.

Adviesnummer:	<u>INBO.A.4468</u>
Auteurs:	Annelore De Ro & An Vanden Broeck
Contact:	Lieve Vriens (lieve.vriens@inbo.be)
Kenmerk aanvraag:	ANB-INBO-2022-35
Geadresseerden:	Agentschap Natuur en Bos VAC Herman Teirlinck T.a.v. Gudrun Van Langenhove Herman Teirlinck bus 75 1000 Brussel gudrun.vanlangenhove@vlaanderen.be
Cc:	Agentschap Natuur en Bos Joris Janssens (joris.janssens@vlaanderen.be)

Dr. Maurice Hoffmann Administrateur-generaal wnd.
--

Wijze van citeren: De Ro A. & Vanden Broeck A. (2022). Advies over het verwijderen van bomen in de zaadboomgaard 'Nieuw goed te Parijs' te Astene. Adviezen van het Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek, Nr. INBO.A.4468. Instituut voor Natuur- en Bosonderzoek, Brussel.

Aanleiding

De ambities van het Vlaamse bosuitbreidingsplan resulteren in een gigantische vraag naar geschikt bosplantsoen in de komende jaren. Er is echter een groot tekort aan zaden voor de opkweek van bosplantsoen, niet in het minst is er een tekort aan hazelnoten afkomstig van erkende, autochtone zaadbronnen. In Wallonië werd in 2021 een oproep gelanceerd aan het publiek om bij het wandelen hazelnootjes op te rapen en deze naar een inzamelpunt van de overheid te brengen voor opkweek tot bosplantsoen. Dit illustreert ook daar een nijpend zaadtekort. De druk op de Vlaamse boomkwekerijsector om het aanbod af te stellen op de vraag is groot. Bovendien is de sector afhankelijk van goede zaadjaren. De bosboomkwekerijsector is sterk vragende partij om voldoende oogstmogelijkheden te voorzien voor erkend bosbouwkundig uitgangsmateriaal. Essentieel voor het slagen van bosuitbreiding is het gebruik van 'geschikt' plantmateriaal. Geschikt plantmateriaal wil zeggen dat de voor de aanplant gebruikte bomen en struiken genetisch divers zijn, afkomstig van geschikte zaadbronnen en aangepast aan de Vlaamse bodem- en klimaatomstandigheden, óók als dat klimaat verandert.

De meeste zaadbronnen bevinden zich op terreinen van het Agentschap Natuur en Bos (ANB) en worden door het ANB beheerd. Dat beheer gebeurt volgens advies van het INBO.

In de zaadboomgaard 'Nieuw goed te Parijs' te Astene (1VB4450.6) staan vijf rijen oudere hazelaars die momenteel een kroonsluiting hebben bereikt en een zesde rij met jongere hazelaars die recenter werden geplant. Door de kroonsluiting tussen de rijen hebben de bomen te weinig licht en is de zaadzetting niet optimaal. De kroonsluiting bemoeilijkt ook de zaadoogst. Dit werd ook zo vastgesteld door het INBO tijdens de terreinbezoeken in 2019 waar het beheer met de terreinbeheerders werd besproken. Het voorgestelde hakhoutbeheer van de zaadboomgaard is niet voldoende voor maximale zaadzetting, de bomen zijn te dicht bij elkaar geplant.

In het verleden is het verplanten van oude, afgezette stronken van hazelaar succesvol gebleken. Het ANB wenst de productie van de zaadboomgaard te verhogen door het verplanten van de oude hakhoutstoven en zo tussen de rijen meer licht toe te laten. Dit zal ook de zaadoogst vergemakkelijken. Men wil hierbij zo weinig mogelijk genetische diversiteit verloren laten gaan in de zaadboomgaard en terzelfder tijd maximale zaadproductie nastreven. De rijen die men wenst te verplanten, komen op een andere, nabijgelegen locatie (< 1km).

Voor het project 'Opzetten van een genetisch controlesysteem bij het verhandelen van het autochtoon plantgoed met kwaliteitslabel 'Plant van Hier'' worden autochtone zaadboomgaarden van enkele inheemse soorten genetisch in kaart gebracht. Aan de hand van de genetische profielen kan berekend worden hoeveel genetische diversiteit (onder vorm van allelische rijkdom) verloren gaat bij het verwijderen van specifieke rijen.

Vraag

Welke rijen van hazelaar in de zaadboomgaard 'Nieuw goed te Parijs' te Astene kunnen verwijderd worden om de zaadproductie te verhogen en terzelfdertijd zo weinig mogelijk genetische diversiteit te verliezen?

Toelichting

1 Inleiding

In opdracht van het ANB stelt het INBO een databank op met de genetische profielen van de bomen van erkende autochtone zaadboomgaarden. Door de genetische profielen van verhandeld plantsoen onder het label 'Plant van Hier' met deze databank te vergelijken, kan het autochtoon karakter van dit plantsoen gewaarborgd worden. Als eigenaar van het kwaliteitslabel wil het agentschap immers garanties kunnen leveren aan de gebruikers van het autochtoon plantgoed met label 'Plant van Hier'.

De hazelaar (*Corylus avellana*) is een van de inheemse soorten die worden opgenomen in de databank. Van deze soort werden voor reeds vier autochtone zaadboomgaarden genetische profielen opgesteld. Van deze zaadboomgaarden werd ook telkens een schema gemaakt waarop de genotypes van de bomen worden weergegeven. Op basis van de genetisch profielen of genotypes kan men de allelische rijkdom berekenen. De allelische rijkdom (Ar) is een maat voor de genetische diversiteit binnen een groep individuen. Hoe hoger de allelische rijkdom, hoe hoger de genetische diversiteit en dus ook het evolutiepotentieel of de genetische veerkracht.

2 Voorstel

In de zaadboomgaard 'Nieuw goed te Parijs' te Astene (1VB4450.6) staan momenteel 165 hazelaars, afkomstig van 56 verschillende genotypes. Om de genotypes per rij te bepalen, maakten we gebruik van het schema van de zaadboomgaard dat in juli 2022 werd opgesteld (Bijlage 1). De rijen die verwijderd zouden worden bevinden zich op deel 1 van het schema. De allelische rijkdom binnen de zaadboomgaard werd berekend met het programma HP-Rare v1.0 (Kalinowski 2005).

Om zo weinig mogelijk genetische diversiteit te verliezen, kan men opteren om de rijen 1,4 en 5 te verwijderen uit de zaadboomgaard (Figuur 1). Hierbij gaan er slechts 7 genotypes verloren binnen de zaadboomgaard. In de vier autochtone zaadboomgaarden van hazelaar samen gaan er ook slechts 7 genotypes verloren bij het verwijderen van de hierboven voorgestelde rijen te Astene. De allelische rijkdom binnen deze zaadboomgaard daalt van 10,32 naar 10,23.

Z W
O N

		Grens					
		Rij 1	Rij 2	Rij 3	Rij 4	Rij 5	Rij 6
Hondsroos		NA1	NA3	LA14	VO1	VO4	EK11
		VO1	VO4	DE8	DE8	OK6	EV10
		LA14	HA2	DE8	NA5	EK5	SH20
		NA2	DE6	HA2	EK5	EK9	LA30
		HA1	LA20	LA25	NA3	OK3	LIC4
		NA4	NA2	DE1	LA11	EV8	EV10
		LA20	LA10	DE1	VO3	LA17	VO5
		LA20	HA1	LA1	LA17	OK4	EV10
		z.e. 31	LA16	NA1	VO1	SH20	SH20
		VO1	DE6	DE8	EK11	VO4	OK9
		VO4	NA3	NA1	EK9	LA10	OK4
		LA10	HA11	HA3	HA14	LA17	OK6
		HA11	HA11	LA11	EK2	LA11	LIC4
		HA11	NA2	WE1	EK11	LA10	HA2
		NA3	VO1	LA12	VO1	HA2	SH21
		LA10		WE1	EK9	EK5	DE2
		LA11	HA11	LA1	LA11	EK5	SH20
		LA11	HA6	DE1	HA14	EK11	EV8
		HA14	LA14	WE1	LA11	z.e. 89	
		HA14	LA16	LA1	NA3	VO4	
		NA3	HA6	LA1	NA3	VO1	
		LA10	HA14	HA14	LA30	NA3	
		WE1				HA2	

Figuur 1 Schema van de genotypes van hazelaar aanwezig op de zaadboomgaard te Astene (deel 1), georiënteerd ten opzichte van hondsroos en de grens van de zaadboomgaard. De rijen die het best verwijderd worden met het oog op het kleinste verlies aan genetische diversiteit, zijn in het vet omkaderd. De 7 genotypes die hierbij verloren gaan, zijn aangeduid in het vet.

In het bovenstaand voorstel wordt de meeste genetische diversiteit behouden bij het verwijderen van drie rijen, maar is de ruimte tussen de rijen nadien niet gelijk verdeeld. Dit kan de zaadoogst bemoeilijken. Er kan op termijn ook kroonsluiting ontstaan tussen de rijen 5 en 6. De rijen 4 en 5 zullen respectievelijk ook vooral zaden langs de meest lichtrijke kant produceren. Daarom kan men beter opteren om de rijen 1, 3 en 5 te verwijderen (Figuur 2). Bij dit tweede voorstel gaat er echter meer genetische diversiteit verloren. Binnen de zaadboomgaard gaan er dan 11 genotypes verloren, in de vier autochtone zaadboomgaarden van hazelaar samen gaan er 10 genotypes verloren. Eén verloren genotype komt ook voor in de autochtone zaadboomgaard 'Oude kwekerij' te Brasschaat (1VB4450.3). De allelische rijkdom binnen de zaadboomgaard te Astene daalt dan van 10,32 naar 10,19.

Z W
O N

		Grens					
		Rij 1	Rij 2	Rij 3	Rij 4	Rij 5	Rij 6
Hondsroos	NA1	NA3	LA14	VO1	VO4	EK11	
	VO1	VO4	DE8	DE8	OK6	EV10	
	LA14	HA2	DE8	NA5	EK5	SH20	
	NA2	DE6	HA2	EK5	EK9	LA30	
	HA1	LA20	LA25	NA3	OK3	LIC4	
	NA4	NA2	DE1	LA11	EV8	EV10	
	LA20	LA10	DE1	VO3	LA17	VO5	
	LA20	HA1	LA1	LA17	OK4	EV10	
	z.e._31	LA16	NA1	VO1	SH20	SH20	
	VO1	DE6	DE8	EK11	VO4	OK9	
	VO4	NA3	NA1	EK9	LA10	OK4	
	LA10	HA11	HA3	HA14	LA17	OK6	
	HA11	HA11	LA11	EK2	LA11	LIC4	
	HA11	NA2	WE1	EK11	LA10	HA2	
	NA3	VO1	LA12	VO1	HA2	SH21	
	LA10		WE1	EK9	EK5	DE2	
	LA11	HA11	LA1	LA11	EK5	SH20	
	LA11	HA6	DE1	HA14	EK11	EV8	
	HA14	LA14	WE1	LA11	z.e._89		
	HA14	LA16	LA1	NA3	VO4		
	NA3	HA6	LA1	NA3	VO1		
	LA10	HA14	HA14	LA30	NA3		
	WE1				HA2		

Figuur 2 Schema van de genotypes van hazelaar aanwezig op de zaadboomgaard te Astene (deel 1) , georiënteerd ten opzichte van hondsroos en de grens van de zaadboomgaard. De rijen die in dit voorstel verwijderd worden, zijn in het vet omkaderd. De 11 genotypes die hierbij verloren gaan binnen de zaadboomgaard, zijn aangeduid in het vet.

Conclusie

Bij het verwijderen van alle hazelaars in de rijen 1, 4 en 5 in de zaadboomgaard 'Nieuw goed te Parijs' te Astene (1VB4450.6) wordt de meeste genetische diversiteit behouden (Figuur 1). Met het oog op een optimale zaadzetting in deze zaadboomgaard raden we echter aan om de hazelaars in de rijen 1, 3 en 5 (Figuur 2) te verwijderen. Hoewel dit niet de beste optie is om zoveel mogelijk genetische diversiteit te bewaren, is dit wel de beste optie om zaadoogst te optimaliseren met voldoende behoud van genetische diversiteit in de geoogste zaadloten. Het verlies aan allelische rijkdom is immers heel beperkt in vergelijking met de optie waarbij maximale genetische diversiteit wordt behouden en waarbij de rijen 1, 4 en 5 worden verwijderd. Door het verplanten van de hazelaarstronken uit de verwijderde rijen, zijn de genotypes niet verloren.

Verder leent de opgezette databank zich uitstekend om dit soort vraagstukken op te lossen. Om een correcte werking van de databank te garanderen dient de databank echter worden aangepast wanneer een zaadboomgaard aangepast wordt. Bij het verwijderen van bomen dient te worden nagegaan welke genotypes verdwenen zijn in de zaadboomgaard. Bij het toevoegen van bomen dienen de nieuwe bomen opnieuw genetisch gescreend worden, tenzij het genetisch profiel van de nieuwe bomen reeds gekend is, bijvoorbeeld na vegetatieve vermeerdering van een reeds genetisch geanalyseerde boom. De genetische profielen van nieuwe genotypes dienen vervolgens te worden toegevoegd aan de databank. Het autochtoon karakter van het verhandeld plantsoen van 'Plant van Hier' kan immers enkel correct nagegaan worden indien de databank elk genetisch profiel bevat dat aanwezig is in de zaadboomgaarden.

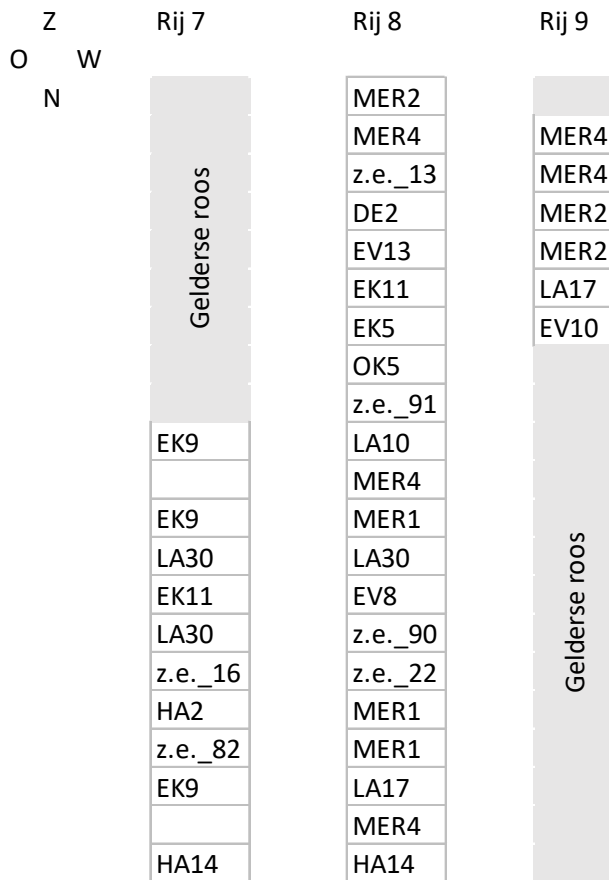
Referenties

Kalinowski ST (2005) hp-rare 1.0: a computer program for performing rarefaction on measures of allelic richness. *Molecular Ecology Notes* 5 (1): 187-189. 10.1111/j.1471-8286.2004.00845.x

Bijlage 1: schema genotypes 'Nieuw goed te Parijs'

		Grens					
Z	W						
O	N	Rij 1	Rij 2	Rij 3	Rij 4	Rij 5	Rij 6
Hondsroos		NA1	NA3	LA14	VO1	VO4	EK11
		VO1	VO4	DE8	DE8	OK6	EV10
		LA14	HA2	DE8	NA5	EK5	SH20
		NA2	DE6	HA2	EK5	EK9	LA30
		HA1	LA20	LA25	NA3	OK3	LIC4
		NA4	NA2	DE1	LA11	EV8	EV10
		LA20	LA10	DE1	VO3	LA17	VO5
		LA20	HA1	LA1	LA17	OK4	EV10
		z.e._31	LA16	NA1	VO1	SH20	SH20
		VO1	DE6	DE8	EK11	VO4	OK9
		VO4	NA3	NA1	EK9	LA10	OK4
		LA10	HA11	HA3	HA14	LA17	OK6
		HA11	HA11	LA11	EK2	LA11	LIC4
		HA11	NA2	WE1	EK11	LA10	HA2
		NA3	VO1	LA12	VO1	HA2	SH21
		LA10		WE1	EK9	EK5	DE2
		LA11	HA11	LA1	LA11	EK5	SH20
		LA11	HA6	DE1	HA14	EK11	EV8
		HA14	LA14	WE1	LA11	z.e._89	
		HA14	LA16	LA1	NA3	VO4	
		NA3	HA6	LA1	NA3	VO1	
		LA10	HA14	HA14	LA30	NA3	
		WE1				HA2	

Figuur B1 Schema van de genotypes van hazelaar van de zaadboomgaard 'Nieuw goed te Parijs' te Astene (deel 1), georiënteerd ten opzichte van hondsroos en de grens van de zaadboomgaard (Versie van 10 juli 2022)



Figuur B2 Schema van de genotypes van hazelaar van de zaadboomgaard 'Nieuw goed te Parijs' te Astene (deel 2), georiënteerd ten opzicht van gelderse roos (Versie van 10 juli 2022)