

Beiträge von Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik für den Wald von Morgen

7. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzen-
züchtung vom 12. bis 14. September 2022 in Ahrensburg

Tagungsband

Mirko Liesebach (ed.)

Thünen Report 105

Bibliografische Information:
Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikationen in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet unter www.dnb.de abrufbar.

Bibliographic information:
The Deutsche Nationalbibliothek (German National Library) lists this publication in the German National Bibliography; detailed bibliographic data is available on the Internet at www.dnb.de

Bereits in dieser Reihe erschienene Bände finden Sie im Internet unter www.thuenen.de

Volumes already published in this series are available on the Internet at www.thuenen.de

Zitationsvorschlag – Suggested source citation:

Liesebach M (ed.) (2023) Beiträge von Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik für den Wald von Morgen : 7. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung vom 12. bis 14. September 2022 in Ahrensburg : Tagungsband. Braunschweig: Johann Heinrich von Thünen-Institut, 318 p, Thünen Rep 105, DOI:10.3220/REP1681451577000

Die Verantwortung für die Inhalte liegt bei den jeweiligen Verfassern bzw. Verfasserinnen.

The respective authors are responsible for the content of their publications.



THÜNEN

Thünen Report 105

Herausgeber/Redaktionsanschrift – Editor/address

Johann Heinrich von Thünen-Institut
Bundesallee 50
38116 Braunschweig
Germany

thuenen-report@thuenen.de
www.thuenen.de

ISSN 2196-2324

ISBN 978-3-86576-265-8

DOI:10.3220/REP1681451577000

urn:nbn:de:gbv:253-202304-dn066221-6

Beiträge von Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik für den Wald von Morgen

**7. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzen-
züchtung vom 12. bis 14. September 2022 in Ahrensburg**

Tagungsband

Mirko Liesebach (ed.)

Thünen Report 105

Mirko Liesebach (ed.)
Thünen-Institut für Forstgenetik
Sieker Landstr. 2
22927 Großhansdorf
Tel.: +49 4102 696156
E-Mail: mirko.liesebach@thuenen.de

Thünen Report 105

Braunschweig/Germany, April 2023



Inhalt

Zusammenfassung	4
Abstract	5
TOBIAS BRÜGMANN, VIRGINIA ZAHN, ALEXANDER FENDEL, STEFAN ZEBBEDIES, ALICE-JEANNINE SIEVERS, DIRK BECKER, MATTHIAS FLADUNG	
Neue biotechnologische Methoden für Gehölze	6
VIRGINIA ZAHN, ALICE-JEANNINE SIEVERS, MATTHIAS FLADUNG, TOBIAS BRÜGMANN	
Etablierung einer stabilen <i>in vitro</i>-Kultur für <i>Fagus sylvatica</i> – Ein erster Schritt hin zur Genomeditierung in Buchen	9
BIRGIT REICHE, MARIE BRÜCKNER, BEATRICE WEBER, UTE TRÖBER, TONY HEITKAM, HEINO WOLF, DORIS KRABEL	
Identifizierung von Inter-SINE Amplified Polymorphism Markern in der Filial-Generation gelenkter Kreuzungen von <i>Populus tremula</i>	11
KRISTIN MORGENSTERN, JENS-ULRICH POLSTER, DORIS KRABEL	
Loop-Mediated Isothermal Amplification (LAMP): Eine einfache und kostengünstige Methode zum DNA-basierten Nachweis von phytopathogenen Pilzen in forstlichem Pflanzenmaterial	16
MATTHIAS FLADUNG, KIRAN SINGEWAR	
Mit RNA-Interferenz (RNAi) gegen Krankheitserreger und Schadinsekten?	22
MAREK SCHILDBACH, MARTIN HOFMANN	
Hybridpappeln im Klimawandel - Ergebnisse einer Pappelklonprüfung des Projekts FastWOOD	32
FRANK EILZER, LINA WINKLER, HEINO WOLF, KARL H. MELLERT	
Untersuchungen zur Trockentoleranz von Erntebeständen der Baumarten Rot-Buche, Gemeine Fichte und Weiß-Tanne sowie deren Nachkommenschaften mit unterschiedlichen Methoden im Projekt sensFORclim	43
SIMON JANSEN, PELIN ACAR, FILIPPOS A. ARAVANOPOULOS, ASIYE ÇIFTÇI, FUNDA ÖZDEMİR DEĞİRMENCI, KÜRŞAT DUYAR, ÖZLEM MAVI İDMAN, ÇIĞDEM KANSU, ZEKI KAYA, JÖRG KLEINSCHMIT, DEBORAH MARIE LEIGH, FANI G. LYROU, CHRISTIAN RELLSTAB, DEVRİM SEMİZER-CUMING, NIKOS TOURVAS, CHARALAMBOS NEOPHYTOU	
Genetische Anpassung von drei heimischen Eichenarten an Trockenstress. Erste Ergebnisse aus dem BiodivERSa Projekt ACORN	52
HEIKE LIESEBACH, CORNELIA BÄUCKER	
Phenotyping mit Chlorophyll-Fluoreszenzmessungen	60
LINUS HOHENWARTER, SONJA LÖFFLER, RALF KÄTZEL	
Biochemische Stressreaktionen und differenzielle Transkriptomanalyse bei Lindenklonen unter Wassermangel	74

ALEXANDER FENDEL, MATTHIAS FLADUNG, TOBIAS BRÜGMANN	
Steigerung der Trockenstresstoleranz in Bäumen durch genetische Modifikationen	88
HEINO WOLF, CHRISTIAN LANGE, BENJAMIN OTT	
Reaktion ausgewählter Vogel-Kirschen-Klone aus <i>In-vitro</i>-Vermehrung auf Trockenheit	90
MIRKO LIESEBACH, KATHARINA J. LIEPE, MUHIDIN ŠEHO, RALF KÄTZEL, FRANK BECKER, SONJA LÖFFLER	
Ergebnisse aus dem Internationalen Buchenherkunftsversuch 1996/98 von den Versuchsflächen in Deutschland	97
BERND DEGEN, NIELS MÜLLER	
Produktion von höherwertigem Saatgut in Buchenbeständen mit Hilfe von Genomanalysen	128
AKI M. HÖLTKEN, NICOLE OPFERMANN, STEFFEN FEHRENTZ	
Hybridisierung und genetische Introgression: Bedeutung für Waldbau, Forstpflanzenzüchtung und Naturschutz	134
VOLKER SCHNECK	
Nachkommenschaftsprüfungen bei der Wald-Kiefer (<i>Pinus sylvestris</i> L.)	153
ANNE-MAREEN E. EISOLD, CORNELIA BÄUCKER, HEIKE LIESEBACH, VOLKER SCHNECK	
Geriegelte Werthölzer – Vermehrung und genetische Charakterisierung	164
ANDRÉ HARDTKE, KATHARINA VOLMER, FLORIAN HEIMSCH, MOIRA MÜHLBAUER, MARTIN HOFMANN	
Trauben-Eichensaatgut für den Wald von morgen – OakZones eine Projektvorstellung	170
HEINO WOLF	
Ergebnisse der Hybridlärchen-Züchtung der letzten 10 Jahren – aus der Petrischale in das Sägewerk	182
RANDOLF SCHIRMER, MARTIN TUBES, MUHIDIN ŠEHO, GERHARD HUBER	
Entwicklung des süddeutschen Schwarzkiefern-Herkunftsversuchs nach 12 Jahren	193
ANDRÉ HARDTKE, OLIVER CARÉ, SOFIA RUBIN, WILFRIED STEINER, LUDGER LEINEMANN, OLIVER GAILING	
Wuchsleistung und genetische Variation unterschiedlicher Küstentannenherkünfte	204
JAKOB QUEGWER, STEFANIE REIM, MONIKA HÖFER, ANKE PROFT, UTE TRÖBER	
Etablierung und Evaluierung von Sämlingssamenplantagen als Beitrag zum Erhalt von <i>Malus sylvestris</i> im Osterzgebirge	218
CORNELIA BÄUCKER, HEIKE LIESEBACH, MIRKO LIESEBACH	
Das Potential des Spitz-Ahorns besser nutzen: Einblicke in die Pflanzenanzucht für die Anlage von Feldversuchen	226
HANNAH S. MITTELBERG, KATHARINA J. LIEPE, HEIKE LIESEBACH, MIRKO LIESEBACH	
Die Hainbuche und ihr Potenzial für den Wald	238
EVA ARDAO RIVERA, HIEU CAO, FRANK BECKER, SILVIJA BILELA-ECKERT, ALEXANDER BRAUN, MARIE BRÜCKNER, ILKA DE ABREU, JÖRN ERBACHER, IVO FEUSSNER, KIRSTIN FEUßNER, OLIVER GAILING, MARTIN HOFMANN, RALF KÄTZEL, AMÉLIE A. KELLY, JÖRG KLEINSCHMIT, JONATHAN M. KORMANN, NICK LAMPRECHT, KATHARINA J. LIEPE, MIRKO LIESEBACH, SONJA LÖFFLER, CHARALAMBOS NEOPHYTOU, DORIT RIEDEL, MAREK SCHILDBACH, WILFRIED STEINER, MARTHA TÖPPE, UTE TRÖBER, MIRIAM WATERMEIER, HEINO WOLF	
Roteiche im Klimawandel: Grundlagen zur Züchtung unter Berücksichtigung der Trockenstresstoleranz (RubraSelect Projekt)	244
JONATHAN M. KORMANN, MIRKO LIESEBACH, KATHARINA J. LIEPE	
Wachstum der Roteiche (<i>Quercus rubra</i> L.) in zwei Herkunftsversuchsserien in Deutschland	257
MARTHA TÖPPE, MIRIAM WATERMEIER, MARTIN HOFMANN	
Einleitung eines Züchtungsprogramms für die Roteiche (<i>Quercus rubra</i> L.)	267

HEIKE LIESEBACH, KATHARINA LIEPE, CORNELIA BÄUCKER

Neue Samenplantagen für Deutschland – Empfehlungen auf Basis internationaler Erkenntnisse 274

MUHIDIN ŠEHO, BARBARA FUSSI, RANDOLF SCHIRMER, JOACHIM HAMBERGER, ALWIN JANBEN

Neue Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen in Bayern 282

EVA CREMER, MONIKA KONNERT, ANDREAS LUDWIG, GERHARD WEZEL

Forstgenetik trifft Forstpraxis: Erfahrungen und Ausblick aus „20 Jahre ZüF“ 298

MIRKO LIESEBACH, DAGMAR SCHNECK

Herkunftsangaben bei alternativen Baumarten – derzeit und künftig 302

Im 1951 gegründeten Deutschen Verband Forstlicher Forschungsanstalten (DVFFA) gibt es seit 2009 die Sektion „Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung“. Diese ging aus dem Zusammenschluss der bereits 1950 gegründeten „Arbeitsgemeinschaft für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung“ und dem „Forum Genetik-Wald-Forstwirtschaft“ von 1980 hervor. Die Sektion ist eine offene Plattform der Begegnung und des gegenseitigen Wissensaustauschs in den Bereichen Forstpflanzenzüchtung, molekulargenetische Grundlagenforschung, angewandte populationsgenetische Forschung, forstliche Generhaltung, Herkunftsforschung und Saatgutwesen und richtet alle zwei Jahre eine Tagung aus.

The German Association of Forest Research Institutes (DVFFA), founded in 1951, has had a Forest Genetics/Forest Plant Breeding Section since 2009. This section emerged from the merger of the "Working Group for Forest Genetics and Forest Plant Breeding", founded in 1950, and the "Forum Genetics-Forestry" of 1980. The Section is an open platform for meetings and the mutual exchange of knowledge in the fields of forest plant breeding, basic molecular genetic research, applied population genetic research, forest genetic conservation, provenance research and seed management, and organises a meeting every two years.

Zusammenfassung

Vom 12. bis 14. September 2022 richteten die Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung und die Deutsche Dendrologische Gesellschaft (DDG) die 7. Tagung in Ahrensburg/Schleswig-Holstein aus. Der Schwerpunkt der dreitägigen Vortragsveranstaltung lag auf dem Thema „*Beiträge von Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik für den Wald von Morgen*“. Anlass für die Tagung gab es mehr als genug. Der Klimawandel wird immer offensichtlicher. Die Auswirkungen der in weiten Teilen Deutschlands zu trockenen und warmen Jahre stellen Waldbesitzer und -bewirtschafter vor Herausforderungen. Mit der Veranstaltung versuchten wir auf einige der anstehenden Fragen eine Antwort zu geben.

Auf der Tagung wurden 51 Vorträge und Poster vorgestellt, die 10 Blöcken zugeordnet waren: Methoden, Resistenz, Gehölzphysiologie I und II, Rot-Buche, Züchtung, Differenzierung, Alternativbaumarten, Rot-Eiche und forstliches Vermehrungsgut.

Die Tagung endet mit einer halbtägigen Exkursion zu einem 60-jährigen Bestand mit Lindenblättriger Birke (*Betula maximowicziana*), einem ehemaligen Herkunftsversuch. Am Objekt wurden Wissen und praktische Erfahrungen über eine weniger bekannte Baumart Ostasiens ausgetauscht. Weiterer Exkursionspunkt war eine vom Thünen-Institut für Forstgenetik in Streifen angelegte Nachkommenschaftsprüfung zur Nutzung im Kurzumtrieb. Für das bestehende silvoarable Agroforstsystem (Bäume mit Ackerkulturen) wurde zusammen mit dem Thünen-Institut für Ökologischen Landbau ein Konzept für ein silvopastorales System (Bäume mit Tierhaltung) mit Hühnern bzw. Kälbern entwickelt. Zur Vorbereitung der Beweidung wurde in der Vegetationsruhe die Hälfte der elfjährigen Gehölzstreifen geerntet und energetisch genutzt. Der verbleibende Aufwuchs sowie der aus Wurzelschösslingen und Stockausschlag bieten den Bruderhähnen Schatten und Schutz.

Die Veranstaltung wurde im Rahmen der Charta Holz 2.0 durchgeführt, die unter anderem die Erhöhung des nutzbaren Waldholzpotenzials zum Ziel hat. Die Tagung knüpft an folgende Schwerpunkte des Handlungsfeldes Ressource Wald und Holz der Charta an:

- Nachhaltige Rohstoffversorgung: Flächenproduktivität und -management, Anbau produktiver Baumarten, Sicherung der Nadelrohholzversorgung, Forstpflanzenzüchtung/Forstgenetik
- Schutz durch nachhaltige Nutzung: Risikominimierung (Forstschutz, Umtriebszeiten, Waldumbau), Anpassung der Wälder an den Klimawandel, Krisenmanagement Um die Ergebnisse der gut besuchten Veranstaltung einer breiten Öffentlichkeit zugänglich zu machen, wird der Inhalt ausgewählter Präsentationen im Folgenden wiedergegeben.

Um die Ergebnisse der mit 85 Teilnehmern und Teilnehmerinnen aus Deutschland und Österreich gut besuchten Veranstaltung einer breiten Öffentlichkeit zugänglich zu machen, wird der Inhalt ausgewählter Präsentationen im Folgenden wiedergegeben.

Für den Inhalt der Beiträge sind die Autoren/Autorinnen verantwortlich.

Schlüsselworte: Forstgenetik, Forstpflanzenzüchtung, Klimawandel, Nachhaltigkeit

MIRKO LIESEBACH (Thünen-Institut für Forstgenetik) und UTE TRÖBER (Staatsbetrieb Sachsenforst)
Obleute der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung

Abstract

The 7th meeting of the “Section Forest Genetics/Forest Tree Breeding” and the German Dendrology Society (DDG) took place in Ahrensburg/Schleswig-Holstein from September 12–14, 2022. The focus of the three-day lecture event was on "Contributions of Forest Plant Breeding and Forest Genetics to the Forest of Tomorrow". There was more than enough reason for the conference. Climate change is becoming more and more obvious. The effects of the excessively dry and warm years in large parts of Germany pose challenges for forest owners and managers. With the meeting we tried to answer some of the questions.

At the conference, 51 presentations were given, which were assigned to 10 blocks: Methods, Resistance, Woody Plant Physiology I and II, European Beech, Breeding, Differentiation, Alternative Tree Species, Red Oak and Forest Reproductive Material.

The conference ended with a half-day excursion to a 60-year-old stand of Monarch birch (*Betula maximowicziana*), a former provenance trial. At the object a lesser-known tree species of East Asia, knowledge and practical experience were exchanged. Another excursion point was a progeny test for use in short rotation set up by the Thünen Institute of Forest Genetics in strips. For the existing silvoarable agroforestry system (trees with arable crops), a concept for a silvopastoral system (trees with livestock) with chickens or calves was developed together with the Thünen Institute of Organic Farming. In preparation for grazing, half of the eleven-year-old woody strips were harvested during winter and used for energy production. The remaining growth as well as that from root shoots and sockers provide shade and shelter for the brother cocks.

The meeting is held as part of the Charta für Holz 2.0, which aims among other things to increase the usable forest wood potential. The conference builds on the following priorities in the field of action Resource Forest and Wood of the Charta:

- Sustainable wood supply: productivity and management, Cultivation of productive tree species, guarantee the supply of softwood, Forest tree breeding / forest genetics
- Conservation through sustainable use: risk minimization (forest conservation, rotation length, forest conversion), adaptation of forests to climate change, crisis management

In order to make the results of the event, which was well attended by 85 participants from Germany and Austria, accessible to a broad public, the content of selected presentations is published.

The authors are responsible for the content of the contributions.

Keywords: Forest genetics, forest tree breeding, nature conservation, climate change

MIRKO LIESEBACH (Thünen Institute of Forest Genetics) and UTE TRÖBER (Staatsbetrieb Sachsenforst)
Chairs of the Section Forest Genetics/Forest Tree Breeding



Neue biotechnologische Methoden für Gehölze

TOBIAS BRÜGMANN, VIRGINIA ZAHN, ALEXANDER FENDEL, STEFAN ZEBBEDIES, ALICE-JEANNINE SIEVERS, DIRK BECKER, MATTHIAS FLADUNG

Als neue biotechnologische Methoden werden Verfahren zur gezielten Veränderung des Erbguts zusammengefasst, die durch Zinkfinger-Nukleasen, *transcription activator-like endonucleases* (TALENs) und CRISPR/Cas erreicht werden („Genomeditierung“, BOCH et al. 2009; JINEK et al. 2012; SHUKLA et al. 2009). Für die jüngste dieser Methoden wurden im Jahr 2020 Emmanuelle Charpentier und Jennifer A. Doudna mit dem Chemie-Nobelpreis ausgezeichnet. Sie haben maßgeblich die Genschere CRISPR/Cas9 entwickelt, mit der sich das Erbgut von Mikroorganismen, Pilzen, Pflanzen und Tieren schnell, günstig und präzise verändern lässt. Genomeditierungen ermöglichen das zielgenaue Ausschalten (*Knockout*) von Genen auf DNA-Ebene. Damit sind sie ein Fortschritt im Vergleich zu vorherigen Methoden, wie beispielsweise die RNA-Interferenz, die auf posttranskriptioneller Ebene eine, häufig unvollständige, Herunterregulation von Genexpressionen bewirkt. Gen-*Knockouts* werden zur Aufklärung von Genfunktionen verwendet, indem daraus resultierende, phänotypische Veränderungen analysiert werden. Aufgrund der einfachen Umsetzbarkeit und großen Zielgenauigkeit bei der genetischen Bearbeitung bietet die CRISPR/Cas-Technologie der Pflanzenforschung vielversprechende Perspektiven.

Die drängenden Herausforderungen des Klimawandels sind durch extrem trockene Sommer in der Landschaft unübersehbar: Nur 21% der Waldbäume in Deutschland weisen keine geschädigte Krone auf (BMEL 2022) auf. Um die genetische Grundlage der Trockenstresstoleranz in Bäumen zu erforschen, ist die Übertragung der Genomeditierungstechniken auf Waldbäume ein Werkzeug mit großem Potenzial. Durch gezielte genetische Veränderungen bei anpassungsrelevanten Genen kann deren Einfluss auf die Trockenstresstoleranz und den dahinterstehenden physiologischen Prozessen ermittelt werden. Die Erkenntnisse können in der Forstpflanzenzüchtung berücksichtigt werden, z. B. bei der Auswahl von geeignetem Vermehrungsmaterial.

Für Pappeln, insbesondere Aspenhybriden der Gattung *Populus*, die etablierte Modellorganismen in der biotechnologischen Forschung sind, stehen zahlreiche molekulare Werkzeuge und Genomsequenzen zur Verfügung, die CRISPR/Cas-Genomeditierungen ermöglichen. In Aspen und deren Hybriden wurden in der Vergangenheit bereits sehr effizient CRISPR/Cas9-vermittelte Gen-Knockouts ausgelöst, um deren physiologische Funktion aufzuklären (FLADUNG 2021; MÜLLER et al. 2020; BRUEGMANN et al. 2019). Grundlage der zielgenauen Wirkung der Cas9-Nuklease ist die Verwendung einer der Zielsequenz entsprechenden RNA (sgRNA), die die Nuklease an genau die Stelle des Erbguts führt, an der die DNA geschnitten werden soll. Durch den Schnitt entsteht ein DNA-Doppelstrangbruch. Nach Aktivierung des zelleigenen Reparatursystems wird die geschnittene DNA wieder zusammengefügt, wobei allerdings Fehler passieren können und somit Mutationen entstehen (zumeist Insertion oder Deletion von einzelnen Basenpaaren am vorgesehenen Genort). Anhand unterschiedlicher Editierungseffizienzen wurden Kriterien für das jeweils passende sgRNA-Design aufgestellt (BRUEGMANN et al. 2019). Da Cas9 für einige Gene nicht geeignet ist, wurden am Institut 2022 Genomeditierungen mit einer anderen Cas-Nuklease (Cas12a, ehemals als Cpf1 bezeichnet) in *P. × canescens* durchgeführt, wobei spezielle Editierungsmuster identifiziert wurden. Weitergehende, darauf aufbauende Techniken rücken zunehmend in den Fokus. Beispielsweise wird im BMEL-/FNR-Forschungsprojekt „TreeEdit“ die Funktionsfähigkeit von Methoden zum präzisen Einbau bzw. Austausch von Sequenzen durch Homologie-abhängige Reparaturmechanismen untersucht.

Die Forschungsarbeiten sind begleitet von wichtigen Aspekten der Sicherheits- und Risikoforschung. Daher werden genomeditierte Pflanzen auf unbeabsichtigte Editierungen, sogenannte *Off-Target*-Effekte, untersucht und Protokolle zum Nachweis von Genomeditierungen erarbeitet. Nach bisherigen Erkenntnissen anhand von DNA-Sequenzierungen infrage kommender Genorte sind zielspezifische Genomeditierungsansätze sehr exakt, sodass *Off-Target*-Effekte äußerst selten auftreten.

In einem abgeschlossenen Projekt zur DNA-freien Genomeditierung wurden spezielle Methoden untersucht, die auf rekombinanten Proteinen als Ribonukleotidprotein-Komplexe (RNPs) basieren. Der Einbau von artfremder Erbinformation wird auf diesem Wege grundsätzlich ausgeschlossen (BRÜGMANN und FLADUNG 2019). Die RNPs wurden erfolgreich in unterschiedliche Zelltypen von Pappeln (*P. xcanescens* und *P. tremula* × *P. tremuloides*) und Modellorganismen wie Tabak (*Nicotiana tabacum*) eingeschleust. Der Nachweis einer Genomeditierung durch RNPs steht noch aus.

Ein weiterer Ansatz hinsichtlich Biosicherheitsaspekten ist die Verwendung von Nickasen anstelle von Nukleasen. Nickasen lösen DNA-Einzelstrangbrüche aus, die im Gegensatz zu von Nukleasen ausgelösten DNA-Doppelstrangbrüchen mit deutlich höherer Wahrscheinlichkeit fehlerfrei repariert werden (FAUSER et al. 2014). Eine Genomeditierung wird nur dann ausgelöst, wenn zwei Nickasen an gegensätzlichen DNA-Einzelsträngen in definiertem Abstand zueinander platziert werden (RAN et al. 2013). Weil nur beim Zusammentreffen der beiden Zielregionen eine Editierung auftritt und gleich zwei sgRNAs zur Zieldeterminierung über die Editierung entscheiden, sind *Off-Target*-Editierungen technisch praktisch ausgeschlossen. Die Nickase-vermittelten Editierungen führten zu Deletionen größerer DNA-Bereiche zwischen den beiden sgRNA-Sequenzen, was mit klassischen, Cas9-vermittelten Editierungen nicht erreicht wurde.

Während Genomeditierungen in Pappeln (*P. xcanescens*, *P. tremula*, *P. tremula* × *P. tremuloides*) effizient funktionieren, wurden Genomeditierungstechniken in europäischen Waldbaumarten im engeren Sinne bislang nicht getestet. Im laufenden Projekt „TreeEdit“ werden Forschungen zur Editierung der Rotbuche (*Fagus sylvatica*) angestrengt. Dabei werden drei, zur Etablierung grundlegende Schritte durchgeführt: *in vitro*-Kultivierung, genetische Transformation und CRISPR/Cas-Editierung. Die *in vitro*-Kultivierung hat erste Erfolge gezeigt, sodass Pflanzenmaterial für die genetische Transformation und die nachgeschaltete Editierung zur Verfügung steht. Außerdem wird anhand bestehender *in vitro*-Kulturen die Editierbarkeit von Gemeiner Esche (*Fraxinus excelsior*), Stieleiche (*Quercus robur*) und dem Chinesischen Götterbaum (*Ailanthus altissima*) geprüft.

Referenzen

- BOCH J, SCHOLZE H, SCHORNACK S, LANDGRAF A, HAHN S, KAY S, LAHAYE T, NICKSTADT A, BONAS U (2009) Breaking the code of DNA binding specificity of TAL-type III effectors. *Science* 326: 1509–1512. doi:10.1126/science.1178811
- BRUEGMANN T, DEECKE K, FLADUNG M (2019) Evaluating the Efficiency of gRNAs in CRISPR/Cas9 Mediated Genome Editing in Poplars. *IJMS* 20: 3623. doi:10.3390/ijms20153623
- BRÜGMANN T, FLADUNG M (2019) Genom-Editierung in Bäumen. *AFZ-DerWald*: 16–18
- BMEL [Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft] (Hrsg) (2022) Ergebnisse der Waldzustandserhebung 2021. <https://www.bmel.de/SharedDocs/Downloads/DE/Broschueren/ergebnisse-waldzustandserhebung-2021.pdf>
- FAUSER F, SCHIML S, PUCHTA H (2014) Both CRISPR/Cas-based nucleases and nickases can be used efficiently for genome engineering in *Arabidopsis thaliana*. *The Plant journal* 79: 348–359. doi:10.1111/tpj.12554
- FLADUNG M (2021) Targeted CRISPR/Cas9-Based Knock-Out of the Rice Orthologs *TILLER ANGLE CONTROL 1 (TAC1)* in Poplar Induces Erect Leaf Habit and Shoot Growth. *Forests* 12: 1615. doi:10.3390/f12121615
- JINEK M, CHYLINSKI K, FONFARA I, HAUER M, DOUDNA JA, CHARPENTIER E (2012) A programmable dual-RNA-guided DNA endonuclease in adaptive bacterial immunity. *Science (New York, N.Y.)* 337: 816–821. doi:10.1126/science.1225829
- MÜLLER NA, KERSTEN B, LEITE MONTALVÃO AP, MÄHLER N, BERNHARDSSON C, BRÄUTIGAM K, CARRACEDO LORENZO Z, HOENICKA H, KUMAR V, MADER M, PAKULL B, ROBINSON KM, SABATTI M, VETTORI C, INGVARSSON PK, CRONK Q, STREET NR, FLADUNG M (2020) A single gene underlies the dynamic evolution of poplar sex determination. *Nat. Plants* 6: 630–637. doi:10.1038/s41477-020-0672-9
- RAN FA, HSU PD, LIN C-Y, GOOTENBERG JS, KONERMANN S, TREVINO AE, SCOTT DA, INOUE A, MATOBA S, ZHANG Y, ZHANG F (2013) Double nicking by RNA-guided CRISPR Cas9 for enhanced genome editing specificity. *Cell* 154:1380–1389. doi:10.1016/j.cell.2013.08.021
- SHUKLA VK, DOYON Y, MILLER JC, DEKELVER RC, MOEHLE EA, WORDEN SE, MITCHELL JC, ARNOLD NL, GOPALAN S, MENG X, CHOI VM, ROCK JM, WU Y-Y, KATIBAH GE, ZHIFANG G, MCCASKILL D, SIMPSON MA, BLAKESLEE B, GREENWALT SA, BUTLER HJ, HINKLEY

SJ, ZHANG L, REBAR EJ, GREGORY PD, URNOV FD (2009) Precise genome modification in the crop species *Zea mays* using zinc-finger nucleases. *Nature* 459: 437–441. doi:10.1038/nature0792

Autorinnen und Autoren

TOBIAS BRÜGMANN, VIRGINIA ZAHN, ALEXANDER FENDEL, STEFAN ZEBBEDIEN, ALICE-JEANNINE SIEVERS, MATTHIAS FLADUNG
Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf
Kontakt: tobias.bruegmann@thuenen.de

DIRK BECKER
Universität Hamburg, Molekulare Pflanzengenetik, Ohnhorststraße 18, 2609 Hamburg

Etablierung einer stabilen *in vitro*-Kultur für *Fagus sylvatica* – Ein erster Schritt hin zur Genomeditierung in Buchen

VIRGINIA ZAHN, ALICE-JEANNINE SIEVERS, MATTHIAS FLADUNG, TOBIAS BRÜGMANN

Als dominante Laubbaumart der natürlichen Vegetation Mitteleuropas ist die Rotbuche (*Fagus sylvatica*) ein wichtiger Bestandteil des Ökosystems Wald und somit ein treibender wirtschaftlicher Faktor (ELLENBERG 1996; HOUSTON DURRANT et al. 2016). In Deutschland ist die Rotbuche mit 15,4 % die flächenmäßig häufigste Laubbaumart (THÜNEN-INSTITUT 2012). Doch aufgrund klimatischer Veränderungen steht *F. sylvatica* in deutschen Wäldern vor großen Herausforderungen.

Bereits heute kommt es durch den global stattfindenden Klimawandel zum vermehrten Auftreten von Extremwetterlagen (IPCC 2022). Auch in Deutschland werden Hitze- und Dürreperioden mit hoher Wahrscheinlichkeit zu einem regelmäßig auftauchenden Wetterphänomen (UBA 2021). Die Kombination aus hohen Temperaturen und zunehmenden Perioden von Trockenheit während der Vegetationsperiode führt zu einer hohen Belastung für europäische Waldbestände (IPCC 2022). Baumarten wie die Buche, die sensitiv auf eine geringe Wasserverfügbarkeit reagieren, können unter diesen Bedingungen an Vitalität und Konkurrenzfähigkeit verlieren (GEIBER et al. 2007; LEUSCHNER 2020). Bestätigt wurde diese Prognose nach den Hitzesommer 2018/19, zu deren Langzeitfolgen eine verminderte Wachstumsrate, eine erhöhte Schadanfälligkeit sowie Mortalitätsrate bei *F. sylvatica* gehörten (FREI et al. 2022; NEYCKEN et al. 2022).

Mit Hilfe moderner biotechnologischer Verfahren wie der Genomeditierung kann die genetische Grundlage von Merkmalen durch Genfunktionsanalysen untersucht werden. Hierbei wird zum Beispiel durch gezielte Mutation des zu untersuchenden Gens ein Knock-out erzielt, innerartliche Genvarianten gegeneinander ausgetauscht oder diese zusätzlich integriert.

Erhaltene Pflanzen werden anschließend phänotypisch analysiert. Das gewonnene Wissen kann die Selektion auf Pflanzgut mit dem gewünschten Merkmal beschleunigen und eine präzisere Prognose über die Reaktion vorhandener Bestände auf Stressoren ermöglichen. Die Genomeditierung kann somit, wenn etabliert und angewendet, einen Beitrag zur Steigerung der Widerstandsfähigkeit der Buche gegen den Klimawandel leisten.

Eine wesentliche Voraussetzung für die Genomeditierung und die spätere Vermehrung geeigneter Genotypen ist ein effizientes *in vitro*-System, welches sich gerade bei holzigen Pflanzen häufig als Bottleneck herausstellt (BENSON 2020). Dies trifft aufgrund ihrer Rekalzitranz gegenüber der *de novo*-Organogenese auch auf *Fagus sylvatica* zu (VIEITEZ et al. 1993). Um eine mögliche genetische Veranlagung für die *in vitro*-Kultur zu prüfen, wurden verschiedene Buchengenotypen aus dem gesamten europäischen Verbreitungsgebiet über wachstumsaktive Sprosse in die Gewebekultur übertragen (Herkunftsversuche von M. FORSTREUTER, Freie Universität Berlin, und M. LIESEBACH, Thünen-Institut für Forstgenetik, Großhansdorf). Es wurden keine Zusammenhänge zwischen der geographischen Herkunft und der *in vitro*-Kultivierbarkeit gefunden. Auch ein Zusammenhang der *in vitro* Kultivierbarkeit zum Alter der Bäume (3-24 Jahre) konnte nicht bestätigt werden. Jedoch war der Erntezeitpunkt von entscheidender Bedeutung für die Sprossaustrieb *in vitro* (unveröffentlicht).

Neben der direkten Überführung von Sprossen aus Freilandmaterial wurden aus Bucheckern gezogene Sämlinge in die *in vitro*-Kultur überführt. Für diese wurden Kulturmedien mit unterschiedlichen Phytohormonzusätzen getestet. Es konnte ein Überführungsmedium mit einer Austriebsrate von 90 % nach 4 Wochen Kultur sowie ein vielversprechendes Sprosselongationsmedium ermittelt werden (unveröffentlicht). Das Verfahren ermöglicht die Gewinnung von *in vitro*-Ausgangsmaterial, u. a. für weiterführende Versuche zur Genomeditierung.

Erste Schritte zur erfolgreichen Genomeditierung bei der Buche sollen über die genetische Transformation erfolgen, die mittels *Agrobacterium tumefaciens*, Partikelkanone oder PEG-vermittelt mit Protoplasten durchgeführt werden sollen. Hierbei sollen optische Markersysteme, wie dem GUS- oder RUBY-Markensystem,

übertragen und getestet werden. Um weiteres Ausgangsmaterial für die Transformationsversuche zu generieren, wurden Keimlingen verschiedene Gewebe für die Kallusinduktion entnommen. Von diesen erwies sich das Hypokotyl als das Gewebe mit der höchsten Kallusinduktionsrate. Des Weiteren werden für die Optimierung der Protoplastenisolation aus Blättern die Herkunft des Ausgangsmaterials, Dauer des Enzymverdau sowie die Art der Aufreinigung getestet. Schließlich wird die *in planta*-Transformation von Rotbuchsensämlingen als Möglichkeit, die *in vitro*-Kultur zu umgehen, getestet.

Nach erfolgreicher Etablierung der genetischen Transformation ist die Genomeditierung der Buche mittels des CRISPR/Cas-Systems geplant. Hierbei soll der Einfluss von Genen, die in Hinblick auf die Trockenstresstoleranz zuvor in Pappeln getestet wurden, bei der Buche geprüft werden. Diese Analysen sollen zu einem verbesserten Verständnis der Trockenstressantwort der Buche beitragen, um eine genetische Grundlage für die Identifikation und Selektion klimawandelangepasster Buchen zu liefern.

Referenzen

- ELLENBERG H (1996): Vegetation Mitteleuropas mit den Alpen, 5th edn. Ulmer, Stuttgart, Germany, p 1095
- HOUSTON DURRANT T, DE RIGO D, CAUDULLO G (2016): *Fagus sylvatica* and other beeches in Europe: distribution, habitat, usage and threats. In: SAN-MIGUEL-AYANZ J, DE RIGO D, CAUDULLO G, HOUSTON DURRANT T, MAURI A (Eds.), European Atlas of Forest Tree Species. Publ. Off. EU, Luxembourg, pp. e012b90+
- Thünen-Institut (2022): Dritte Bundeswaldinventur. Ergebnisdatenbank, <https://bwi.info>, Aufruf am: 28.11.2022, Auftragskürzel: 77Z1JI_L235of_2012_bi, Archivierungsdatum: 2014-6-10 16:7:59.927, 1.04 Waldfläche (gemäß Standflächenanteil) [ha] nach Land und Baumartengruppe (rechnerischer Reinbestand), Filter: Jahr=2012
- IPCC (2022): Climate Change 2022: Impacts, Adaptation and Vulnerability. Contribution of Working Group II to the Sixth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change
- UBA [Umweltbundesamt] (2021): CLIMATE CHANGE 26/2021. Ressortforschungsplan des Bundesministeriums für Umwelt, Naturschutz und nukleare Sicherheit. Klimawirkungs- und Risikoanalyse 2021 für Deutschland (Kurzfassung).
- VIEITEZ AM, FERRO EM, BALLESTER A (1993): Micropropagation of *Fagus sylvatica*. In Vitro Cell. Dev. Biol. 29: 183-188
- BENSON E E (2000): *In vitro* Plant Recalcitrance: An Introduction. In Vitro Cellular & Developmental Biology. Plant, 36 (3): 141–148. <http://www.jstor.org/stable/4293329>
- FREI ER, GROSSNER MM, VITASSE Y et al. (2022): European beech dieback after premature leaf senescence during the 2018 drought in northern Switzerland. Plant Biology, 24 (7): 1132-1145. <https://doi.org/10.1111/plb.13467>
- NEYCKEN A, SCHEGGIA M, BIGLER C, LEVESQUE M (2022): Long-term growth decline precedes sudden crown dieback of European beech. Agricultural and Forest Meteorology 324. <https://doi.org/10.1016/j.agrformet.2022.109103>

Autorinnen und Autoren

VIRGINIA ZAHN, ALICE-JEANNINE SIEVERS, MATTHIAS FLADUNG, TOBIAS BRÜGMANN
Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf
Kontakt: virginia.zahn@thuenen.de

Identifizierung von Inter-SINE Amplified Polymorphism Markern in der Filial-Generation gelenkter Kreuzungen von *Populus tremula*

BIRGIT REICHE, MARIE BRÜCKNER, BEATRICE WEBER, UTE TRÖBER, TONY HEITKAM, HEINO WOLF, DORIS KRABEL

Zusammenfassung

Die eindeutige Identifizierung von Pflanzenmaterial bildet die Grundlage für eine erfolgreiche Züchtungs- und Forschungsarbeit an krautigen und holzigen Pflanzen. Hierfür reichen morphologische Merkmale häufig nicht aus, sodass eine umfassende Charakterisierung und Identifizierung des Ausgangsmaterials sowie des erzeugten Vermehrungsguts ausschließlich auf molekularer Ebene erfolgen kann. Durch ihre disperse Verbreitung im Genom und ihre hohe Kopienanzahl sind Short Interspersed Nuclear Elemente (SINEs) besonders geeignet für die Ableitung von genomischen Markern. In zwei Verbundprojekten wurde die Übertragbarkeit des an der Kartoffel etablierten Inter-SINE Amplified Polymorphism- (ISAP-) Markersystems auf Baumarten der Familien *Salicaceae* und *Pinaceae* untersucht. Dabei konnten die Praktikabilität, die Reproduzierbarkeit sowie die Eignung zur Differenzierung von Genotypen und zur Erfassung der genetischen Variabilität von Populationen auf Grundlage der erzeugten Fingerprints belegt werden.

Durch die Untersuchung einer gelenkten Kreuzung von *Populus tremula* soll nun die Weitergabe von SINE-Kopien an die Filialgeneration und somit die Eignung der ISAP-Marker zum Erkennen von Verwandtschaftsbeziehungen und Stammbaumanalysen untersucht werden. Die molekulare Charakterisierung des Ausgangsmaterials für generatives und vegetatives Vermehrungsgut trägt maßgeblich zur Bestimmung des Hybridstatus sowie zur systematischen Zuordnung von unbekanntem Pflanzenmaterial und somit zur Verifizierung von Forstvermehrungsgut bei.

1 Einleitung

In den vergangenen Jahren wurden die auf Retrotransposons basierenden Inter-SINE Amplified Polymorphism (ISAP-) Marker hinsichtlich ihrer Eignung zur Genotypisierung von Pflanzenmaterial intensiv untersucht (DIEKMANN et al. 2017; REICHE et al. 2021; SEIBT et al. 2012; SORMIN 2021; WENKE et al. 2015). Grundlage für das Markersystem bilden Short Interspersed Nuclear Elements (SINEs), die in hoher Kopienzahl dispers im Genom von Eukaryoten verbreitet sind. Durch ihren mobilen Charakter und die Ausbreitung durch einen Copy-Paste-Mechanismus, wächst die Anzahl der vorhandenen SINE-Kopien mit jedem Transpositionereignis stetig an. Die bioinformatische Erfassung und Charakterisierung von SINE-Kopien erlaubt anhand von Sequenzähnlichkeiten die Identifizierung einer Familienstruktur. Weiterhin können durch die Erfassung der Kopienzahlen und Identitätswerte (Ähnlichkeiten der Mitglieder zur Konsensussequenz) Rückschlüsse auf die Aktivität der entsprechenden Familie gezogen werden. Beispielsweise deuten hohe Kopienzahlen auf hochaktive Kandidaten hin, hohe Identitätswerte legen die Vermutung nahe, dass die Transkription und Insertion in jüngerer Vergangenheit stattgefunden haben, während ältere Kopien Mutationen aggregieren, die zu einer Abweichung von der Konsensussequenz führen und sich in einem niedrigen Identitätswert widerspiegeln.

Durch die Anwendung von SINE-spezifischen Primern können genotypenspezifische Fingerprints erzeugt werden. Aufgrund der Einfachheit der Methodik besitzen die Marker einige Vorzüge bei der Verifizierung und Identifizierung von Sorten und Klonen. Wie im Verbundprojekt TreeSINE am Beispiel der Pappel gezeigt wurde, können, im Unterschied zur Mikrosatelliten-Analyse, mit einer einzelnen ISAP-Primerkombination 24 Genotypen eindeutig voneinander differenziert werden. Da die amplifizierten PCR-Produkte in einem Agarose-Gel aufgetrennt werden können, eignet sich die Methodik besonders für Institutionen mit Standardlaborausstattung. Vor allem bei der Untersuchung von Klon- und Sortenmaterial ist es besonders wichtig, die Reproduzierbarkeit der resultierenden Fingerprints zu überprüfen. Hierfür wurden biologische Replikate (mehrere Rameten eines

Klons; Abb. 1 Panel A) sowie verschiedene Gewebetypen desselben Individuums untersucht (Abb. 1 Panel B). Zusätzlich wurden ausführliche Ringtests (dieselben Proben und Marker) in verschiedenen Laboren durchgeführt (Abb. 1 Panel C). In allen Untersuchungen wurde die hohe Reproduzierbarkeit der ISAP-Fingerprints nachgewiesen.

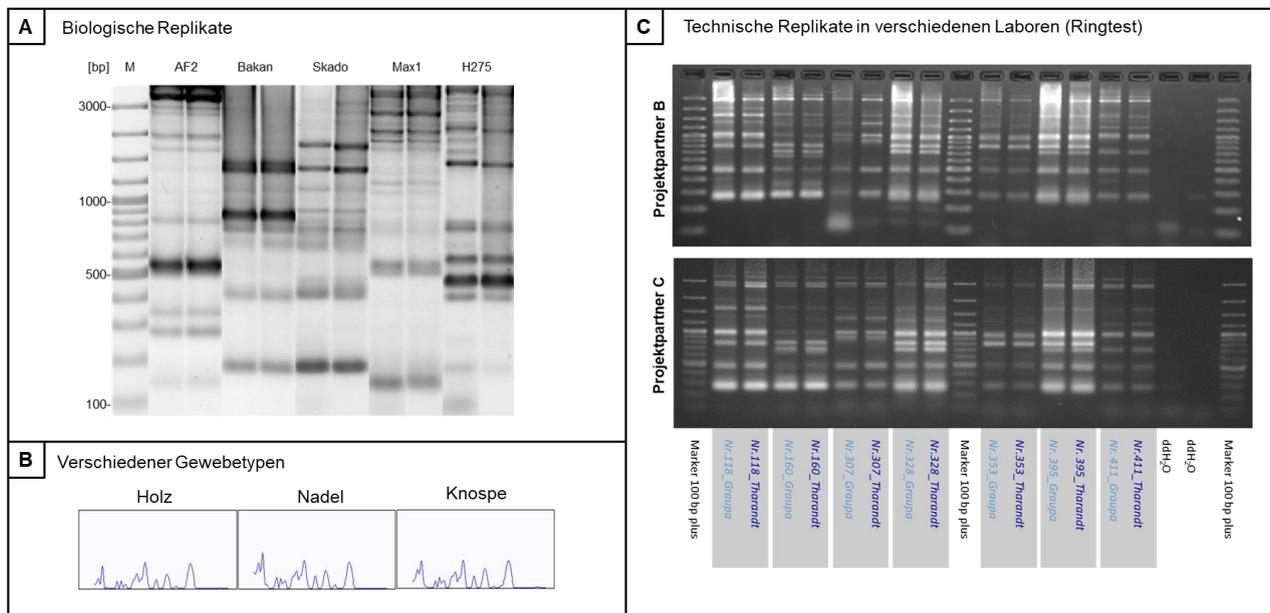


Abb 1: Tests zur Reproduzierbarkeit von ISAP-Fingerprints. Panel A: Testung von Rameten verschiedener Pappelgenotypen (AF2, Bakan, Skado, Max3 und H275), M= Größenstandard 100bp+ (Thermo Fisher). Panel B: Elektropherogramme einer Primerkombination zur Testung der Stabilität von Fingerprints in verschiedenen Gewebetypen (Holz, Nadeln, Knospe) eines Individuums von *P. abies*. Panel C: Ringtest zur Überprüfung der Reproduzierbarkeit in verschiedenen Laboren der Projektpartner B (Tharandt) und C (Graupa). Beschriftungen unterhalb der Gelbilder beinhalten den Genotypen und den Ort der PCR. Beschriftungen links an den Agarosegelen geben das Labor der Geldokumentation an. Die erste und die letzte Spur enthalten den Größenstandard.

Die Fähigkeit von Pappeln, über ihre Artgrenzen hinaus fertile Nachkommen zu produzieren (ECKENWALD 1996), die häufig in ihren Eigenschaften den Kreuzungseltern überlegen sind (HU und THOMAS 2019), macht die Gattung bereits seit vielen Jahrzehnten zum Gegenstand intensiver Forschung und Züchtung. Die hohe Wuchseistung und die Möglichkeit der einfachen und schnellen vegetativen Vermehrung machen die Pappel besonders attraktiv für den Anbau auf Flächen, die eine schnelle und stabile Wiederbegrünung erfordern, wie beispielsweise zur Renaturierung von alten Tagebauflächen, zur Befestigung von Uferstreifen (STROWASSER et al. 2021) oder als Vorwald auf Frei- und Kalamitätsflächen (FAUST und SCHIRMER 2020). Durch ihre besonders gute Wiederaustriebsfähigkeit werden sie zudem gern zur (Energie-) Holzgewinnung auf Kurzumtriebsplantagen eingesetzt. Dabei stehen eine schnelle Wuchseistung, gute Holzqualität sowie eine hohe Resistenz gegenüber biotischen (z. B. Insekten- und Pilzbefall) sowie abiotischen (z. B. Trockenheit und Spätfrost) Umwelteinflüssen im Vordergrund bei der Auswahl geeigneter Genotypen (LAUREYSENS 2005; SCHRÖDER und FLADUNG, 2018).

Die Eignung der ISAP-Marker zur Identifizierung und Verifizierung von Genotypen konnte bereits in zwei Projekten sowohl an Laub- als auch an Nadelbäumen gezeigt werden. Zudem gaben Untersuchungen an Fichten Hinweise darauf, dass mit den Markern Verwandtschaftsbeziehungen identifiziert werden können. Wie bei KRAMEROV und VESSETZKY (2011) dargelegt, werden SINE-Kopien an die Nachkommen weitergegeben. Da ISAP-Marker Abschnitte zwischen zwei benachbarten Kopien amplifizieren, kann davon ausgegangen werden, dass die amplifizierten Fragmente der Eltern (zum Teil) auch in der Filialgeneration sichtbar werden. Die Untersuchung

einer gelenkten Kreuzung von *P. tremula* sollte Aufschlüsse zur Vererbung von ISAP-Banden geben. Hierfür wurden Individuen von der Eltern- zur zweiten Filialgeneration untersucht.

22 Ergebnisse

Die DNA-Extraktion erfolgte mit dem innuPrep Plantkit der Firma Analytik Jena nach Herstellerangaben. Zusammensetzung und Ablauf der PCR sowie die Dokumentation der Elektrophorese erfolgten wie bei REICHE et al. (2021) angegeben. In der vorliegenden Untersuchung wurden die Primerkombinationen: SaS-IV1a_for/SaS-IV1b_for angewendet. Das resultierende Gelbild sowie das Kreuzungsschema sind in Abbildung 2 dargestellt.

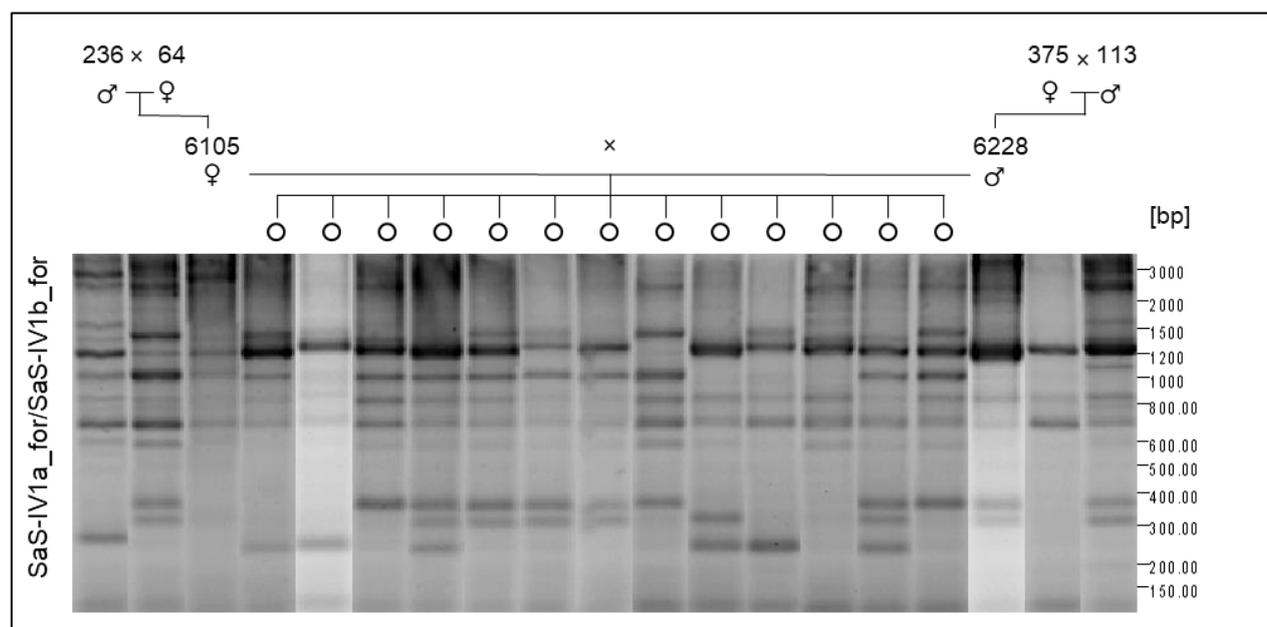


Abb. 2: Kreuzungsschema und Fingerprints einer gelenkten Kreuzung von *Populus tremula*. Die Eltern-, F₁- und F₂-Generation wurden mit der ISAP- Primerkombination SaS-IV_1a_for/SaS-IV1b_for untersucht und im 2%igen Agarose-Gel aufgetrennt. Größenstandard ist rechts neben dem Gelbild in bp angegeben.

Mit der Primerkombination SaS-IV_1a_for/SaS-IV1b_for wurden insgesamt 175 Banden produziert, die 15 verschiedenen Bandenklassen zugeordnet werden konnten. Die Anzahl der Fragmente pro Individuum lag zwischen 4 und 13. Drei Banden (689 bp, 839 bp, 1218 bp) wurden bei allen Individuen amplifiziert, was ein Indiz sein könnte, dass die entsprechenden SINE-Kopien homozygot in allen vier Eltern und somit auch in den Filialgenerationen vorkommen. Die Bande 481 bp wurde ausschließlich in den Elternindividuen 64 und 236 amplifiziert, konnte aber in keinem Individuum der Filialgenerationen detektiert werden. Die SINE-Kopien lagen mutmaßlich jeweils auf nur einem Chromosom vor (heterozygot) und wurden in den F₁-Nachkommen ausgekreuzt.

In der Bandenklasse 264 bp wurde ein Fragment beobachtet, welches jeweils in einem Individuum der Elterngeneration und in neun von 13 Nachkommen der F₂-Generation, jedoch nicht in der F₁-Generation amplifiziert wurde. Dass die SINE-Kopien bis zu einem gewissen Grad vom Konsens abweichen, wurde durch die Berechnung des Identitätswertes nachgewiesen. Es ist daher denkbar, dass die Primerbindungsstellen mutiert sind und die Primer nicht optimal binden. Wenn die entsprechenden SINE-Kopien nur auf einem Chromosom vorhanden sind, könnte die Konzentration der PCR-Produkte zu gering sein, um im Gelbild sichtbar zu werden.

Liegen die Marker jedoch homozygot vor, ist die Konzentration des Amplikons ausreichend, um eine Bande zu erzeugen.

Die Stärke einer Bande lässt keine Rückschlüsse über die Zygocie zu, wie es bei anderen dominanten Markern angenommen wurde (VAN ECK et al. 1995). Dies wird beispielsweise bei der Bande 1218 bp sichtbar. Da sie in allen Individuen vorhanden ist, kann davon ausgegangen werden, dass es sich um einen homozygoten Marker handelt. Die Intensität der Bande variiert jedoch stark zwischen den einzelnen Individuen. Auch hier könnten Mutationen in der Primerbindungsstelle verantwortlich sein. Da die Bande in allen Elternindividuen vorhanden ist, muss die Insertion der entsprechenden SINE-Kopien bereits in gemeinsamen Vorfahren und somit vor längerer Zeit stattgefunden haben. Je länger Insertionen zurückliegen, umso größer ist die Chance, dass sich Mutationen ansammeln (KÖGLER et al. 2020) und Primer nicht mehr optimal binden, was zu einer geringen Konzentration des PCR-Produktes führt (z. B. beim Individuum mit der Zucht Nummer 64).

Durch die Untersuchung der gelenkten Kreuzung konnte ein kleiner Einblick in die Vererbung der ISAP-Bandenmuster gewonnen werden. Zusammenfassend lässt sich sagen, dass Banden der Elterngeneration auch in den Folgegenerationen zu finden sind, jedoch gibt es teilweise deutliche Unterschiede in der Konzentration der Amplikons, die nicht auf Homo- oder Heterozygotie schließen lassen. Um einen besseren Einblick in den Vererbungsprozess der ISAP-Bandenmuster zu bekommen, sind weitere Untersuchungen mit größerem Probenumfang geplant. Zusätzliche Informationen könnten durch die Sequenzierung der Amplifikationsprodukte gewonnen werden.

Referenzen

- DIEKMANN K, SEIBT KM, MUDERS K, WENKE T, JUNGHANS H, SCHMIDT T, DEHMER KJ (2017): Diversity studies in genetic resources of *Solanum* spp. (section *Petota*) by comparative application of ISAP markers. *Genet Resour Crop Evol* 64 (8): 1937–1953. DOI: 10.1007/s10722-016-0484-y.
- ECKENWALD JE (1996): Systematics and evolution of *Populus*. In: STETTLER RF, BRADSHAW HD, HEILMAN PE, HINCKLEY TM (eds.): *Biology of Populus, and its implication for management and conservation*. Ottawa, Ont.: NRC Research Press.
- FAUST K, SCHIRMER R (2020): Hybridpappeln: Mehr als nur KUP und Vorwald. LWF aktuell: 37.
- HU Y, THOMAS B (2019): Hormones and Heterosis in Hybrid Balsam Poplar (*Populus balsamifera* L.). *Forests* 10 (2): 143. DOI: 10.3390/f10020143.
- KÖGLER A, SEIBT KM, HEITKAM T, MORGENSTERN K, REICHE B, BRÜCKNER M, WOLF H, KRABEL D, SCHMIDT T (2020): Divergence of 3' ends as a driver of short interspersed nuclear element (SINE) evolution in the *Salicaceae*. *The Plant journal: for cell and molecular biology* 103 (1): 443–458. DOI: 10.1111/tpj.14721.
- KRAMEROV DA, VASSETZKY NS (2011): SINEs. *Wiley interdisciplinary reviews. RNA* 2 (6): 772–786. DOI: 10.1002/wrna.91.
- LAUREYSENS I, PELLIS A, WILLEMS J, CEULEMANS R (2005): Growth and production of a short rotation coppice culture of poplar. III. Second rotation results. *Biomass and Bioenergy* 29 (1): 10–21. DOI: 10.1016/j.biombioe.2005.02.005.
- REICHE B, KÖGLER A, MORGENSTERN K, BRÜCKNER M, WEBER B, HEITKAM T, SEIBT KM, TRÖBER U, MEYER M, WOLF H, SCHMIDT T, KRABEL D (2021): Application of retrotransposon-based Inter-SINE Amplified Polymorphism (ISAP) markers for the differentiation of common poplar genotypes. *Can. J. For. Res.* 51 (11): 1650–1663. DOI: 10.1139/cjfr-2020-0209.
- SCHRÖDER H, FLADUNG M (2018): Poplar clones differ in their resistance against insects feeding. *Appl Agric Forestry Res* (68): 19–26.
- SEIBT K M, WENKE T, WOLLRAB C, JUNGHANS H, MUDERS K, DEHMER KJ, DIEKMANN K, SCHMIDT T (2012): Development and application of SINE-based markers for genotyping of potato varieties. *TAG* 125 (1): 185–196. DOI: 10.1007/s00122-012-1825-7.
- SORMIN SYM, PURWANTORO A, SETIAWAN AB, TEO CH (2021): Application of inter-SINE amplified polymorphism (ISAP) markers for genotyping of *Cucumis melo* accessions and its transferability in *Coleus* spp. *Biodiversitas* 22 (5). DOI: 10.13057/biodiv/d220557.

STOWASSER A, GERHARDT T, STRATMANN L, WAGENER F, BENTKAMP C (2021): Renaturierung von Gewässern Schriftreihe 2/2021. Ermittlung und ökonomische Analyse der Kosten, Nutzen und Erlöse bei Renaturierung von Gewässern im ländlichen Raum Projekt ElmaR II – Kosten, Nutzen und Erlöse: Abschlussbericht. Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie Freistaat Sachsen.

VAN ECK HJ, VAN DER VOORT JR, DRAAISTRA J, VAN ZANDVOORT P, VAN ENCKEVORT E, SEGERS B, PELEMAN J, JACOBSEN E, HELDER J, BAKKER J (1995): The inheritance and chromosomal localization of AFLP markers in a non-inbred potato offspring. *Mol Breeding* 1 (4): 397–410. DOI: 10.1007/BF01248417.

WENKE T, SEIBT KM, DÖBEL T, MUDERS K, SCHMIDT T (2015): Inter-SINE Amplified Polymorphism (ISAP) for rapid and robust plant genotyping. *Methods in molecular biology* (Clifton, N.J.) 1245: 183–192. DOI: 10.1007/978-1-4939-1966-6_14.

Autorinnen und Autoren

BIRGIT REICHE, DORIS KRABEL

TU Dresden, AG molekulare Gehölzphysiologie, Pienner Straße 19, 01737 Tharandt

Kontakt: birgit.reiche@tu-dresden.de

MARIE BRÜCKNER, UTE TRÖBER, HEINO WOLF

Staatsbetrieb Sachsenforst, Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Str. 34, 01796 Graupa

BEATRICE WEBER, TONY HEITKAM

TU Dresden, Professur für Zell- und Molekularbiologie der Pflanzen, Zellscher Weg 20b, 01062 Dresden

Loop-Mediated Isothermal Amplification (LAMP): Eine einfache und kostengünstige Methode zum DNA-basierten Nachweis von phytopathogenen Pilzen in forstlichem Pflanzenmaterial

KRISTIN MORGENSTERN, JENS-ULRICH POLSTER, DORIS KRABEL

Zusammenfassung

Vorgestellt wird die Loop-Mediated Isothermal Amplification (LAMP)-Technik, eine sensitive und vor allem kostengünstige Alternative zur klassischen Polymerase-Kettenreaktion (PCR). Die Amplifikation der DNA-Abschnitte erfolgt bei konstanter Temperatur von 60 °C - 65 °C und kann in einem einfachen Heizblock oder Wasserbad durchgeführt werden. Basis hierfür ist die Verwendung einer thermostabilen DNA-Polymerase mit hoher Strangverdrängungsaktivität sowie vier bis sechs LAMP-Primern, die an sechs bis acht Regionen der Ziel-DNA binden. Ein weiterer Vorteil der LAMP-Technik ist die einfache Auswertung. Amplifikationsprodukte können beispielsweise mit Fluoreszenzfarbstoffen angefärbt werden und sind so nach der Reaktion direkt unter UV-Licht auswertbar. Das LAMP-Verfahren eignet sich daher besonders für die molekulare Point-of-Care-Diagnostik und Labore ohne PCR-Einrichtung.

Abstract

Loop-Mediated Isothermal Amplification (LAMP): A simple and cost-effective method for DNA-based detection of phytopathogenic fungi in forest plant material

The Loop-Mediated Isothermal Amplification (LAMP) technique, a sensitive and cost-effective alternative to the classical polymerase chain reaction (PCR), is described. It allows the amplification of DNA segments at a constant temperature of 60 °C – 65 °C and can be performed in a simple heating block or water bath. This is achieved by using a thermostable DNA polymerase with high strand displacement activity combined with four to six LAMP primers that bind at six to eight regions of the target DNA. An additional advantage of the LAMP technique is its simple evaluation. As an example, amplification products can be stained with fluorescent dyes and can be evaluated immediately after the reaction under UV light. This makes the LAMP method particularly suitable for molecular point-of-care diagnostics and laboratories without PCR equipment.

1 Einleitung

Phytopathogene Pilze führen weltweit zu erheblichen Ertrags- und Qualitätsverlusten in der Forstpflanzenproduktion und neue, invasive Arten gewinnen in Folge von Klimawandel und Globalisierung zunehmend an Bedeutung. Eine wesentliche Voraussetzung, um das Infektionsrisiko zu verringern und die Ausbreitung von Krankheitserregern beim Handel mit forstlichem Pflanzenmaterial zu reduzieren, ist ein sicherer und frühzeitiger Nachweis von Pflanzenpathogenen, insbesondere in Saatguterntebeständen, Samen und Jungpflanzen.

Die direkte Beobachtung von makroskopischen und mikroskopischen Pilz-Strukturen sowie die Isolierung und Kultivierung von Pathogenen sind klassische Verfahren der Pilz-Diagnostik, die mit einem hohen Zeitaufwand verbunden sind und vor allem bei asymptomatischen Pflanzen schnell an ihre Grenzen stoßen. DNA-basierte Verfahren ermöglichen dagegen eine Untersuchung von beliebigen Proben, ohne auf die Ausbildung von typischen Pilz-Strukturen angewiesen zu sein. Die Verfahren zeichnen sich insgesamt durch eine hohe Sensitivität, Spezifität und Zuverlässigkeit aus und werden bei der Identifizierung forstlich relevanter Pathogene bereits routinemäßig angewendet. Entsprechende Nachweisverfahren stehen beispielsweise für die Erreger der

Dothistroma-Nadelbräune (BARNES et al. 2011), verschiedene Arten der Gattung *Fusarium* (IOOS et al. 2019; LUCHI et al. 2018; SCHWEIGKOFER et al. 2004), *Phytophthora* (IOOS et al. 2006; SCHENA et al. 2008) und *Rhizoctonia* (CATAL 2002; CATAL et al. 2010) sowie für *Hymenoscyphus fraxineus* (T. KOWALSKI) BARAL, QUELOZ & HOSOYA (CHANDELIER et al. 2014; IOOS et al. 2009), *Nothophaeocryptopus gaeumannii* (T. ROHDE) VIDEIRA, C. NAKASH., U. BRAUN & CROUS (WINTON et al. 2002), *Sphaeropsis sapinea* (FR.) DYKO & B. SUTTON (LUCHI et al. 2005; SMITH und STANOSZ 2006) oder *Lophodermium seditiosum* MINTER, STALEY & MILLAR (STENSTRÖM und IHRMARK 2005) zur Verfügung.

Eine immer schnellere und sicherere Identifizierung von Pflanzenpathogenen in unterschiedlichsten Probenmaterialien ist in der DNA-basierten Pilz-Diagnostik nach wie vor von zentraler Bedeutung und treibt die Entwicklung neuer Verfahren und Techniken stetig voran. Gleichzeitig steigt die Nachfrage nach kostengünstigen Modifikationen der Verfahren zur Anwendung am Point-of-Care (POC). Hauptziel ist die Reduzierung des technischen Aufwands bei hinreichender Sensitivität der Analysen. Einen interessanten Ansatz bieten isothermale Verfahren, wie die Loop-Mediated Isothermal Amplification (LAMP)-Technik. Entwickelt wurde die Technik ursprünglich von NOTOMI et al. (2000) zum Nachweis von Hepatitis-B-Viren. Die Grundlagen des Verfahrens sowie einzelne Anwendungsbeispiele werden nachfolgend beschrieben.

2 Loop-Mediated Isothermal Amplification (LAMP)-Technik

2.1 LAMP-Primer-Design

Für die LAMP-Amplifikation werden vier bis sechs Primer benötigt, die an sechs bis acht Regionen der Ziel-DNA binden. In Abbildung 1 sind die LAMP-Primer sowie die Primerbindungsstellen auf der Ziel-DNA schematisch dargestellt. Das Basis-Primerset besteht aus einem inneren Primerpaar (FIP/BIP) und einem äußeren Primerpaar (F3/B3). Eine Besonderheit ist jeweils der Überhang am 5'-Ende des FIP- und BIP-Primers. Der Überhang (F1c am 5'-Ende des FIP-Primers; B1c am 5'-Ende des BIP-Primers) hybridisiert während der Amplifikation mit dem DNA-Strang und bildet DNA-Schleifen, sogenannte Loops. Für jedes Basis-Set können zur Verbesserung der Reaktionsgeschwindigkeit zusätzliche Loop-Primer (LF/LB) abgeleitet werden.

Die Ableitung von LAMP-Primern ist durch die vergleichsweise große Anzahl an Primern sowie der besonderen Struktur der FIP- und BIP-Primer relativ komplex und erfolgt mit spezieller Software wie beispielsweise „PrimerExplorer V5“ (<http://primerexplorer.jp/e/>; Eiken Chemical Co., Ltd.; Tokio, Japan).

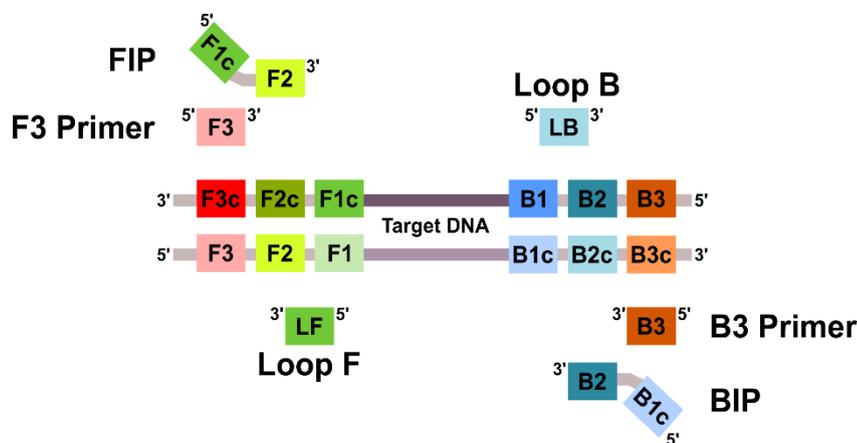


Abb. 1: Schematische Darstellung der LAMP-Primer (FIP/BIP = inneres Primerpaar; F3/B3 = äußeres Primerpaar; LF/LB = Loop-Primerpaar) sowie die Primerbindungsstellen des LAMP-Basis-Sets auf der Ziel-DNA (DNA-Strang 1 = F3-, F2-, F1-Region auf 5'-Seite und B1c-, B2c-, B3c-Region auf 3'-Seite; DNA-Strang 2 = F3c-, F2c-, F1c-Region auf 3'-Seite und B1-, B2-, B3-Region auf 5'-Seite)

2.2 Grundprinzip der LAMP-Amplifikation

Ausgangspunkt für jede LAMP-Amplifikation ist die sogenannte Hantelstruktur der Ziel-DNA, die durch eine gezielte Selbsthybridisierung mithilfe der FIP- und BIP-Primer entsteht. Abbildung 2 beschreibt schematisch die Entstehung der Hantelstruktur. Im ersten Schritt (Abb. 2a) bindet der FIP-Primer am komplementären Abschnitt der Ziel-DNA. Die Synthese des neuen DNA-Strangs erfolgt mittels einer thermostabilen DNA-Polymerase mit hoher Strangverdrängungsaktivität ausgehend vom 3'-Ende des FIP-Primers. Der F3-Primer bindet an der F3c-Region der Ziel-DNA, außerhalb des neu synthetisierten DNA-Stranges mit dem FIP-Primer. Die Polymerase beginnt auch hier, ausgehend vom 3'-Ende des F3-Primers einen neuen Strang zu synthetisieren und verdrängt dabei den DNA-Strang mit dem FIP-Primer (Abb. 2a). Am entstandenen Einzelstrang bindet im nächsten Schritt (Abb. 2b) der BIP-Primer, ein neuer DNA-Strang wird synthetisiert und der B3-Primer bindet an der B3c-Region der Ziel-DNA, außerhalb des DNA-Stranges mit dem BIP-Primer. Durch die Synthese des neuen DNA-Stranges, ausgehend vom 3'-Ende des B3-Primers, wird der DNA-Strang mit dem BIP-Primer verdrängt (Abb. 2b). Auf beiden Seiten des neuen Einzelstranges befinden sich nun komplementäre Sequenzabschnitte (F1-F1c, B1-B1c), die miteinander hybridisieren (Abb. 2c), sodass die LAMP-typische Hantelstruktur entsteht (Abb. 2d). Die gleichen Amplifikationsschritte finden am komplementären DNA-Strang statt (Abb. 2e).

Im weiteren Verlauf der exponentiellen Amplifikation binden FIP- und BIP-Primer sowie die Loop-Primer LF und LB immer wieder an den Hantelstrukturen, wodurch Amplifikationsprodukte mit unterschiedlichen Fragmentlängen gebildet werden, die aus abwechselnd invertierten Wiederholungen der Zielsequenz bestehen.

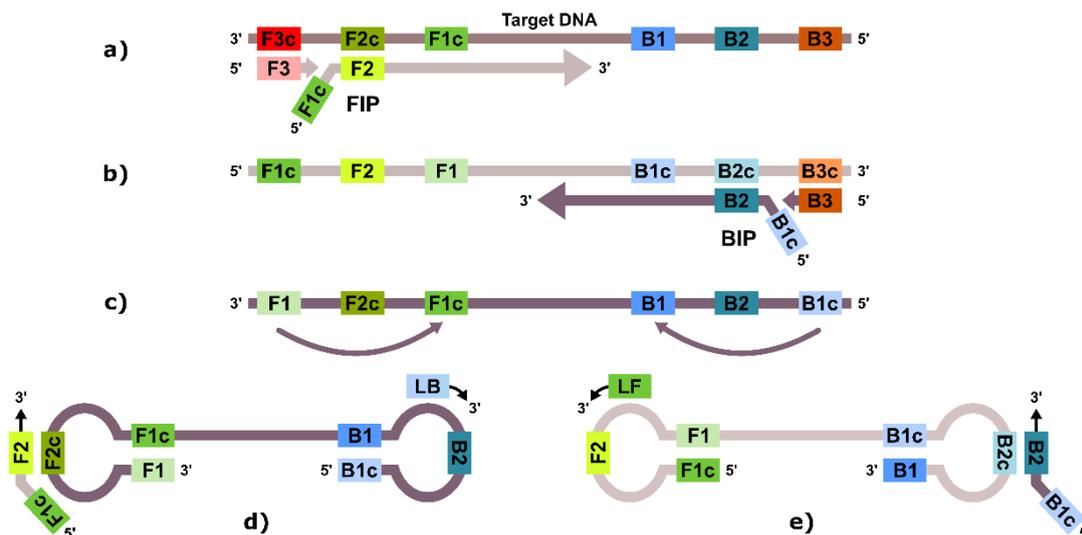


Abb. 2: Schematische Darstellung der LAMP-Amplifikation: Bildung der DNA-Hantelstruktur

3 Praktische Anwendung der LAMP-Technik und Ausblick

Die Etablierung eines LAMP-Assays ist aufwendig und umfasst im Wesentlichen die Analyse von Sequenzdaten des potenziellen Zielorganismus, das LAMP-Primer-Design mittels spezifischer Software sowie umfangreiche Laborarbeiten zur Stabilität, Sensitivität und Spezifität der abgeleiteten LAMP-Primer. Arbeiten, die die Etablierung von LAMP-Assays für Pathogene an krautigen und holzigen Pflanzen detailliert beschreiben, wurden beispielsweise für *Rhabdocline pseudotsugae* SYD. und *N. gaeumannii* (MORGENSTERN et al. 2020, 2021), *H. fraxineus* (HARRISON et al. 2017), *Fusarium graminearum* SCHWABE (NIESSEN und VOGEL 2010), *F. circinatum* NIRENBERG & O'DONNELL (STEHLÍKOVÁ et al. 2020), *Botrytis cinerea* PERS. (TOMLINSON et al. 2010), *Heterobasidion*

irregulare GARBELOTTO & OTROSINA (SILLO et al. 2018) sowie *Xylella fastidiosa* WELLS et al., *Ceratocystis platani* ENGELBRECHT & HARRINGTON und *Phytophthora ramorum* WERRES ET AL. (AGLIETTI et al. 2019) bereits publiziert.

LAMP-Assays zeichnen sich durch eine hohe Sensitivität und Spezifität aus, die mit konventionellen PCR-basierten Nachweisverfahren vergleichbar sind. In Abbildung 3 sind als Beispiel Amplifikationskurven eines LAMP-Assays (Abbildung 3a) und eines TaqMan Real-time PCR-Protokolls zum Nachweis von *N. gaeumannii* dargestellt. Die Sensitivität beider Verfahren wurde mittels einer dezimalen Verdünnungsreihe im Bereich von 0,2 ng/μl bis 2 fg/μl getestet. Mit sinkender DNA-Konzentration nimmt die Reaktionsgeschwindigkeit generell ab. Dennoch können mit beiden Verfahren alle Verdünnungsstufen detektiert werden. Für das etablierte LAMP-Assay liegt die Nachweisgrenze bei einer maximalen Reaktionszeit von 1,5 Stunden damit bei 2 fg/μl *N. gaeumannii*-DNA (MORGENSTERN et al. 2021).

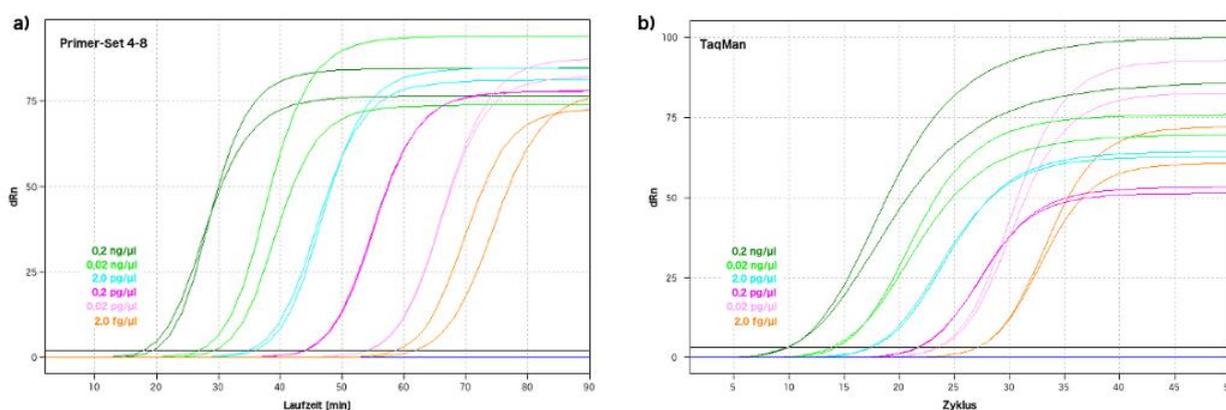


Abb. 3: Amplifikationskurven (qTower³ G touch): Verdünnungsreihe (0,2 ng/μl bis 2 fg/μl) mit synthetischen Nothophaeocryptopus-Fragmenten (LAMP: ITS; TaqMan: *β-Tubulin*-Gen); a) LAMP-Assay (Primer-Set 4-8; Inkubation 1,5 Stunden) und b) TaqMan Real-time PCR (WINTON ET AL., 2002)

Neben der hohen Sensitivität und Spezifität von LAMP-Assays stellt der minimale Geräteaufwand einen weiteren wesentlichen Vorteil bei der Anwendung des Verfahrens dar. LAMP-Assays können grundsätzlich als Single-Tube-Protokoll verwendet werden, sodass nur die zu analysierende Probe zugegeben werden muss. Die Detektion der Amplifikationsprodukte erfolgt über einen Fluoreszenzfarbstoff, der in kommerziell verfügbaren Isothermal Mastermischen (Bsp. GspSSD Isothermal Mastermix; OptiGene Ltd.) bereits enthalten und für die Verwendung mit einem Real-time Cycler oder einem Plattenleser optimiert ist.

Stehen Real-time Cycler oder Plattenleser nicht zur Verfügung kann die LAMP-Reaktion auch in einem einfachen Heizblock oder Wasserbad durchgeführt werden. Für die Auswertung müssen die Amplifikationsprodukte nach der LAMP-Reaktion allerdings zusätzlich angefärbt werden. Zum Nachfärben eignen sind beispielsweise vergleichsweise kostengünstige Fluoreszenzfarbstoffe zum Anfärben von DNA (Bsp. GelRed, Biotium Inc., Fremont, USA). Die Visualisierung der Amplifikationsprodukte erfolgt dann über eine einfache UV-Lampe (Abb. 4).

Zusammengefasst ist die LAMP-Technik ein noch relativ neues Verfahren zur DNA-Amplifikation, was durch die einfache und schnelle Anwendung eine interessante Alternative zur klassischen PCR darstellt. Insbesondere im Bereich Prävention und Pathogen-Diagnostik hat die LAMP-Technik durchaus das Potenzial die PCR zu ersetzen. Die Entwicklung von LAMP-Schnelltests für forstlich relevante Pathogene in Kombination mit einer ebenso einfachen und schnellen Probenvorbereitung und DNA-Aufreinigung kann zukünftig eine einfache Untersuchung von Pflanzenmaterial vor Ort ermöglichen und damit langfristig das Qualitätsmanagement in der Produktion und dem Vertrieb von herkunftsgesichertem Pflanzenmaterial deutlich verbessert.

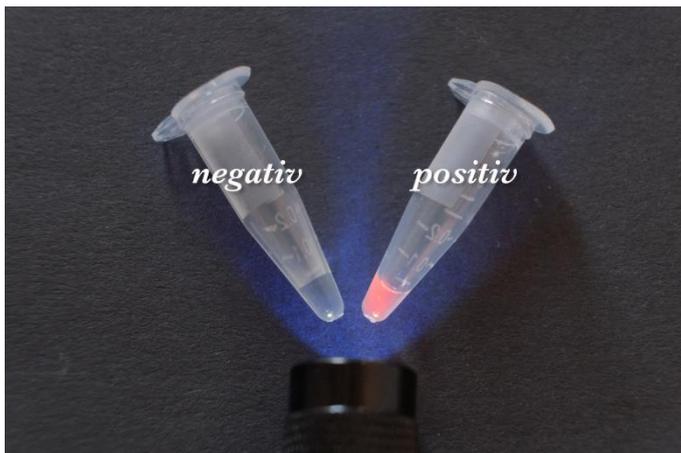


Abb. 4: Auswertung LAMP-Reaktion: Amplifikationsprodukte nach der LAMP-Reaktion mit GelRed (Biotium Inc., Fremont, USA) angefärbt und mit UV-Taschenlampe (Tank007 UV01 1W UV LED 365nm; Tank007 Lighting Inc., Shenzhen, China) visualisiert.

Referenzen

- AGLIETTI C, LUCHI N, PEPORI AL, BARTOLINI P, PECORI F, RAI O A, CAPRETTI P, SANTINI A (2019): Real-time loop-mediated isothermal amplification: An early-warning tool for quarantine plant pathogen detection. *AMB Express*, 9 (1), Art. 1. <https://doi.org/10.1186/s13568-019-0774-9>
- BARNES I, KIRISITS T, WINGFIELD MJ, WINGFIELD BD (2011): Needle blight of pine caused by two species of *Dothistroma* in Hungary. *Forest Pathology*, 41 (5), Art. 5. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0329.2010.00689.x>
- CATAL M (2002). Development and testing of oligonucleotide probes for detection and identification of some fungal pathogens and endophytes of conifers [Dissertation]. Department of Plant Pathology, Michigan State University.
- CATAL M, ADAMS GC, FULBRIGHT DW (2010): Evaluation of resistance to *Rhabdocline* needlecast in Douglas fir variety Shuswap, with quantitative polymerase chain reaction. *Phytopathology*, 100 (4), Art. 4. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-100-4-0337>
- CHANDELIER A, HELSON M, DVORAK M, GISCHER F (2014): Detection and quantification of airborne inoculum of *Hymenoscyphus pseudoalbidus* using real-time PCR assays. *Plant pathology*, 63 (6), Art. 6.
- HARRISON C, TOMLINSON J, OSTOJA-STARZEWSKA S, BOONHAM N (2017): Evaluation and validation of a loop-mediated isothermal amplification test kit for detection of *Hymenoscyphus fraxineus*. *European Journal of Plant Pathology*, 149 (2), Art. 2. <https://doi.org/10.1007/s10658-017-1179-8>
- IOOS R, ALOI F, PIŠKUR B, et al. (2019): Transferability of PCR-based diagnostic protocols: An international collaborative case study assessing protocols targeting the quarantine pine pathogen *Fusarium circinatum*. *Scientific Reports*, 9 (1), Art. 1. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-44672-8>
- IOOS R, KOWALSKI T, HUSSON C, HOLDENRIEDER O (2009): Rapid in planta detection of *Chalara fraxinea* by a real-time PCR assay using a dual-labelled probe. *European Journal of Plant Pathology*, 125 (2), Art. 2. <https://doi.org/10.1007/s10658-009-9471-x>
- IOOS R, LAUGUSTIN L, SCHENCK N, ROSE S, HUSSON, C, FREY P (2006): Usefulness of single copy genes containing introns in *Phytophthora* for the development of detection tools for the regulated species *P. ramorum* and *P. fragariae*. *European Journal of Plant Pathology*, 116 (2), Art. 2. <https://doi.org/10.1007/s10658-006-9051-2>
- LUCHI N, CAPRETTI P, SURICO G, ORLANDO C, PAZZAGLI M, PINZANI P (2005): A Real-Time Quantitative PCR Assay for the Detection of *Sphaeropsis sapinea* from Inoculated *Pinus nigra* Shoots. *Journal of Phytopathology*, 153 (1), Art. 1. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0434.2004.00924.x>
- LUCHI N, PEPORI AL, BARTOLINI P, IOOS R, SANTINI A (2018): Duplex real-time PCR assay for the simultaneous detection of *Caliciopsis pinea* and *Fusarium circinatum* in pine samples. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 102 (16), Art. 16. <https://doi.org/10.1007/s00253-018-9184-1>

- MORGENSTERN K, POLSTER J-U, KRABEL D (2021): Entwicklung von Methoden zur Qualitätssicherung von forstlichem Vermehrungsgut am Beispiel der Douglasie; Teilvorhaben 3: Detektion der Rostigen Douglasenschütte (loop-mediated isothermal amplification): Schlussbericht zum Vorhaben: Laufzeit: 01.09.2017 bis 28.02.2021 [Schlussbericht BMEL]. Technische Universität Dresden; Professur für Forstbotanik.
<https://www.tib.eu/de/suchen/id/TIBKAT%3A1783537205>
- MORGENSTERN K, POLSTER J-U, RÖDEL P, SCHÜTZEL P, REICHE B, KRABEL D (2020). Phytopathogene Pilze in der forstlichen Pflanzenzucht – Entwicklung von DNA-basierten Schnelltests zur Qualitätssicherung bei der Forstpflanzenproduktion. Thünen Report 76: 81-93.
- NIESSEN L, VOGEL RF (2010): Detection of *Fusarium graminearum* DNA using a loop-mediated isothermal amplification (LAMP) assay. *International Journal of Food Microbiology*, 140 (2–3), Art. 2–3.
<https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2010.03.036>
- NOTOMI T, OKAYAMA H, MASUBUCHI H, YONEKAWA T, WATANABE K, AMINO N, HASE T. (2000): Loop-mediated isothermal amplification of DNA. *Nucleic Acids Research*, 28 (12), Art. 12. <https://doi.org/10.1093/nar/28.12.e63>
- SCHENA L, DUNCAN JM, COOKE DEL (2008): Development and application of a PCR-based ‘molecular tool box’ for the identification of *Phytophthora* species damaging forests and natural ecosystems. *Plant Pathology*, 57 (1), Art. 1.
<https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2007.01689.x>
- SCHWEIGKOFER W, O’DONNELL K, GARBELOTTO M. (2004): Detection and Quantification of Airborne Conidia of *Fusarium circinatum*, the Causal Agent of Pine Pitch Canker, from Two California Sites by Using a Real-Time PCR Approach Combined with a Simple Spore Trapping Method. *Applied and Environmental Microbiology*, 70 (6), Art. 6.
<https://doi.org/10.1128/AEM.70.6.3512-3520.2004>
- SILLO F, GIORDANO L, GONTHIER P (2018): Fast and specific detection of the invasive forest pathogen *Heterobasidion irregulare* through a Loop-mediated isothermal AMplification (LAMP) assay. *Forest Pathology*, 48 (2), Art. 2.
<https://doi.org/10.1111/efp.12396>
- SMITH DR, STANOSZ G R (2006): A Species-Specific PCR Assay for Detection of *Diplodia pinea* and *D. scrobiculata* in Dead Red and Jack Pines with Collar Rot Symptoms. *Plant Disease*, 90 (3), Art. 3. <https://doi.org/10.1094/PD-90-0307>
- STEHLÍKOVÁ D, LUCHI N, AGLIETTI C, PEPORI AL, DIEZ JJ, SANTINI A (2020): Real-time loop-mediated isothermal amplification assay for rapid detection of *Fusarium circinatum*. *BioTechniques*, 69 (1), Art. 1. <https://doi.org/10.2144/btn-2019-0168>
- STENSTRÖM E, IHRMARK K (2005): Identification of *Lophodermium seditiosum* and *L. pinastri* in Swedish forest nurseries using species-specific PCR primers from the ribosomal ITS region. *Forest Pathology*, 35 (3), Art. 3.
<https://doi.org/10.1111/j.1439-0329.2005.00398.x>
- TOMLINSON JA, DICKINSON MJ, BOONHAM N (2010): Detection of *Botrytis cinerea* by loop-mediated isothermal amplification. *Letters in Applied Microbiology*, 51 (6), Art. 6. <https://doi.org/10.1111/j.1472-765X.2010.02949.x>
- WINTON LM, STONE J K, WATRUD L S, HANSEN EM (2002): Simultaneous One-Tube Quantification of Host and Pathogen DNA with Real-Time Polymerase Chain Reaction. *Phytopathology*, 92 (1), Art. 1.
<https://doi.org/10.1094/PHYTO.2002.92.1.112>

Autorinnen und Autor

KRISTIN MORGENSTERN, JENS-ULRICH POLSTER, DORIS KRABEL

Technische Universität Dresden/Fakultät Umweltwissenschaften/ Institut für Forstbotanik und Forstzoologie/
Arbeitsgruppe Molekulare Gehölzphysiologie, Piener Straße 7, 01737 Tharandt

Kontakt: Kristin.Morgenstern@tu-dresden.de

Mit RNA-Interferenz (RNAi) gegen Krankheitserreger und Schadinsekten?

MATTHIAS FLADUNG, KIRAN SINGEWAR

Zusammenfassung

Im Zuge des fortschreitenden Klimawandels und der damit verbundenen Ausbreitung von Schädlingen wie Insekten und Pilze sind neue, unkonventionelle Strategien erforderlich, um Waldschädlinge zu bekämpfen. Eine Möglichkeit, Waldbäume schnell und effektiv gegen Insekten und Krankheitserreger zu schützen, ist die Anwendung der sogenannten RNA-Interferenz (RNAi). Die RNAi basiert auf der Ausbringung einer doppelsträngigen RNA (dsRNA), die sequenzhomolog zu einem lebenswichtigen Gen des Schädlings ist und dieses in der Ausprägung hemmt, was in Konsequenz zum Absterben des Schädlings führt. Wir haben die RNAi beim Schwammspinner *Lymantria dispar* (Lepidoptera: Lymantriidae), einem wichtigen Waldschädling, getestet. Hierzu haben wir dsRNAs für sieben Kandidatengene entwickelt und auf zwei verschiedene Arten (ektopisch und Fütterung) ausgebracht. Die ektopische Anwendung von drei dsRNAs zeigte keine Mortalität, führte aber zu einer verzögerten Entwicklung der Larven. Die dsRNA-Fütterung über künstliche Nahrung zeigte keinen Einfluss auf die Entwicklung der Larven. Die Gründe hierfür liegen vermutlich in einem sehr schnellen dsRNA-Abbau durch endogene Nucleasen, was die Verwendung einer anderen Formulierung der dsRNA (z.B. Nanopartikel, Lipidverkapselung) nahelegt. Auch müssen noch weitere Kandidatengene in Hinblick auf ihre Wirkung getestet werden. Zusammengefasst hat die Anwendung der RNAi ein großes Potenzial in der Schädlingsbekämpfung. Zukünftige Forschungsschwerpunkte sollten auf weitere, für dsRNA geeignete Gene und/oder auf die Optimierung der Methode der dsRNA-Ausbringung gelegt werden.

Abstract

With RNA interference (RNAi) against pathogens and insect pests?

Climate change is altering the seasonal interplay between long-lived trees and pests. Changing temperatures and prolonged droughts can allow pests such as insects and fungi to colonize new habitats, leading to outbreaks of disease in previously unaffected forests. Conventional forest management strategies face huge challenges, as they are often unable to control severe outbreaks, which occur over a short period. Therefore, new unconventional strategies are required to control forest pests. One way to quickly and effectively protect forest trees against insects and pathogens is to use so-called RNA interference (RNAi). RNAi is based on the release of a double-stranded RNA (dsRNA) that is sequence-homologous to a vital gene of the pest and inhibits its expression, consequently leading to the pest's death. We tested RNAi in the gypsy moth *Lymantria dispar* (Lepidoptera: Lymantriidae), an important forest pest. To do this, we developed dsRNAs for seven candidate genes and delivered them in two different ways (ectopic and feeding). Ectopic application of the dsRNAs resulted in no mortality but delayed larval development. The dsRNA feeding via the artificial diet showed no influence on the development of the larvae. The reasons for this probably lie in a very rapid dsRNA degradation by endogenous nucleases, which suggests the use of a different dsRNA formulation (e.g., nanoparticles, lipid encapsulation). In summary, the application of RNAi has great potential in pest control. Future research should focus on new genes selected for dsRNA and/or on optimizing the method of dsRNA delivery.

1 Einleitung

Der Klimawandel ändert das saisonale Zusammenspiel zwischen langlebigen Bäumen und Schädlingen. Veränderte Temperaturen und ausgedehnte Trockenperioden können dazu führen, dass Schädlinge wie Insekten und Pilze neue Lebensräume besiedeln, was Krankheitsausbrüche in Wäldern zur Folge hat, die bis dato davon

verschont geblieben sind. Herkömmliche Waldmanagement-Strategien stehen vor riesigen Herausforderungen, da sie häufig schwere Ausbrüche, die darüber hinaus auch noch in kurzer Zeit erfolgen, nicht zu kontrollieren in der Lage sind.

Traditionelle Maßnahmen zur Bekämpfung von Schädlingsinvasionen und -ausbrüchen umfassen beispielsweise das Entfernen des infizierten Laubs, das Entnehmen von geschädigten Bäumen oder Abschneiden geschädigter Baumteile (SEIDL et al. 2016), die Zersiedelung von Waldbeständen (ROBERTS et al. 2020), und das Einbringen von Pheromonfallen und vergiftetem Holz (WERMELINGER 2004). Bei wiederkehrenden Ausbrüchen allerdings wurden die angewendeten Managementtechniken hinterfragt (HLÁSNY et al. 2017).

Auch wurden chemische Fungizide und Pestizide eingesetzt, um den Erregerausbruch einzudämmen (OKORSKI et al. 2015). Jedoch sind diese chemischen Maßnahmen nicht erfolgreich, um Krankheiten oder Insektenbefall über längere Zeiträume zu bekämpfen (LIEBHOLD et al. 2019). Stattdessen schaden viele dieser Substanzen der menschlichen Gesundheit, schädigen auch Nichtziel-Organismen (Nützlinge) und können eine Resistenzentwicklung begünstigen (BILLINGS 2011). Diese Strategien, die von der Öffentlichkeit auch abgelehnt werden, werfen somit Fragen einer sinnhaften Anwendung auf (JACTEL et al. 2019). Daher wird der Entwicklung und Anwendung alternativer und effizienterer Bekämpfungsmethoden gegen Schädlinge und Krankheitserreger von Forstbäumen eine sehr hohe Priorität eingeräumt.

Seit einigen Jahren wird die RNA-Interferenz (RNAi) als ökonomisch und ökologisch sinnvolle Möglichkeit eingeschätzt, Waldbäume schnell und effektiv gegen Insekten und Krankheitserreger zu schützen (BAUM et al. 2007). Die RNAi ist ein konservierter, posttranskriptioneller Regulationsmechanismus von Genen, der in fast allen eukaryotischen Organismen vorkommt (SZWEYKOWSKA-KULIŃSKA et al. 2003). RNAi wird durch Anwesenheit von doppelsträngiger RNA (dsRNA) ausgelöst (FIRE et al. 1998) und wird entweder innerhalb von Zellen gebildet oder ist außerhalb vorhanden und wird in die Zellen transportiert (dsRNA-Impfung). Ist die dsRNA sequenzhomolog zu einem lebenswichtigen Gen des Schädlings, wird dieses in der Ausprägung gehemmt und kein entsprechendes Protein gebildet, was in Konsequenz zum Absterben des Schädlings führt. In verschiedenen Publikationen wird bereits auf die erfolgreiche Anwendung der dsRNA-Impfung zur Schädlingsbekämpfung hingewiesen (RODRIGUES et al. 2018; KYRE et al. 2019; DHANDAPANI et al. 2020a).

Der Mais „SmartStax[®] Pro“ (Mon87411) ist das erste RNAi-basierte Produkt, das von der Firma Bayer entwickelt wurde und 2017 in den USA und 2021 in China zugelassen wurde (DE SCHUTTER et al. 2022). Die dsRNA, die in dem Mais auf das *VACUOLAR SORTING PROTEIN (SNF7)*-Gen des Westlichen Maiswurzelbohrers (*Diabrotica virgifera virgifera*) abzielt, ist mit dem *Bacillus thuringiensis* (Bt) Cry3Bt1-Toxin sowie einer Glyphosphatresistenz gekoppelt (BOLOGNESI et al. 2012). Da es sich allerdings bei dem „SmartStax[®] Pro“-Mais um einen gentechnisch veränderten Mais handelt, ist das Interesse an dem Mais relativ gering. Dem gegenüber hinaus befindet sich das erste „alleinige“ dsRNA-Produkt, Ledprona[®] (RODRIGUES et al. 2021), das durch Spray aufgetragen wird, derzeit in den USA bei der Umweltschutzbehörde (EPA) im Registrierungsprozess. Ledprona[®] zielt auf die Proteasom-Untereinheit Beta-Typ-5 ab, was beim Kartoffelkäfer (*Leptinotarsa decemlineata*) zu einer Sterblichkeit von 90% führt.

Im Vergleich zur Schädlingsbekämpfung bei Nutzpflanzen mittels RNAi und dsRNA findet in der Literatur die Anwendung dieser Methodik bei Bäumen nur sehr wenig Beachtung. In unserer Arbeit haben wir uns daher mit dem Schwammspinner *Lymantria dispar* (Lepidoptera: Lymantriidae), der über 300 Baumarten schädigt (JOHNSON et al. 2002), beschäftigt. Wir haben dsRNAs für sieben Kandidatengene entwickelt auf zwei verschiedene Weisen (ektopisch und Fütterung) auf ihre Wirkung getestet. Die Ergebnisse weisen auf das große Potenzial von dsRNA hin, werfen aber auch einige unbeantwortete Fragen auf, die in der Diskussion aufgegriffen werden.

2 Material und Methoden

2.1 Schwammspinnerlarven

Eier des Schwammspinners wurden freundlicherweise von Dr. SYBILLE UNSICKER, Max-Planck-Institut für chemische Ökologie, Jena, Deutschland, zur Verfügung gestellt. Die Eier der Insekten stammen aus Laborkulturen, die von HANNAH NADEL beim Animal and Plant Health Inspection Service (APHIS) des US-Landwirtschaftsministeriums (USDA) entwickelt und gepflegt wurden.

Die Larven wurden nach dem Schlüpfen bei Raumtemperatur gehalten und wurden mit einer künstlichen Weizenkeimdiät ernährt. Um die Empfindlichkeit verschiedener Stadien von Schwammspinnerlarven gegenüber dsRNA zu beobachten, wurden Larven im ersten und dritten Stadium in den verschiedenen Experimenten verwendet.

2.2 DsRNA- und PCR-Primer-Entwicklung, und PCR-Amplifikation

Basierend auf bereits publizierten Arbeiten wurden sechs Kandidatengene für die dsRNA-Synthese ausgewählt. Über NCBI-BLAST wurden Schwammspinner-homologe Gene identifiziert (Tabelle 1) und als Grundlage für die dsRNA-Entwicklung verwendet.

Tabelle 1: Primer, die in dieser Studie für PCR, dsRNA-Synthese und qPCR verwendet wurden (für die PCR- und qPCR-Amplifikation wurden die gleichen Primer verwendet). Gennamen, Sequenzen der Vorwärts- und Rückwärts-Primer sowie die Größe des PCR-Produkts und die T_M -Temperaturen der PCR sind angegeben. *Die T7-Promotorsequenz, die für die dsRNA-Synthese durch MEGAScript® benötigt werden, wurde an die Primer angehängt (5'-GAA TTA ATA CGA CTC ACT ATA GGG AGA-3').

Gen	Vorwärtsprimer 5' - 3'	Rückwärtsprimer 5' – 3'	Größe	Tm
<i>Chitin synthase gene A (CHSA)*</i>	GTCAAATGGCCTGGATCTGGT	TTCGTGCCACATAGTAGCGCA	341	60
<i>Laccase2 (Lac2)*</i>	CTCATCCGTTCCACTTGACAC	GGAGATGGTCGCCGCATGTT	352	59
<i>Protein mesh (MESH)*</i>	TACTTCAGCGATCCACCAGAC	CAGAAGCTGGTGGTGATACC	452	60
<i>Proteasome $\alpha 2$ subunit (Prosa)*</i>	GGTATGGTCTACTCGGAATG	AGT TCT TGC CCA TGG CAG TC	283	59
<i>Proteasome subunit beta 5 (PSBT5)*</i>	GCTGGTGGAGCAGCTGATTG	TGGAGATGTTACCCAACCCTT	426	61
<i>Ribosomal protein S13e (Rsp13)*</i>	CTCAGGGATTCCCATGGAGT	TAAGCCACCAGAGCAGAAGCA	303	59
<i>Shrub ortholog (Snf7)*</i>	CCTGTTCGAGTTCCTCCAATTC	GATGTCGACAAAGTACACGACA	152	59

2.3 RNA-Extraktion, cDNA-Synthese und Sanger-Sequenzierung

Für jedes dsRNA-Experiment wurde RNA von drei Schwammspinner-Individuen verwendet. Die Gesamt-RNA wurde mit dem RNeasy Mini Kit (Qiagen, Hilden, Deutschland) extrahiert und mit einem TURBO DNA-freien Kit von Invitrogen™ (Thermo Fisher Scientific, Langenselbold, Deutschland) behandelt, um jegliche kontaminierende genomische DNA zu entfernen. Unter Verwendung eines Spektrophotometers wurde eine 1%-ige Agarose-Gelelektrophorese durchgeführt, um die RNA-Integrität und -Konzentration zu überprüfen. Unter Verwendung von GoScript RT Mix, Oligo(dT) (Promega, Walldorf, Deutschland) wurde Gesamt-RNA unter Verwendung von Reverser Transkriptase revers in cDNA transkribiert. Synthetisierte cDNA und entworfene Primer wurden für die Amplifikation des dsRNA-Kandidatengens verwendet. Das PCR-Produkt wurde zur Sanger-Sequenzierung (StarSeq, Mainz, Deutschland) geschickt, um die Länge und Homologie zu der in der NCBI-Genbankdatenbank vorhandenen Sequenz zu bestätigen.

2.4 Doppelsträngige RNA-Synthese und statistische Analyse

Primer, die mit einer T7-Promotorsequenz (5'-GAA TTA ATA CGA CTC ACT ATA GGG AGA-3') verknüpft sind, wurden für die dsRNA-Synthese der ausgewählten Kandidatengene verwendet (Tabelle 1). Die Reinigung der PCR-Produkte wurde unter Verwendung eines PCR-Reinigungskits (Qiagen, Hilden, Deutschland) durchgeführt. Das MEGAscript RNAi-Kit (Invitrogen von Thermo Fisher Scientific, Vilnius, Litauen) wurde verwendet, um die *in vitro*-Transkription von dsRNA gemäß dem bereitgestellten Protokoll durchzuführen. Eine ANOVA mit Messwiederholungstests unter Verwendung von Dunnett (Vergleich aller Säulen mit der Kontrolle) wurde für eine statistisch signifikante Analyse durchgeführt.

3 Ergebnisse

3.1 Auswahl von Kandidatengenen für die dsRNA-Synthese

Sieben zuvor in der Literatur beschriebene Gene wurden für diese Studie in Betracht gezogen (Tabelle 2). Die Chitinsynthase A (*CHSA*) wurde gegen *Spodoptera exigua*, *Laccase 2* (*Lacc2*) für *Cylas brunneus* und *Protein Mesh* (*MESA*) für *Leptinotarsa decemlineata* getestet. Diese Gene sind wichtig für den strukturellen zellulären Gerüstaufbau (TIAN et al. 2009; CHRISTIAENS et al. 2016; PETEK et al. 2020). Darüber hinaus sind die Proteasom-Untereinheiten Beta und Alpha (*PSBT5* und *Prosa*) an der Zellzyklusprogression beteiligt, und die Apoptose wurde gegen *C. brunneus* bzw. *L. decemlineata* getestet (CHRISTIAENS et al. 2016; RODRIGUES et al. 2021). Das ribosomale Protein (*Rsp13*) und das endosomale Sortierprotein (*Snf7*) (Christiaens et al. 2016) zeigten einen signifikanten Effekt gegen *C. brunneus*. Die Herunterregulierung dieser Gene durch Injektion von dsRNA führte entweder zur Sterblichkeit oder zu einer verminderten Entwicklung des jeweiligen Insekts. Homologien aller Gene zu Genen des Schwammspinners wurden mit der NCBI-Gendatenbank abgeglichen und spezifische PCR-Primer entwickelt.

Tabelle 2: Detaillierte Beschreibung der verwendeten Kandidatengene. Aufgeführt sind die Abkürzungen der ausgewählten Gene zusammen mit ihrem vollständigen Namen und ihrer biologischen Funktion, gefolgt von der Referenz.

Gen	Vollständiger Name	Biologische Funktion	Referenz
<i>CHSA</i>	<i>Chitin synthase A</i>	Scaffold material, supporting the cuticles	TIAN et al. (2009)
<i>Lacc2</i>	<i>Laccase 2</i>	Adult cuticle tanning	CHRISTIAENS et al. (2016)
<i>MESH</i>	<i>Protein Mesh</i>	Important for the structural integrity of the midgut epithelium	PETEK et al. (2020)
<i>Prosa2</i>	<i>Proteasome α2 subunit</i>	Protein regulation in cell-cycle progression and apoptosis	CHRISTIAENS et al. (2016)
<i>PSBT5</i>	<i>Proteasome subunit beta 5</i>	Protein regulation in cell-cycle progression and apoptosis	RODRIGUES et al. (2021)
<i>Rsp13</i>	<i>Ribosomal protein S13e</i>	Protein synthesis in ribosomal subunit	CHRISTIAENS et al. (2016)
<i>Snf7</i>	<i>Shrub ortholog</i>	A part of the Endosomal Sorting Complex Required for the Transport	CHRISTIAENS et al. (2016)

3.2 Versuchsaufbau

Direkt nach dem Schlüpfen der Larven aus den Eiern nehmen Schwammspinner Nahrung auf und durchlaufen 6-7 Larvenstadien (Abb. 1). Es wurden zwei verschiedene dsRNA-Applikationen auf die Larven im 3. Larvenstadium getestet, (i) die ektopische Ausbringung der dsRNA und (ii) dsRNA durch Beigabe zum künstlichen Futter.



Abb. 1: Verschiedene Entwicklungsstadien der Larven des Schwammspinners in der Laborzucht (Größenvergleich mit einer Euro-Münze).

3.3 Qualitätskontrolle der synthetisierten dsRNA

Die synthetisierten cDNAs aller sieben Gene wurden Sanger-sequenziert, um die artspezifische Nukleotidsequenz der Fragmente zu bestätigen (Daten nicht gezeigt). Die Größen der synthetisierten dsRNAs wurde auf Agarosegelen geschätzt (Abb. 2). Die Ergebnisse der Sanger-Sequenzierung und des Agarosegels dienen zur Validierung der dsRNAs, die für die verschiedenen Experimente verwendet wurden.

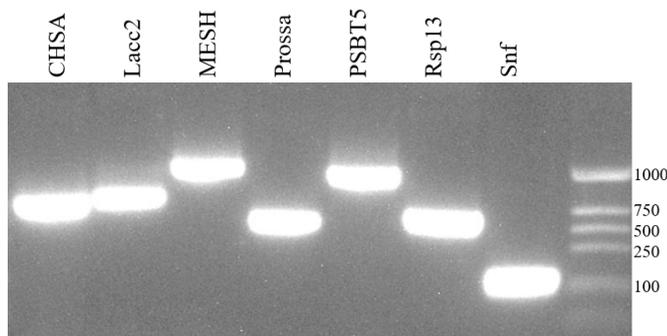


Abb. 2: Das Agarosegel zeigt die Fragmentgröße sowie die Qualität der synthetisierten dsRNAs. Zur Abschätzung der Größen der dsRNAs wurden Kontrollfragmente mit einem Bereich von 0,1 bis 1 kb aufgetragen (rechten Seite).

3.4 dsRNA-Fütterung mit der Nahrung

Die Wirkung der mit der Nahrung aufgenommenen dsRNAs wurde an Larven im 3. Stadium phänotypisch evaluiert. Für die vergleichende Analyse wurden die behandelten Larven mit einer Kontrolllarven verglichen, die keine dsRNA mit der Nahrung aufnahmen. Insgesamt wurden fünf verschiedene dsRNAs in zwei Kombinationen getestet: (A) PSBT5 und Lacc2, (B) Snf7, CHSA und Prossa 2. Für jedes Experiment wurden pro Kombination zehn Larven verwendet und Futter mit und ohne dsRNA vermischt bereitgestellt. In jeder Kombination wurden auf 300 ng/ μ l dsRNA in 100 μ l verdünnt, gemischt mit 25 mg Futter, das jeder Larve zugeführt wurde. Es wurde täglich kontrolliert, ob die Larven das Futter auch vollständig aufgenommen haben. Das Gewicht aller Larven wurde nach 1, 4, 8, 12, 16 und 18 Tagen bestimmt. Bei keiner Kombination wurden Gewichtsveränderungen bei den behandelten im Vergleich zu unbehandelten Larven festgestellt (Abb. 3).

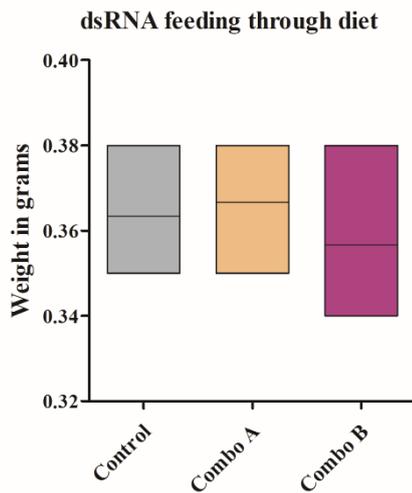


Abb. 3: Die synthetisierten dsRNAs wurden den Larven im 3. Stadium mit künstlicher Nahrung in zwei Kombinationen zugeführt. Kombination A: PSBT5- und Lacc2-dsRNA, Kombination B: Snf7, CHSA und Prossa 2. Die Abbildung zeigt das Gewicht der Larven in Gramm in Abhängigkeit zur Kombination (mittlere Abweichung von drei experimentellen Wiederholungen). Bei behandelten Larven wurden im Vergleich zur Kontrolle keine Gewichtsveränderungen festgestellt.

3.5 Ektopische Anwendung von dsRNA

Drei dsRNA-Kandidaten, CHSA, Rsp13 und PSBT5 jeweils separat sowie CHSA + Rsp13 kombiniert, wurden in wässriger Lösung mittels einer Pipette auf den Körper von Larven im 3. Stadium aufgetragen. Für jedes Experiment wurden zehn Larven pro Kombination verwendet. Das Experiment wurde 12 Tage lang durchgeführt, wobei jeder Larve täglich 1.400 ng/ μ l dsRNA mit 0,1 ng/ μ l TWEEN 20 verabreicht wurde. TWEEN 20 dient als

Topical application of dsRNA on 3rd instar larvae

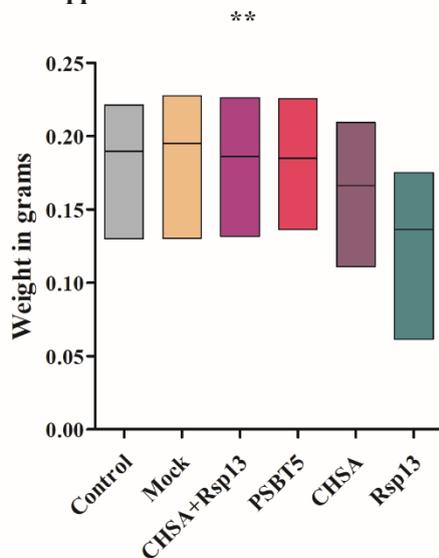


Abb. 4: Die synthetisierten dsRNAs wurden den Larven im 3. Stadium in wässriger Lösung mit TWEEN 20 ektopisch einzeln (CHSA, Rsp13 und PSBT5) und in Kombination (CHSA + Rsp13) verabreicht. Die Abbildung zeigt das Gewicht der Larven in Gramm in Abhängigkeit zur Behandlung (mittlere Abweichung von drei experimentellen Wiederholungen). Ein statistisch signifikanter Unterschied zur Kontrolle (unbehandelte und nur mit Wasser (Mock) behandelte Larven) wurde nur bei Larven festgestellt, die mit dsRNA-Rsp13 beträufelt wurden.

Detergens und hilft dabei, dass die dsRNA-Tropfen auf dem Larvenkörper zerlaufen. Das Gewicht aller Larven wurde nach 1, 4, 8 und 12 Tagen bestimmt. Als Ergebnis wurden Mittelwerte aus drei biologischen Wiederholungen verwendet (Abb. 4). Wir konnten eine unterschiedliche Entwicklung der einzelnen Larven beobachten: während die mit CHSA- + Rsp13-, PSBT5- und CHSA-dsRNA behandelten Larven gleiche Gewichte wie die unbehandelten und nur mit Wasser (Mock) behandelten Larven aufwiesen, zeigten Rsp13-dsRNA behandelte Larven geringere Körpergewichte sowie eine verzögerte Entwicklung, was zu einer späteren Häutung führte.

4 Diskussion

Die RNA-Interferenz (RNAi) stellt eine der zellulären, posttranskriptionellen Genstilllegungsmechanismen dar, indem sie verhindert, dass mRNA in ein entsprechendes Protein umgewandelt wird (FIRE et al. 1998). Die RNAi-Technologie basiert auf der Anwesenheit von doppelsträngiger RNA (dsRNA), die entweder innerhalb von Zellen gebildet wird oder außerhalb von Zellen vorhanden ist und in diese transportiert wird. Ist die dsRNA sequenzhomolog zu einem lebenswichtigen Gen des Schädling, werden über einen komplizierten Mechanismus 21-24 bp-lange einzelsträngige RNAs gebildet (siRNAs), die komplementär zur mRNA des lebenswichtigen Gens sind (DAS et al. 2020). An die siRNA binden verschiedene Proteine und Enzyme und bilden einen sogenannten *Silencing-Komplex* (RISC), der an die mRNA bindet und deren Abbau initiiert, was in Konsequenz zum Absterben des Schädling führt (dsRNA-Impfung). Das Ausbringen der dsRNA ist daher als Methode, die nicht unter die gesetzlichen Gentechnik-Regelungen fällt, eine interessante, agroökosystemfreundliche Alternative zu herkömmlichen Methoden der Schädlingsbekämpfung (WANG et al. 2017).

In Kulturpflanzen wurden bereits mehrere Verfahren zur Anwendung der dsRNA-Technologie für die Bekämpfung wichtiger Pflanzenschädlinge (Insekten, Pilze) getestet. Hierbei stehen Fragen einer optimalen Ausbringung der dsRNA im Fokus, wie beispielsweise über Sprühen, Fütterung, Infiltration oder Injektion (DAS et al. 2020). Die dsRNA kann aber auch in Wasser gelöst über die Wurzel aufgenommen oder mittels Bakterien, Pilze oder Viren übertragen werden. Für Gehölze allerdings gibt es nur sehr wenige Berichte über die exogene Ausbringung der dsRNA (FLADUNG et al. 2021).

In unseren Arbeiten haben wir dsRNA von bis zu sieben verschiedenen Genen einzeln oder in Kombination in Fütterungsversuchen über die Nahrung sowie in Wasser gelöst per Aufträufeln ektopisch auf Schwammspinnerlarven im 3. Stadium des (*Lymantria dispar*) appliziert. Wir konnten keine negativen Auswirkungen jeglicher dsRNA beobachten, wenn wir die dsRNAs über die Nahrung den Larven verabreicht haben (Abb. 3). Die Larven wiesen vergleichbare Gewichte sowie eine ähnliche Entwicklung wie unbehandelte Larven auf. Unsere Ergebnisse decken sich mit Erkenntnissen anderer Autoren, dass im Speichel von Schmetterlingslarven Nukleasen dafür verantwortlich sein können, dass dsRNAs schnell abgebaut werden (CHEN et al. 2021; NISHIDE et al. 2020).

Allerdings zeigen andere Studien, dass dsRNAs im Fütterungsstudien durchaus eine schädigende Wirkung auf Insekten haben (GOSH et al. 2017). Bemerkenswert ist die Studie von GOSH et al. (2017) am Schwammspinner, in der auf Basis von Transkriptom-Sequenzierdaten nicht weiter charakterisierte Gene für das dsRNA-Design ausgewählt wurden, die, in Fütterungsversuchen angewendet, zu einer Verringerung des Körpergewichts der Larven führten. Mögliche weitere Gründe für die widersprüchlichen Ergebnisse könnten in Unterschieden in der Fütterungsstrategie, der Formulierung der angebotenen dsRNA sowie der verwendeten dsRNA-Menge liegen (SINGEWAR und FLADUNG, unveröff.).

Die ektopische Applikation der dsRNA über einen Wassertropfen hat zunächst die Schwierigkeit ergeben, dass der Tropfen an den Härchen der Larven hängenblieb und nicht auf die Haut gelangte. Erst als wir TWEEN 20 dem Wasser beigemischt haben, verlief der Tropfen nach Ausbringung und benetzte auch die Haut der Larven. Mit Ausnahme der Rsp13-dsRNA zeigten alle von uns getesteten dsRNAs keinen Effekt auf die

Schwammspinnerlarven (Abb. 4). Rsp13-dsRNA behandelte Larven wiesen signifikant geringere Körpergewichte sowie eine verzögerte Entwicklung auf, was zu einer späteren Häutung führte (SINGEWAR und FLADUNG, unveröff.).

Nach Kenntnis der Autoren ist dies die erste Studie, in der die ektopische Anwendung von dsRNA bei Schwammspinnern versucht wurde. Weitere Studien müssen durchgeführt werden, in denen sowohl unterschiedliche dsRNA-Konzentrationen als auch dsRNAs auf Basis anderer Gene getestet werden.

5 Schlussfolgerungen

Die RNA-Interferenz (RNAi) ist ein natürliches System, mit dem Zellen die Aktivität von Genen regulieren. RNAi ist ein Mechanismus der posttranskriptionellen Geninaktivierung in Eukaryoten und dient Pflanzen vor allem als natürlicher Abwehrmechanismus gegen Viren und Transposons. RNAi ist nicht nur gegen Viren einsetzbar, sondern auch gegen Pilze und Insekten denkbar. Verfügt eine Pflanze über ein bestimmtes dsRNA-Fragment, das genau zu der mRNA eines Schädlings passt, wird die mRNA des Schädlings „neutralisiert“. Auf dsRNA-basierende Pestizide stellen daher für die Schädlingsbekämpfung eine interessante Alternative zu chemischen Pestiziden dar. Sie wirken äußerst spezifisch, schädigen bevorzugt Ziel-Schädlinge und verschonen Nicht-Ziel-Organismen, und reichern sich anders als chemische Pflanzenschutzmittel nicht in der Natur und Umwelt an. Es finden keine Resistenzbildungen statt, nur wenn sich in Schädlingen die Sequenz der Zielgene durch spontane Mutationen verändert, könnten dsRNA-Pestizide nicht mehr wirken. DsRNA-Pestizide unterliegen nicht der Gentechnikgesetzgebung, allerdings sind dennoch Fragen zur biologischen Sicherheit zu klären, da die dsRNA auch auf im Boden lebende, potentiell noch unbekannte Organismen trifft. Die in dieser Arbeit durchgeführten Analysen zur dsRNA-Anwendung gegen den Schwammspinner stellen einen ersten, vielversprechenden Schritt zur Entwicklung einer völlig neuen Methodik der Schädlingsbekämpfung dar. Aber noch sind offene praktische Fragen wie Art der Zielgene, Formulierung der dsRNA zum Schutz gegen endogene Nukleasen und die effizienteste Methode der dsRNA-Ausbringung zu beantworten.

Danksagung

Wir danken MARIKA PUSCH, Thünen-Institut für Forstgenetik, Großhansdorf, für die großartige Unterstützung im Labor, sowie allen Mitarbeitern der Gärtnerei für die Kultur und Pflege der Pflanzen. BIRGIT KERSTEN, NIELS A. MÜLLER, HANS HÖNICKA, TOBIAS BRÜGMANN, HILKE SCHRÖDER und FRANZISKA ORGEL, Thünen-Institut für Forstgenetik, Großhansdorf, danken wir für hilfreiche Diskussionen. Das Projekt TreeHarm wird von der Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR) im Programm Waldklimafond (FKZ: 2219WK30X4) durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft und das Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit, Deutschland, gefördert.

Referenzen

- BAUM JA, BOGAERT T, CLINTON W, HECK G, FELDMANN P, ILAGAN O, JOHNSON S, PLAETINCK G, MUNYIKWA T, PLEAU M, VAUGHN T, ROBERTS J (2007): Control of coleopteran insect pests through RNA interference. *Nature Biotechnology* 25: 1322-1326, <https://doi.org/10.1038/nbt1359>
- BILLINGS R (2011): Use of chemicals for prevention and control of Southern Pine Beetle infestations. Southern Pine Beetle II. Gen. Tech. Rep. SRS-140. Asheville, NC: U.S. Department of Agriculture Forest Service, Southern Research Station: 367-379. In: US Department of Agriculture Forest Service SRS (ed). https://www.srs.fs.usda.gov/pubs/gtr/gtr_srs140/gtr_srs140_367.pdf.
- BOLOGNESI R, RAMASESHADRI P, ANDERSON J, BACHMAN P, CLINTON W, FLANNAGAN R, ILAGAN O, LAWRENCE C, LEVINE S, MOAR W, MUELLER G, TAN J, UFFMAN J, WIGGINS E, HECK G, SEGERS G (2012): Characterizing the mechanism of action of double-stranded RNA activity against Western Corn Rootworm (*Diabrotica virgifera virgifera* LeConte). *PLOS ONE* 7: e47534, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0047534>.

- CHEN JZ, JIANG YX, LI MW, LI JW, ZHA BH, YANG G (2021): Double-stranded RNA-degrading enzymes reduce the efficiency of RNA interference in *Plutella xylostella*. *Insects* 12 (8): 712. <https://doi.org/10.3390/insects12080712>
- CHRISTIAENS O, PRENTICE K, PERTRY I, GHISLAIN M, BAILEY A, NIBLETT C, GHEYSEN G, SMAGGHE G (2016): RNA interference: a promising biopesticide strategy against the African Sweetpotato Weevil *Cylas brunneus*. *Sci Rep* 6: 38836. <https://doi.org/10.1038/srep38836>
- DAS PR, SHERIF SM (2020) Application of exogenous dsRNAs-induced RNAi in agriculture: challenges and triumphs. *Frontiers in Plant Science* 11. <https://www.frontiersin.org/article/10.3389/fpls.2020.00946>
- DHANDAPANI RK, DUAN JJ, PALLI SR (2020): Orally delivered dsRNA induces knockdown of target genes and mortality in the Asian long-horned beetle, *Anoplophora glabripennis*. *Archives of Insect Biochemistry and Physiology* 104: e21679, <https://doi.org/10.1002/arch.21679>
- FIRE A, XU S, MONTGOMERY MK, KOSTAS SA, DRIVER SE, MELLO CC (1998): Potent and specific genetic interference by double-stranded RNA in *Caenorhabditis elegans*. *Nature* 391:806-811, <https://doi.org/10.1038/35888>
- FLADUNG M, HÄGGMAN H, SUTELA S (2021): Application of RNAi technology in forest trees. In: Mezzetti B, Sweet JB, Burgos L (eds) RNAi for plant improvement and protection. Wallingford: CABI: 54-71, <https://doi.org/10.1079/9781789248890.0007>
- GHOSH BSK, GUNDERSEN-RINDAL ED (2017) Double strand RNA-mediated RNA interference through feeding in larval gypsy moth, *Lymantria dispar* (Lepidoptera: Erebidae). *European Journal of Entomology* 114: 170-178, <http://dx.doi.org/10.14411/eje.2017.022>
- HLÁSNY T, BARKA I, KULLA L, BUCHA T, SEDMÁK R, TROMBIK J (2017): Sustainable forest management in a mountain region in the Central Western Carpathians, Northeastern Slovakia: the role of climate change. *Regional Environmental Change* 17: 65-77, <https://doi.org/10.1007/s10113-015-0894-y>
- JACTEL H, VERHEGGEN F, THIÉRY D, ESCOBAR-GUTIÉRREZ AJ, GACHET E, DESNEUX N; Neonicotinoids Working Group. (2019): Alternatives to neonicotinoids. *Environment International* 129: 423-429, <https://doi.org/10.1016/j.envint.2019.04.045>
- JOHNSON DM, LIEBHOLD AM, BJORNSTADT ON, MC MANUS ML (2005): Circumpolar variation in periodicity and synchrony among gypsy moth populations. *Journal of Animal Ecology* 74: 882-892. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2656.2005.00980.x>
- KYRE BR, RODRIGUES TB, RIESKE LK (2019): RNA interference and validation of reference genes for gene expression analyses using qPCR in southern pine beetle, *Dendroctonus frontalis*. *Scientific Reports* 9: 5640, <https://doi.org/10.1038/s41598-019-42072-6>
- LIEBHOLD AM, KEAN JM (2019): Eradication and containment of non-native forest insects: successes and failures. *Journal of Pest Science* 92: 83-91, <https://doi.org/10.1007/s10340-018-1056-z>
- NISHIDE Y, KAGEYAMA D, TANAKA Y, YOKOI K, JOURAKU A, FUTAHASHI R, FUKATSU T (2021): Effectiveness of orally-delivered double-stranded RNA on gene silencing in the stinkbug *Plautia stali*. *PLoS One* 16 (1): e0245081. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0245081>
- OKORSKI A, PSZCZÓŁKOWSKA A, OSZAKO T, NOWAKOWSKA JA (2015): Current possibilities and prospects of using fungicides in forestry. *Forest Research Papers*:76: 191-206. <https://www.ibles.pl/web/lesne-prace-badawcze/-/doi-10-1515-frp-2015-0019>
- PETEK M, COLL A, FERENC R, RAZINGER J, GRUDEN K (2020): Validating the potential of double-stranded RNA targeting Colorado Potato Beetle mesh gene in laboratory and field trials. *Frontiers in Plant Science*. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.01250>
- ROBERTS M, GILLIGAN CA, KLECZKOWSKI A, HANLEY N, WHALLEY AE, HEALEY JR (2020): The effect of forest management options on forest resilience to pathogens. *Frontiers in Forests and Global Change* 3, <https://www.frontiersin.org/article/10.3389/ffgc.2020.00007>
- RODRIGUES TB, DUAN JJ, PALLI SR, RIESKE LK (2018) Identification of highly effective target genes for RNAi-mediated control of emerald ash borer, *Agrilus planipennis*. *Scientific Reports* 8: 5020, <https://doi.org/10.1038/s41598-018-23216-6>
- RODRIGUES TB, MISHRA SK, SRIDHARAN K, BARNES ER, ALYOKHIN A, TUTTLE R, KOKULAPALAN W, GARBY D, SKIZIM NJ, TANG YW, MANLEY B, AULISA L, FLANNAGAN RD, COBB C, NARVA KE (2021): First sprayable double-stranded RNA-based biopesticide product targets proteasome subunit beta type-5 in Colorado Potato Beetle (*Leptinotarsa decemlineata*). *Frontiers in Plant Science*. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.728652>

- SEIDL R, SPIES TA, PETERSON DL, STEPHENS SL, HICKE JA (2016): Review: Searching for resilience: addressing the impacts of changing disturbance regimes on forest ecosystem services. *Journal of Applied Ecology* 53: 120-129, <https://doi.org/10.1111/1365-2664.12511>
- SZWEYKOWSKA-KULIŃSKA Z, JARMOŁOWSKI A FAU-FIGLEROWICZ M, FIGLEROWICZ M (2003): RNA interference and its role in the regulation of eucaryotic gene expression. *Arch Immunol Ther Exp (Warsz)*, 53: 39-46. <https://bibliotekanauki.pl/articles/1043669>
- TIAN H, PENG H, YAO Q, CHEN H, XIE Q, TANG B, ZHANG W (2009): Developmental control of a Lepidopteran pest *Spodoptera exigua* by ingestion of bacteria expressing dsRNA of a non-midgut gene. *PLOS ONE* 4: e6225. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0006225>
- WANG M, JIN H (2017): Spray-induced gene silencing: a powerful innovative strategy for crop protection. *Trends in Microbiology* 25: 4-6, <https://doi.org/10.1016/j.tim.2016.11.011>
- WEN R, WANG B, WANG B, MA L (2018): Characterization and expression profiles of juvenile hormone epoxide hydrolase from *Lymantria dispar* (Lepidoptera: Lymantridae) and RNA interference by ingestion, *Journal of Insect Science*, Volume 18, Issue 1: 13, <https://doi.org/10.1093/jisesa/iey002>
- WERMELINGER B (2004): Ecology and management of the spruce bark beetle *Ips typographus* - a review of recent research. *Forest Ecology and Management* 202: 67-82, <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2004.07.018>

Autoren

MATTHIAS FLADUNG, KIRAN SINGEWAR

Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstr. 2, 22927 Großhansdorf

Kontakt: matthias.fladung@thuenen.de

Hybridpappeln im Klimawandel - Ergebnisse einer Pappelklonprüfung des Projekts FastWOOD

MAREK SCHILDBACH, MARTIN HOFMANN

Zusammenfassung

Im Rahmen des Projekts FastWOOD wurden durch die Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA) unter Beteiligung des Staatsbetriebs Sachsenforst (SBS) und des Bayerischen Amtes für Waldgenetik (AWG) mehrere Serien von Pappelklonprüfungen angelegt. Untersuchungen zur Wuchsleistung und Experimente zur Trockenheitsresistenz zeigten bereits in den ersten Jahren unterschiedliche Reaktionsmuster der Pappelklone auf Trockenheit in Abhängigkeit von Klon und Wuchsphase. Die langanhaltende Dürre der Jahre 2018 bis 2020 führte zu erhöhten Ausfällen und zu einem deutlichen Rückgang der Wuchsleistung der meisten Klone. Dabei verschiebt sich die Rangfolge der Klone in Bezug auf die Biomasseleistung zum Teil deutlich. Die Ergebnisse unterstreichen die überragende Rolle der Wasserversorgung für den Pappelanbau und zeigen die Bedeutung gezielter Resistenzforschung.

1 Einleitung

Schnellwachsende Baumarten wie z. B. Hybridpappeln können einen Beitrag zur Sicherung der Versorgung der Gesellschaft mit holziger Biomasse leisten. Diese können in Kurzumtriebsplantagen (KUP) auf landwirtschaftlichen Flächen angebaut werden, aber auch für die schnelle Wiederbewaldung von Kalamitätsflächen kann ein Anbau schnellwachsender Baumarten als Vorwald eine sinnvolle Option darstellen.

Eine Voraussetzung für einen großflächigen, betriebssicheren und wirtschaftlichen Anbau schnellwachsender Baumarten ist das Vorhandensein geeigneter Klone und Nachkommenschaften. Mit dem vom BMEL geförderten Züchtungsprojekt „FastWOOD“ (Laufzeit 2008 bis 2018) sollten die Grundlagen dafür geschaffen werden (JANßEN ET AL. 2012a). Die NW-FVA war innerhalb des Projekts federführend an der Züchtung von Balsampappelhybriden beteiligt (JANßEN ET AL. 2012b). Zur Prüfung der gezüchteten Klone wurden in Zusammenarbeit mit dem SBS und dem AWG mehrere Serien von Pappelklonprüfungen angelegt. Die Versuchsserie 605 ist Gegenstand dieses Artikels. Besonderes Augenmerk wird dabei auf die Wasserversorgung der Bäume und deren Reaktion auf Wassermangel gelegt, da dieser Aspekt im Zuge des Klimawandels zunehmend an Bedeutung gewinnen wird.

2 Material und Methodik

2.1 Grunddaten

Die Versuchsserie 605 besteht aus 35 Prüfgliedern, die überwiegend aus gelenkten Kreuzungen im Rahmen des Projekts stammen (v.a. *Populus maximowiczii* A. HENRY x *Populus trichocarpa* TORR. & A. GRAY). Als Vergleichsstandard wurden die Pappelklone „AF 2“ (*P. deltoides* W. BARTRAM EX MARSHALL x *P. nigra* L.), „Max 1“ (*P. nigra* x *P. maximowiczii*) sowie „Hybride 275“ (*P. maximowiczii* x *P. trichocarpa*) verwendet. Mit diesem Material wurden im März 2013 die drei Versuchsflächen „Bardowick“, „Graupa“ und „Stiedenrode II“ begründet (Abb. 1). Pro Parzelle wurden 48 Steckhölzer (4 Reihen à 12 Bäume) bei einem Pflanzverband von 2 m x 0,5 m gesteckt. Die Flächen wurden jeweils mit fünf Wiederholungen angelegt. Die geplante Umtriebszeit lag bei jeweils drei Jahren. Die grundlegenden Daten der einzelnen Standorte sind in Tabelle 1 aufgeführt.

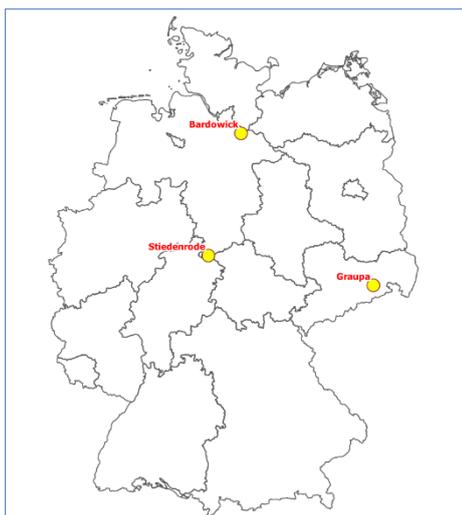


Abb. 1: Lage der Versuchsflächen

Tabelle 1: Standörtliche Grunddaten der Versuchsflächen der Serie 605

	Graupa (SN)	Stiedenrode II (HE)	Bardowick (NI)
H _{NN} [m]	180	190	8
Bodentyp	Braunerde	Pseudogley	Podsol / Regosol
nFK ₁₀₀ [mm]	131	210	110
Wasser-haushalt	mäßig frisch	nachhaltig frisch	Grundwasser-anschluss
Ø T _{Jahr} [°C]	8,9	8,3	9
Σ N _{Jahr} [mm]	680	784	646
Ø T _{veg} [°C]	14,6	13,4	14,1
Σ N _{veg} [mm]	406	418	353

2.2 Phänologie der beteiligten Pappelarten

Die asiatischen Balsampappeln (*P. maximowiczii*, *P. cathayana* REHDER, *P. ussuriensis* KOM. und *P. szechuanica* C.K. SCHNEID.) treiben unter mitteleuropäischen Klimabedingungen sehr zeitig aus und haben einen frühen Triebabschluss und Laubfall. Dies ist eine typische Adaption an ein Ostseitenklima mit harten Wintern, warmen feuchten Sommern und kurzen Frühjahren und Herbstern, wie es im monsunbeeinflussten ostasiatischen Raum der Fall ist.

Die Westliche Balsampappel (*P. trichocarpa*) aus Nord-Amerika (Amerikanische Balsampappel) ist unter mitteleuropäischen Klimabedingungen gekennzeichnet durch einen späten Blattaustrieb und einen späten Triebabschluss sowie Laubfall. Dies ist eine typische Adaption an ein Westseitenklima mit geringen Temperaturkontrasten, langen Frühjahren und Herbstern sowie milden Wintern und gemäßigten Sommern, wie es entlang des Pazifiks in den USA herrscht.

P. nigra, die Europäische Schwarzpappel, ist eine submediterrane bis kontinental verbreitete Art. Da in ihrem Verbreitungsgebiet keine Früh- und oder Spätfrostgefahr droht ist ihr Austriebszeitpunkt entsprechend früh und der Triebabschluss und Blattfall später als bei den asiatischen Balsampappeln.

P. deltoides, die Amerikanische Schwarzpappel, wäre in ihrem Verbreitungsgebiet (kontinentale Ostseite) durch Spätfröste (Blizzards) gefährdet, wenn sie nicht eine hohe Schwellentemperatur für die Austriebsinduktion besitzen würde. Dementsprechend treibt sie unter mitteleuropäischen Bedingungen sehr spät aus. Dies verkürzt die Vegetationsperiode im mitteleuropäischen Klima erheblich.

2.3 Ermittlung der Wuchsleistung

Alle drei Versuchsflächen wurden Ende 2015 planmäßig unter Ermittlung der parzellenweisen Biomasse beerntet. Die weitere Behandlung der Flächen war jedoch unterschiedlich. Die Fläche „Stiedenrode II“ wurde vom Flächeneigentümer ohne weitere Datenerhebung wieder umgewandelt. Die Fläche „Bardowick“ wurde erst nach weiteren vier Jahren ein zweites Mal beerntet. Eine weitere Durchmessermessung und Biomasseberechnung fand hier erst 2022 statt. Die Fläche „Graupa“ wurde nach drei Jahren ein zweites Mal beerntet. Der Durchmesser der hier wachsenden Bäume wurde fast jährlich gemessen und daraus die Biomasse berechnet.

2.4 Witterung und Trockenheitsschäden

Seit der Anlage der Versuchsserie 605 sind im Vergleich der letzten 70 Jahre besonders viele Jahre mit einer außergewöhnlichen Dürre in Deutschland aufgetreten (Abb. 2).

Der Deutsche Wetterdienst stellt im Internet deutschlandweit die Rasterdaten der Temperatur- und Niederschlagswerte bereit. Diese wurden für die Auswertung verwendet. Für die Fläche „Graupa“ standen zusätzlich noch die Werte der eigenen, 50 m von der Fläche entfernten Klimastation von Sachsenforst zur Verfügung.

Neben Austrocknungsversuchen im Gewächshaus liefern direkte Beobachtungen auf von Trockenheit betroffenen Flächen wichtige Erkenntnisse zur Trockenheitstoleranz verschiedener Pappelklone. Auf der Versuchsfläche „Graupa“ wurden insgesamt viermal (2014, 2015, 2018 und 2022) die Trockenheitsschäden der Bäume bonitiert.

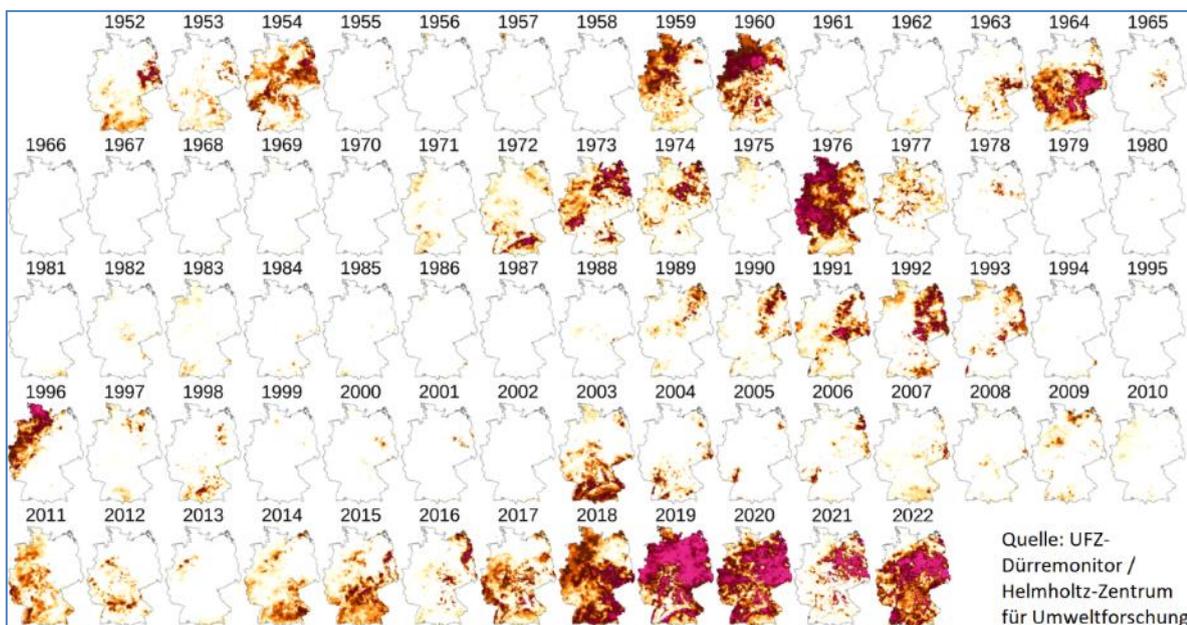


Abb. 2: Dürremonitor Deutschland der letzten 70 Jahre (geändert nach: UFZ Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung 2022, F. BOEING)

3 Ergebnisse

3.1 Witterungsverlauf

Auf allen drei Versuchsflächen der Prüfserie 605 lagen die Niederschläge im Versuchszeitraum zum Teil deutlich unter dem langjährigen Mittel, während die Temperaturen erheblich höher waren als normal (Abb. 3). Die für KUP empfohlene Mindestniederschlagsmenge von 300 mm in der Vegetationsperiode (PETZOLD et al. 2010) wurde auf allen drei Flächen mehrfach unterschritten bzw. nur knapp erreicht. Aufgrund dieses Witterungsverlaufs war mit messbaren Effekten auf den Versuchsflächen zu rechnen.

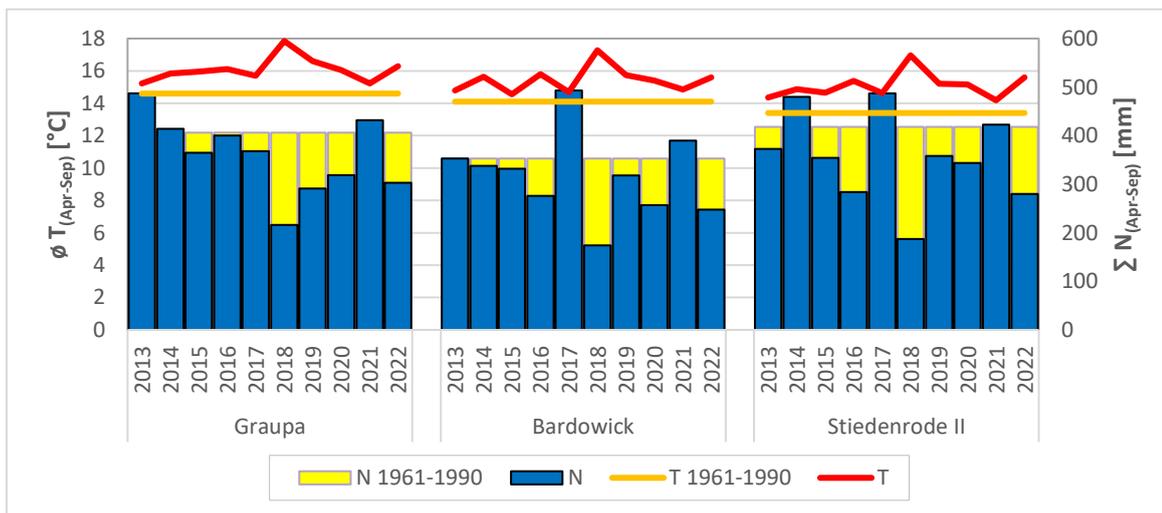


Abb. 3: Witterungsverlauf in der Vegetationsperiode auf den drei Versuchsflächen

3.2 Auswirkungen auf Ebene der Plantage

Vitalität

Viele Pappelklone reagieren relativ schnell mit hängenden Blättern auf Wassermangel. Bleibt die Wasserversorgung weiterhin schlecht, so werfen sie die Blätter ab (Abb. 4). Diese trockenheitsbedingten Blattverluste wurden auf der Versuchsfläche Graupa mehrfach mit einem fünfstufigen Boniturschema erhoben (0 = keine Schäden, 1 = bis zu 25 % Blattverlust, 2=bis zu 50 % Blattverlust, 3= bis 100 % Blattverlust, 5 = tot).



Abb. 4: Blattverlust an Pappeln Anfang September 2015 auf der Versuchsfläche Graupa

Die Höhe der Trockenheitsschäden variiert zwischen den Jahren und in Abhängigkeit vom Zeitpunkt der Dürre (Abb. 5).

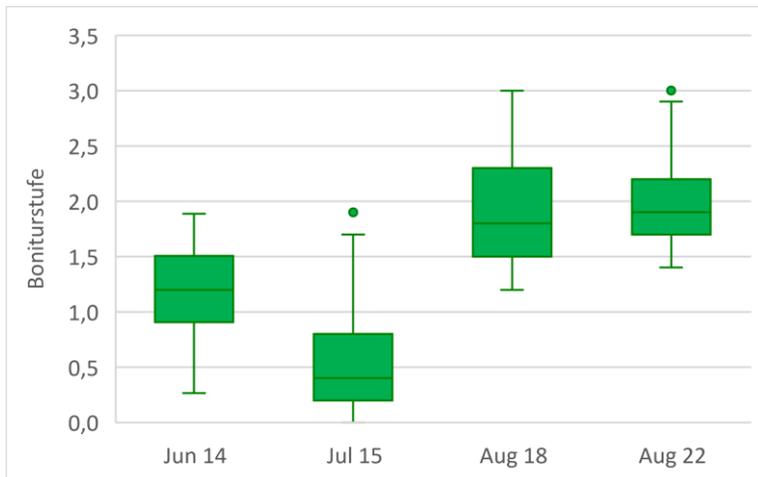


Abb. 5: Bonitur des trockenheitsbedingten Blattverlustes in verschiedenen Jahren.

Ausfallrate

Die Ausfallrate lag in Graupa zu Beginn trotz einer großen klonbedingten Spannweite auf einem relativ niedrigen Niveau (Abb. 6). Erst das extrem warme und trockene Jahr 2018 verursachte im Nachgang einen deutlichen Anstieg der Ausfallrate. Für die Fläche Bardowick sind nur Daten aus den Jahren 2016 und 2022 verfügbar. Die Ausfallraten waren hier aus verschiedenen Gründen schon zu Beginn deutlich höher und sind dann im Laufe der Jahre weiter massiv angestiegen (Abb. 6). Mit im Mittel 75 % Ausfallrate steht der weitere Nutzen als Versuchsfläche in Frage.

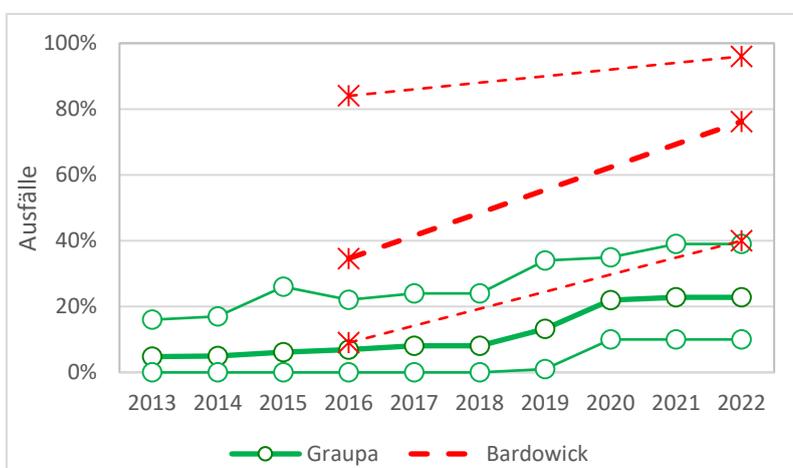


Abb. 6: Entwicklung der Ausfallrate auf den Versuchsflächen Graupa und Bardowick (Mittelwert und Spannweite, in Bardowick nur für die Jahre 2016 und 2022)

Biomasse

In der ersten Rotation war die Wuchsleistung auf allen drei Flächen mäßig (Abb. 7). Dies liegt in erster Linie daran, dass sich die Bäume erst etablieren mussten. Aber auch die Witterung war nicht so günstig, wie es die Abbildung 3 vermuten lässt. Die Vegetationsperiode 2013 war geprägt von Starkniederschlägen (Elbehochwasser 2013!) und längeren Trockenperioden. Für die zweite Rotation gibt es nur Daten der Versuchsfläche Graupa. Die Fläche war zu diesem Zeitpunkt etabliert und die Witterung 2016 für den Wiederaustrieb optimal, so dass einzelne Bäume eine Höhe von fast 6 m erreichten. Die Niederschläge 2017 waren ausreichend, um die gute Wuchsleistung fortzusetzen, so dass trotz des Dürrejahrs 2018 eine mittlere Wuchsleistung von 9 t/ha/a erreicht werden konnte. Der darauffolgende Rückschnitt war vermutlich problematisch für die Plantage Graupa. Die Bäume waren stark in ihrer Vitalität eingeschränkt und vermutlich nur bedingt in der Lage, Reservestoffe in den Wurzeln anzulegen. Dies schwächte den Wiederaustrieb erheblich und führte im Zusammenspiel mit zwei weiteren Trockenjahren zu einem Anstieg der Ausfallrate und einem deutlichen Zuwachseinbruch.

Für die Fläche in Bardowick gibt es keine Wuchsdaten aus der zweiten Rotation. Es spricht jedoch viel dafür, dass der geringe Zuwachs in der dritten Rotation seinen Ursprung auch in der mangelnden Wasserversorgung hat.

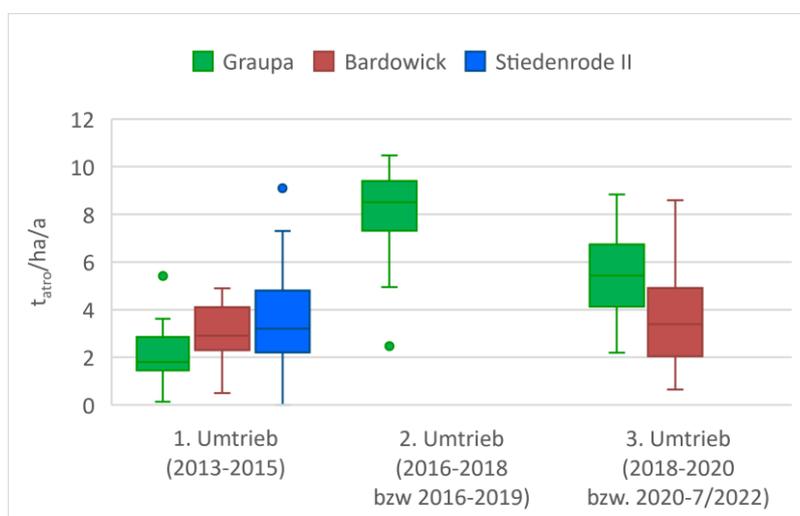


Abb. 7: Biomasse nach Rotationen

3.3 Betrachtung auf klonaler Ebene

Vitalität in unterschiedlichen Jahren

Die Aufnahmen der Trockenheitsschäden mit Hilfe der Bonitur der Blattverluste zeigen in jedem Aufnahmejahr deutliche Unterschiede zwischen den Klonen (Abb. 8). In den beiden Jahren mit großer Sommerhitze und Sommertrockenheit (2018 und 2022) zeigen die Klone auch jeweils ein ähnliches Verhalten. Vergleicht man diese Aufnahmen jedoch mit den Frühjahr- und Sommeraufnahmen der Jahre 2014 und 2015, so zeigen sich keine allgemeinen Zusammenhänge. Lediglich wenige Einzelklone sind tatsächlich immer relativ stark bzw. immer relativ wenig geschädigt.

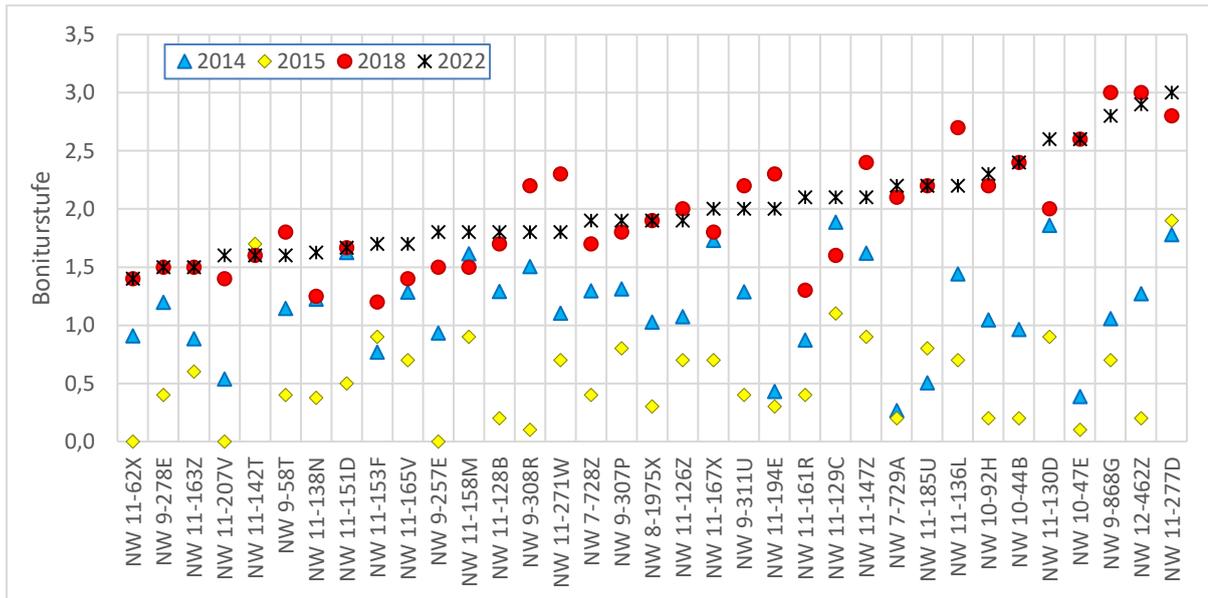


Abb. 8: Bonitur der Blattverluste in Abhängigkeit von Klon und Jahr auf der Fläche Graupa

Kontinuität der Wuchsleistung

Die Wuchsleistung der dritten Rotation zeigt nur einen schwachen (nicht signifikanten) Zusammenhang zur Wuchsleistung der ersten Rotation. Zwischen der zweiten und dritten Rotation ist dieser Zusammenhang deutlicher, wobei auch hier eine große Spannweite besteht (Abb. 9). Es gibt Klone, die in der zweiten Rotation sehr gute Zuwächse zeigten und in der dritten Rotation weit unterdurchschnittlich waren. Der umgekehrte Fall (schlechte Wuchsleistung in der zweiten Rotation und gute Wuchsleistungen in der dritten Rotation), kommt hingegen nicht vor.

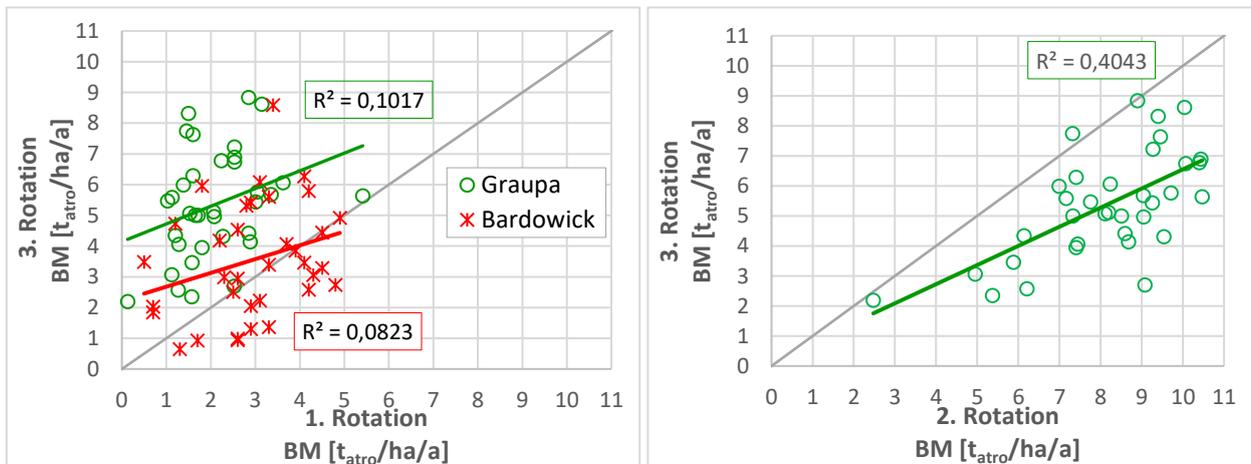


Abb. 9: Wuchsleistung verschiedener Zeiträume im Vergleich

Zusammenhang Vitalität und Wuchsleistung

Zwischen der Vitalität (in Form von Blattverlusten) und der Wuchsleistung bestand auf der Fläche Graupa ein schwacher Zusammenhang (Abb. 10). Betrachtet man nur den Bereich bis zur Boniturstufe 2 (<50% Blattverlust), entfällt dieser Zusammenhang.

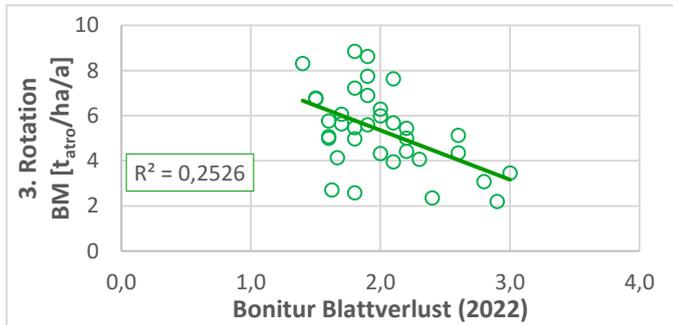


Abb. 10: Zusammenhang Trockenheitsschäden und Wuchsleistung

Zusammenhang Ausfälle und Wuchsleistung

Abbildung 11 zeigt die Wuchsleistung der einzelnen Klone auf den beiden Flächen Graupa und Bardowick für die einzelnen Rotationen in Bezug zur Ausfallrate. Deutlich ist der Zusammenhang zwischen Ausfällen und Wuchsleistung in der dritten Rotation in Bardowick. Unterhalb von 40 % Ausfällen gibt es jedoch keinen Zusammenhang zwischen diesen Größen.

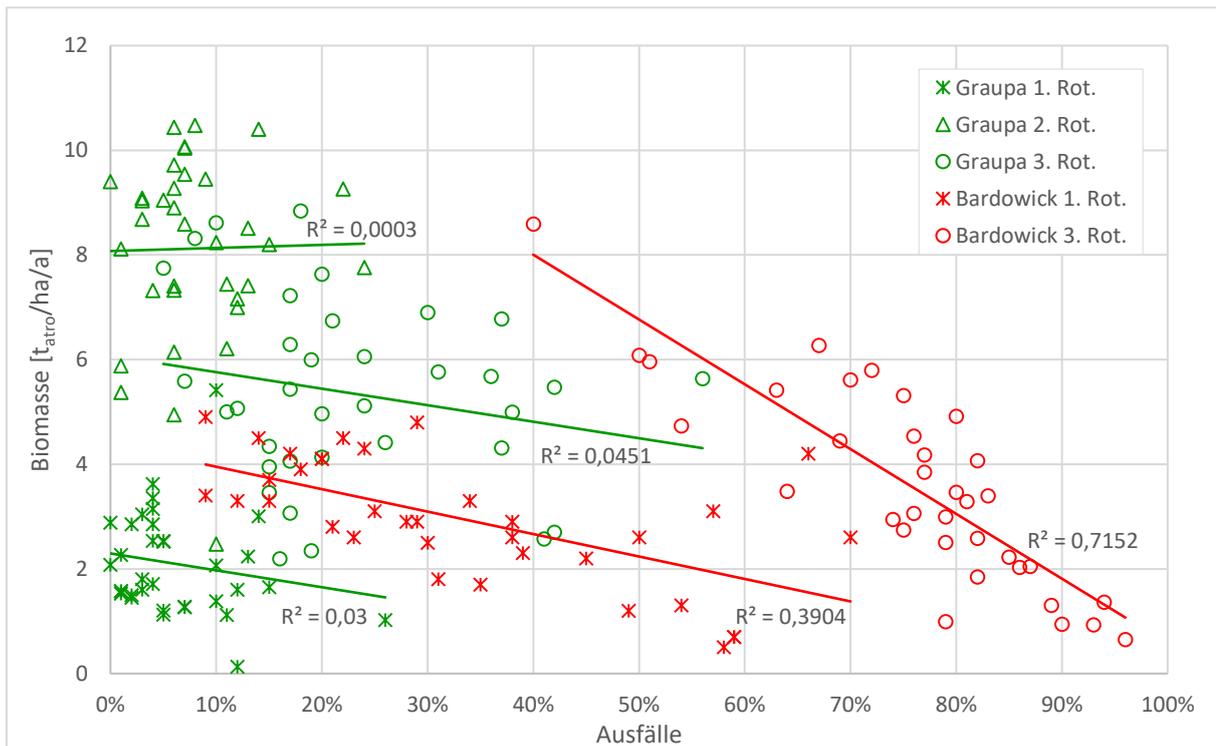


Abb. 11: Zusammenhang Ausfallrate und Wuchsleistung

Zusammenhang Vitalität und Ausfälle

Zwischen Blattverlust und Ausfallrate würde man zunächst vermutlich auch einen Zusammenhang vermuten. Tatsächlich ist dieser jedoch nur in einem Jahr signifikant nachweisbar und zwar in anderer Richtung als man ihn erwarten würde: Tendenziell ist es so, dass Klone, die eine schlechtere Boniturnote beim Blattverlust aufweisen, gleichzeitig geringere Ausfälle haben.

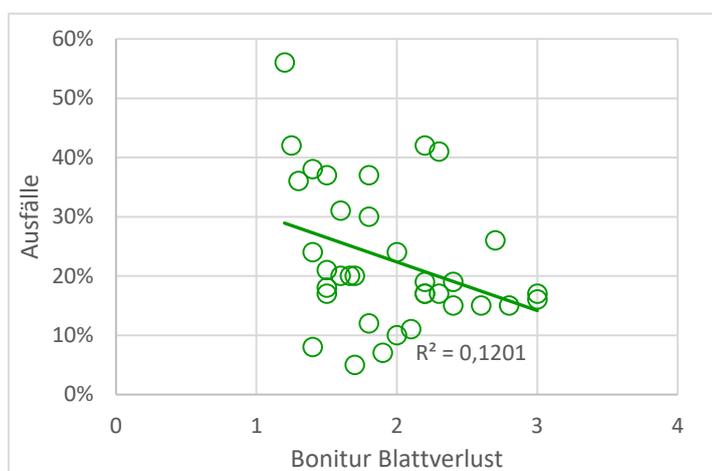


Abb. 12: Zusammenhang Trockenschäden und Ausfallrate (2018)

4 Diskussion

Die oben beschriebenen, stark variierenden phänologischen Eigenschaften der verschiedenen Pappelarten führen dazu, dass einige Hybridkreuzungen beide gewünschte Eigenschaften (früher Austrieb und später Blattfall) enthalten, wie dies bei vielen Neukreuzungen des Projekts FastWOOD der Fall ist. Dies führt zu einer verlängerten Vegetationsperiode gegenüber den Elternarten. Bei günstigen Umweltbedingungen kann so die volle Länge der Vegetationsperiode für das Wachstum genutzt werden, bzw. bei teilweise ungünstigen Bedingungen kann ein gutes Wachstum immer noch in einem anderen Teil der Vegetationsperiode erfolgen. Umgekehrt wirken schädliche Umwelteinflüsse (Trockenheit und Hitze) gegebenenfalls auch über die gesamte Länge der Vegetationsperiode ein. Die mit der Hybridkreuzung erreichbare große Bandbreite gilt auch für die Ausprägung anderer Eigenschaften und bildet die Grundlage für eine Auswahl entsprechend verschiedener gewünschter Kriterien.

Die Bestimmung der Trockenheitsresistenz von Klonen stößt auf mehrere Schwierigkeiten, beginnend bei der Begriffsbestimmung und der Frage des Zieles. Ein Aspekt kann die Reaktion der Bäume auf Trockenheit sein, also eine höhere Anwuchsrate, später eine geringere Ausfallrate oder eine bessere Vitalität. Ein anderer Aspekt betrifft Unterschiede in der Entwicklung der Wuchsleistung bei verschiedenen Formen von Trockenstress (Normalbedingungen, einmalige oder wiederholte Trockenheit). Hinzu kommen die vielfältigen Ausprägungsmöglichkeiten von Trockenheit und Dürreperioden: der Zeitpunkt im Jahr, die Dauer, die Stärke und auch die Häufigkeit.

Die Ergebnisse der Versuchsflächen der Serie 605 zeigen ganz klar, dass die Wasserversorgung der entscheidende Faktor beim Anbau von Pappeln in Kurzumtriebsplantagen ist. Die Wahl eines geeigneten Standorts ist deshalb die wichtigste Entscheidung vor der Anlage einer KUP. Vor dem Hintergrund des fortschreitenden Klimawandels muss aber auch auf grundsätzlich geeigneten Standorten mit temporärem Wassermangel gerechnet werden.

Deshalb sollten neu gezüchtete Pappel- und Weidenklone hinsichtlich ihrer Trockenstress-Resilienz evaluiert werden. Für einige der im Projekt FastWOOD erzeugten Klone der früheren Versuchsserie 603 fanden dazu bereits umfangreiche Untersuchungen statt (SCHILDBACH et al. 2012; SCHILDBACH 2014). Die Klone der Serie 605 konnten aufgrund der begrenzten Ressourcen im Projekt und aufgrund der Maßnahmen der Flächeneigentümer nicht in gleichem Maße untersucht werden. Dennoch kann auch die Auswertung der vorhandenen Daten erste Anhaltspunkte für die Eignung der verschiedenen Klone liefern und Hinweise für neue Forschungsansätze liefern.

Die Wuchsleistung und die Vitalität der Bäume sind nur schwach miteinander korreliert. Im vorliegenden Versuch kann dies auch daran liegen, dass die Wuchsleistung über die gesamte Umtriebszeit ermittelt wurde, während die Einschätzung der Vitalität eine Momentaufnahme ist. Mittels Gewächshausversuchen mit zeitlich höher aufgelösten Wuchsleistungsdaten ließen sich möglicherweise genauere Aussagen treffen.

Der auf den vorliegenden Versuchsflächen festgestellte Zusammenhang von Ausfallrate und Wuchsleistung zeigt, dass unter den gegebenen Bedingungen (Standort, Klima, Pflanzverband) erst ab einer Ausfallrate von über 40 % mit einem relevanten Rückgang der Biomasseleistung gerechnet werden muss. Unterhalb dieser Schwelle können die Nachbarbäume anscheinend den zusätzlichen Platz für das eigene Wachstum nutzen.

Auf den ersten Blick erscheint der negative Zusammenhang von Vitalität (in Form von Blattverlust) und der Ausfallrate unerwartet. Ein Erklärungsansatz könnte sein, dass manche Klone schneller reagieren und zur Vermeidung von weitergehenden Trockenschäden die Blätter beizeiten abwerfen und somit ihren Wasserverbrauch reduzieren, während andere Klone das vorhandene Wasser vollständig aufbrauchen und dann möglicherweise in größerer Anzahl absterben. Eventuell ist es aber auch andersherum: Die resistenten Klone überleben länger aber zum Teil auf einem geringeren Vitalitätsniveau. Bei den empfindlicheren Klonen sind möglicherweise die schwächeren bereits alle abgestorben, so dass nur noch die vitaleren übriggeblieben sind.

Insgesamt ergibt sich aus den vorliegenden Daten kein eindeutiges Bild bezüglich der Trockenheitsresistenz und der sonstigen Eignung einzelner Klone. Mit einem vollständigeren Datensatz wäre dies vielleicht besser möglich gewesen, aber auch in den vorhandenen Daten gibt es widersprüchliche Ergebnisse. Einige Klone, die auf der Fläche in Bardowick in manchen Kriterien gut abgeschnitten haben, stehen auf der Fläche in Graupa eher schlecht da und umgekehrt. Manche Klone sind auf einer Fläche in einem Kriterium in einem Jahr sehr gut und zu einem späteren Zeitpunkt eher schlecht, ohne erkennbare Ursachen. Eine klare Rangfolge für alle Klone kann deshalb nicht angegeben werden.

Einen ersten Überblick gibt die Tabelle 2. Für die Flächen Bardowick und Graupa wurden insgesamt sechs Kriterien ausgewählt, bei denen die Klone nach ihrer Rangfolge bewertet wurden.

Bei manchen Klonen lassen sich die Ursachen für die unterschiedlichen Reaktionen zumindest vermuten: Beim Klon „9-868G“, der der Sorte „AF 2“ entspricht, könnte es am Standort liegen. Diese Kreuzung von *P. deltoides* und *P. nigra* ist eine italienische Züchtung und stammt aus der Po-Ebene. Möglicherweise ist deshalb die Wuchsleistung auf der ebenfalls grundwasserbeeinflussten Fläche Bardowick deshalb besser als auf der Fläche in Graupa ohne Grundwasseranschluss. Der Vergleichsstandard „Max 1“ (hier: 7-729A) zeigt auf beiden Flächen ein gutes Überleben bei Trockenheit, was auch mit anderen Erfahrungen mit diesem Klon übereinstimmt (AWG 2017). Bei der letzten Vitalitätsansprache auf der Versuchsfläche Graupa zeigte er jedoch einen recht großen Blattverlust. Außerdem nutzt dieser Klon gute Wuchsbedingungen im Vergleich mit den anderen Neuzüchtungen nicht optimal aus, so dass er in Normaljahren im Zuwachs hinter jenen zurückbleibt. Beim Vergleichsstandard „Hybride 275“ (hier: 7-728Z) sind die Ergebnisse von Bardowick und Graupa widersprüchlich, jedoch ohne offensichtliche Ursache.

Die vielversprechendsten Neukreuzungen dieser Serie sind besonders im Hinblick auf den Klimawandel die Klone „9-257E“ und „11-128B“. Diese liegen auf beiden Flächen bei keinem Kriterium im letzten Drittel. Mindestens für diese Klone wäre auch eine weitergehende Prüfung zu empfehlen.

Tabelle 2: Reaktionsmuster der Klone der Serie 605 auf Trockenheit nach Rangfolge (1 = bestes Drittel, 2 = mittleres Drittel, 3 = schlechtestes Drittel beim jeweiligen Kriterium).

Klon		10-44B	10-47E	10-92H	11-126Z	11-128B	11-129C	11-130D	11-136L	11-138N	11-142T	11-147Z	11-151D	11-153F	11-158M	11-161R	11-163Z	11-165V	11-167X	11-185U	11-194E	11-207V	11-271W	11-277D	11-62X	12-462Z	7-605E	7-728Z	7-729A	8-1975X	9-257E	9-278E	9-307P	9-308R	9-311U	9-58T	9-868G	
Graupa	Wuchs normal	3	3	3	1	2	1	2	2	1	1	2	2	1	2	2	1	2	1	1	3	2	3	3	1	3		3	3	3	1	1	1	2	3	2	3	
	Wuchs bei Trockenheit	3	3	3	1	2	1	2	3	3	2	3	3	2	1	2	1	1	3	2	1	2	3	3	1	3		1	2	2	1	1	1	2	1	2	3	
	Ausfälle bei Trockenheit	2	1	1	1	2	2	2	3	3	3	1	2	3	2	3	3	2	3	1	1	3	3	1	1	1		1	1	1	1	2	3	3	2	1	1	
	Trockenheitsbonitur	3	3	3	2	1	2	3	3	1	1	2	1	1	1	2	1	1	2	3	2	1	1	3	1	3		2	3	2	1	1	2	1	2	1	3	
Bardowick	Wuchs bei Trockenheit	3	1	1	3	1	3	2	1	1	2	2	1	2	3	3	1	3	2	2	2	3	2	3	3		2	3	1	1	1	1	2	2	3	1	3	1
	Ausfälle bei Trockenheit	2	1	1	2	1	3	1	2	1	2	3	1	2	3	3	2	3	2	2	2	3	1	3	3		1	3	1	1	1	3	2	3	1	3	1	

Referenzen

- AWG [Bayerisches Amt für Waldgenetik] (2017): Pappelsorten für den Kurzumtrieb. Zugelassene und in Bayern empfohlene Klone. <https://www.awg.bayern.de/166070/index.php>. Abruf: 14.12.2022
- JANßEN A, FEY-WAGNER C, CZERNIKARZ H, GEBHARDT K (2012a): Verbundvorhaben „Fastwood“ und „Weidenzüchtung“. Beiträge aus der NW-FVA Band 8: 1-8
- JANßEN A, FEHRENS S, FEY-WAGNER C, HÜLLER W (2012b): Züchtung von Schwarz- und Balsampappeln für den Kurzumtrieb. Beiträge aus der NW-FVA Band 8: 33-54
- PETZOLD R, FEGER K H, RÖHLE H (2010). Standörtliche Voraussetzung für Kurzumtriebsplantagen. 44–53. In: BEMMANN A, KNUST C (Hrsg.), Agrowood. Berlin: Weißensee Verlag.
- UFZ Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung, Friedrich Boeing (2022): Dürremonitor. Dürreintensität in der Vegetationsperiode April bis Oktober für den Gesamtboden. <https://www.ufz.de/index.php?de=47252>. Abruf: 14.12.2022
- SCHILDBACH M (2014): Untersuchungen zur abiotischen Resistenz von Pappeln. Landbauforschung 2: 85-98
- SCHILDBACH M, WOLF H, HARTMANN K-U (2012): Untersuchungen zur abiotischen Resistenz schnellwachsender Baumarten. Beiträge aus der NW-FVA Band 8: 237-256

Autoren

MAREK SCHILDBACH

Staatsbetrieb Sachsenforst, Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft,
Referat Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna
Kontakt: Marek.Schildbach@smekul.sachsen.de

MARTIN HOFMANN

Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Abteilung Waldgenressourcen, Prof.-Oelkers-Straße 6,
34346 Hann. Münden

Untersuchungen zur Trockentoleranz von Erntebeständen der Baumarten Rot-Buche, Gemeine Fichte und Weiß-Tanne sowie deren Nachkommenschaften mit unterschiedlichen Methoden im Projekt sensFORclim

FRANK EILZER, LINA WINKLER, HEINO WOLF, KARL H. MELLERT

Zusammenfassung

Im Projekt sensFORclim werden die Hauptbaumarten des Bergmischwaldes Weiß-Tanne (*Abies alba* MILL.), Rot-Buche (*Fagus sylvatica* L.), Gewöhnliche Fichte (*Picea abies* [L.] H. KARST.) untersucht. Für diese Baumarten soll klimatolerantes, heimisches Forstvermehrungsgut identifiziert und über die Ausweisung geeigneter Erntebestände zur Verfügung gestellt werden. Pro Baumart werden zwölf Erntebestände untersucht. Die Erntebestände werden dendrochronologisch, waldwachstumskundlich und bodenkundlich untersucht sowie genotypisiert. Weiter werden ökophysiologischen und morphologisch-anatomischen Merkmale untersucht. Letztgenannte Untersuchungen werden zusätzlich an Nachkommenschaften der Bestände durchgeführt. Die ökophysiologischen und morphologisch-anatomischen Untersuchungen werden am Beispiel der Baumart Rot-Buche dargestellt.

Abstract

Investigations on the drought tolerance of stands of European beech, Norway spruce and silver fir as well as their progenies with different methods in the project sensFORclim

In the project sensFORclim, the main tree species of the mixed mountain forest European silver fir (*Abies alba* MILL.), European beech (*Fagus sylvatica* L.), Norway spruce (*Picea abies* [L.] H. KARST.) are investigated. Climate-tolerant native forest reproductive material will be identified for these tree species and made available through the designation of suitable seed stands. Twelve seed stands will be studied for each tree species. The seed stands will be examined dendrochronological, forest-growth scientific and pedological and genotyped. Furthermore, ecophysiological and morphological-anatomical characteristics will be investigated. The latter investigations are additionally carried out on progenies of the seed stands. The ecophysiological and morphological-anatomical investigations are presented using the example of the tree species European beech.

1 Einleitung

Durch ihre Langlebigkeit besitzen Bäume eine ausgeprägte Anpassung an lokale Umweltbedingungen. Diese lokalen Anpassungen können bei sich ändernden Klimabedingungen sowohl Vor- als auch Nachteil sein. Von grundlegender Bedeutung sind Kenntnisse über die tatsächlich möglichen Reaktionsnormen lokaler Baumpopulationen und deren Nachkommenschaften. Die Plastizität, mit der Populationen heimischer Baumarten auf Veränderungen der Umweltbedingungen reagieren können, bedarf weiterer Untersuchungen, um forstliches Vermehrungsgut besser hinsichtlich dessen Klimatoleranz beurteilen zu können.

Nach Antworten aus den sich daraus ergebenden Fragen sucht das Projekt sensFORclim. Untersucht werden im Projekt Erntebestände der Hauptbaumarten des Bergmischwaldes Weiß-Tanne (*Abies alba* MILL.), Rot-Buche (*Fagus sylvatica* L.), Gewöhnliche Fichte (*Picea abies* [L.] H. KARST.). Das Ziel ist es, klimatolerantes, heimisches Forstvermehrungsgut zu identifizieren und über die Ausweisung geeigneter Erntebestände der Praxis verfügbar zu machen. Weiter sollen bestehende ökologische Nischenmodelle überprüft und um eine genetische und phänotypische Variationsbreite erweitert werden.

Die Koordination des Projektes obliegt dem Bayerischen Amt für Waldgenetik (AWG). Projektpartner sind der Lehrstuhl für Waldwachstumskunde TU München (TUM), der Staatsbetrieb Sachsenforst (SBS), die Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg (FVA) und das Forstliche Forschungs- und Kompetenzzentrum Gotha (FFK) der ThüringenForst AöR. Das Untersuchungsgebiet erstreckt sich dementsprechend über die Bundesländer Baden-Württemberg, Bayern, Sachsen und Thüringen.

2 Methodik

Im Projekt wird ein bisher einmaliger interdisziplinärer Ansatz verfolgt. Ausgehend von der Stratifizierung der vorhandenen Erntebestände durch Nischenmodelle werden ausgewählte Erntebestände mit Methoden der Resilienzforschung, Populationsgenetik und Ökophysiologie untersucht.

Die ökologischen Nischenmodelle dienen zur Ermittlung der Marginalität von Erntebeständen. Die Marginalität beschreibt die klimatische Vulnerabilität der Bestände (DORADO-LIÑÁN et al. 2019; MELLERT et al. 2015, 2016) und ist hierbei definiert als die klimatische Distanz einer Teilpopulation zur Verbreitungsgrenze der Art. Das zentrale Kriterium dafür ist der Wasserhaushalt. Der Fokus der Untersuchungen liegt auf warm-trockenen Standorten der Baumarten im Untersuchungsgebiet, da diese im Klimawandel von Relevanz sind (HAMPE und PETIT 2005). Ausgangspunkt für die Auswahl der Bestände war eine prognostizierte Marginalität basierend auf Daten der Klimaperiode 1970-2000 mit einer Temperaturerhöhung von +2,5 °C bis Ende dieses Jahrhunderts. Die Einteilung der Marginalität erfolgte in den Stufen optimal, intermediär, marginal und im marginalen Bereich wurde zusätzlich ein Grenzbereich ausgewiesen, der sich durch Standorte mit geringer Speicherkapazität (nFK) als zusätzlicher Wasserhaushaltseinschränkung auszeichnet. Zweites Kriterium war die Nährstoffversorgung, die in die Stufen basenreich, mittelbasisch und basenarm wurde. Das vorhandene Standortspektrum wurde somit in vier Stufen der Marginalität und in drei Stufen der Nährstoffversorgung eingeteilt. Daraus ergab sich eine Matrix mit zwölf Straten (Tabelle 1), die pro Baumart mit einem Erntebestand besetzt wurden. Neben diesen Kriterien war u. a. eine ausreichende Bestandesgröße (> 5 ha), ein geschlossenes Kronendach, die Verfügbarkeit von Pflanzenmaterial der Bestände in Baumschulen sowie die Verwendung von Nachkommenschaften der Bestände in bestehenden Herkunftsversuchen (HKV) von Bedeutung.

Tabelle 1: Übersicht der untersuchten Rot-Buchenbestände (Intensivbestände grün hinterlegt, Nachkommenschaften in Herkunftsversuchen fett gedruckt).

	Optimal	Intermediär	Marginal	Grenzstandorte
basenreich	Kaufbeuren-Riedwald	Sailershäusen/ Hainwiese	Arnstein	Tauberbischofsheim
mittelbasisch	Ulm-Kreuzeck Wurzelberg	Ottendorf	Östringen/ Schindelberg	Langenbrettach/ Heilbronn
basenarm	Cunnersdorf	Marxzell	Mockrehna	Mockrehna

Bei der Rot-Buche konnten nicht alle Straten der Untersuchungsmatrix mit Erntebeständen besetzt werden. Dies betraf vor allem den marginalen und Grenzbereich. Als Ersatz wurde auf vier Bestände zurückgegriffen, die nicht als Erntebestand zugelassen sind. Drei der berücksichtigten Bestände sind in Rot-Buchen-Herkunftsversuchen vertreten.

Die ausgewählten Erntebestände wurden zunächst dendrochronologisch, waldwachstumskundlich und bodenkundlich untersucht sowie mittels neutralen Marken genotypisiert. Anschließend erfolgte eine Fokussierung auf sechs über die Standortsamplitude verteilte Bestände pro Baumart (Intensivbestände). In

diesen Intensivbeständen finden eine Genotypisierung mittels adaptiver Marker und zusätzlich Untersuchungen zum Ernährungszustand sowie zu ökophysiologischen und morphologisch-anatomischen Merkmalen statt. Letztgenannte Untersuchungen werden auch an Nachkommenschaften der Bestände durchgeführt. Somit können diese Untersuchungen auf der Ebene der Altbestände, auf der Ebene bestehender Herkunftsversuche und auf der Ebene von Jungpflanzen durchgeführt werden. Die Kombination unterschiedlicher Untersuchungsansätze an ein und demselben Material (Erntebestände) und der Verknüpfung unterschiedlicher ontogenetischer Stadien ein und desselben Ausgangsmaterials (Erntebestand, Nachkommen in HKV, Jungpflanzen) unter Anwendung ein und desselben Methodenkataloges ist einmalig. Über diesen Ansatz sollen Rückschlüsse auf die unmittelbare und mittelbare Reaktionsfähigkeit der untersuchten Baumarten im Hinblick auf die Veränderung relevanter klimatischer Parameter gezogen werden. Weiter können die Ergebnisse so in die Gesamtvariation der Baumarten eingeordnet werden.

Im Folgenden werden die ökophysiologischen Untersuchungen am Beispiel der Baumart Rot-Buche beschrieben. Begonnen wird auf Ebene der Altbestände, gefolgt von der Ebene der Herkunftsversuche und abschließend der Ebene der Jungpflanzen. Die auf Ebene der Altbestände untersuchten Intensivbestände sind in Tabelle 1 (S. 44) dargestellt. Im Zuge der Probenahme für Untersuchungen zum Ernährungszustand wurden auch Proben zur Untersuchung der Xylemleitfähigkeit und Blattmorphologie entnommen.

Die Resistenz gegenüber Kavitationen hat wichtige Auswirkungen auf die Physiologie und Ökologie von Pflanzen (COCHARD et al. 2013). Sie gilt u. a. als wichtiger Faktor der Trockenstresstoleranz (POCKMAN und SPERRY 2000). In Folge von Trockenstress kann es zur Bildung von Embolien in den Leitelementen kommen und diese dadurch irreversibel schädigen. Auf Grund dessen nimmt die Xylemleitfähigkeit (hydraulische Konduktivität) der betroffenen Leitelemente ab. Nach HESSE (2008) bedeutet ein niedriger prozentualer Leitfähigkeitsverlust nach dem Auftreten von Embolien, dass Embolien erst bei höheren Saugspannungen entstehen. Weiter konnte HESSE (2008) feststellen, dass Herkünfte mit hohen Leitfähigkeitsverlusten vermehrt zur Schiffchenbildung neigen.

Die Untersuchungen zur Blattmorphologie und -anatomie beziehen sich auf Eigenschaften, die die Toleranz gegenüber Trockenstress beeinflussen können. Bei Eiche konnte GRUNDMANN (2015) signifikante Unterschiede der Stomatadichte, der Dicke von Epidermis und Mesophyll zwischen verschiedenen Populationen nachweisen. CARPENTER und SMITH (1975) beobachteten, dass die xerische Arten eine geringere Stomatadichte aufweisen und sehen einen Trend abnehmender Stomatalängen mit steigender Stomatadichte. Auch innerhalb einer Art konnten höhere Stomatadichten für Herkünfte trockener Standort nachgewiesen werden (ABRAMS 1994). Nach ABRAMS (1994) und ROLOFF (2010) gilt eine verringerte Blattfläche als eine Anpassung an Trockenstress. Gleichwohl ist die Blattgröße aber auch abhängig von der Nährstoffversorgung (STRUCK 1999). Weiter existieren selbst innerhalb eines Baumes Unterschiede zum Beispiel zwischen Sonnen- und Schattenblättern (GRUNDMANN 2009; STRUCK 1999).

Die Probenahme erfolgte in der Lichtkrone (Oberes Kronendrittel, Außenbereich) an vier Stellen. An jeder Stelle wurde je eine Zweigprobe für die Xylemleitfähigkeit und die Blattmorphologie entnommen. Die Probe für die Xylemleitfähigkeit bestand aus einem mindestens dreijährigen Trieb mit einer Länge von mindestens 10 cm. Für die Untersuchungen zur Blattmorphologie sollten einjährige Triebe mit mindestens fünf Blättern entnommen werden. Auf Grund der häufigen Bildung von Kurztrieben in den letzten Jahren war es unmöglich, immer Probenmaterial in der gewünschten Form zu gewinnen. Untersucht wurde das dritte Blatt von der Spitze eines Triebes unabhängig vom Alter des Triebabschnittes. War dieses beschädigt, wurde das nächste unbeschädigte Blatt verwendet. An diesem Blatt wurden die Stomatadichte und -länge sowie Blattfläche und Blattflächengewicht ermittelt. Aus den vier Proben pro Baum wurde der Mittelwert berechnet.

Auf Grund der Erfahrungen und bisherigen Ergebnisse der Messungen zur Xylemleitfähigkeit wurde auf Ebene der Herkunftsversuche darauf verzichtet. Dafür wurden neben den bereits auf Ebene der Altbestände angewandten morphologischen Untersuchungen zusätzlich blattanatomische Untersuchungen durchgeführt. Diese umfassten die Messungen der Dicke von Palisaden- und Schwammgewebe.

Aus den Beständen Kaufbeuren, Cunnersdorf und Ottendorf sind Nachkommenschaften in HKV vertreten (Tabelle 1). Die Untersuchungen finden in zwei Flächen des Sächsischen Rotbuchen-Herkunftsversuches 1993 (Rübenau, Graupa) sowie in jeweils einer Fläche des I. und II. Internationalen Rotbuchen-Herkunftsversuch Aussaat 1993 (Malter) bzw. 1996 (Colditz) statt. Aus den in den HKV vertretenen Herkünften wurde eine Auswahl getroffen, die sowohl das Untersuchungsgebiet als auch die Gesamtverbreitung der Baumart bestmöglich repräsentiert (Tabelle 2).

Tabelle 2: Übersicht der ausgewählten Herkunftsversuchsflächen und Herkünfte.

Herkunft	Rübenau (I)	Graupa (II)	Colditz (III)	Malter (IV)
Cunnersdorf (D/Sn)	X	X	X	
Ottendorf (D/Sn)	X	X	X	
Chorin (D/Bb)	X	X		X
Büdingen (D/He)	X	X		X
Urach (D/BW)	X	X	X	
Winterstein (D/Th)	X	X		X
Kaufbeuren (D/By)				X
Grasten (DK)			X	X
Postojna (SLO)			X	X
Ribaritza (BG)				X
Anguiano (E)				X
Veneto (I)				X
Beius-Bihor (RO)				X
Tharandt/ Dorfhain (D/Sn)				X

Für Rot-Buchen konnten u. a. PETRÍK et al. (2020) und STOJNIC et al. (2015) Unterschiede von Blattmerkmalen zwischen verschiedenen Herkünften auf einer Versuchsfläche und innerhalb einer Herkunft auf verschiedenen Versuchsflächen nachweisen. Dies betrifft zum Beispiel die Stomatadichte und –länge, die Blattfläche und –dicke, die Dicke des Palisaden- und Schwammgewebes (STOJNIC et al. 2015). PETRÍK et al. (2020) untersuchten ebenfalls die Stomatadichte und -länge und bildeten daraus einen potenziellen Leitfähigkeitsindex. Weiter untersuchten sie das Blattflächengewicht und die phänotypische Plastizität (PETRÍK et al. 2020). STOJNIC et al. (2015) stellten fest, dass auch Herkünfte aus Zentral- und Osteuropa und mesischen Standorten sklerophylle Blattstrukturen aufweisen können.

Die hier untersuchten HKV wurden bereits mehrfach im Rahmen von Abschlussarbeiten und internen Untersuchungen des SBS untersucht. Dabei erfolgten Aufnahmen des Austriebes (u. a. BRETTSCHEIDER 2012; WOLF 2001), Untersuchungen zur Trockenstresstoleranz (u. a. HESSE 2008; JANNOCH 1999; RUST und SOLGER 2005) und zur Blattanatomie (u. a. SOLGER 2008; STEGLICH 2010).

Pro Herkunft und Versuchsfläche wurden 20 Bäume beprobt. Pro Baum wurde eine Probe aus der Lichtkrone genommen. Die Blattmorphologie wurde am vierten Blatt und die Blattanatomie am fünften Blatt von der Triebspitze untersucht.

Auf Ebene der Jungpflanzen wurde ein Trockenstressexperiment im Gewächshaus im Sommer 2022 durchgeführt. Dafür wurde parallel zur Auswahl der Bestände mit der Akquisition von Pflanzenmaterial in Baumschulen begonnen. Auf Grund der hohen Nachfrage und fehlender Mastjahre, konnten nur aus einem Bestand Baumschulpflanzen erworben werden (Ulm-Kreuzeck). In den anderen Intensivbeständen wurde

Pflanzenmaterial über Wildlinge gewonnen. In beiden Beständen in Mockrehna waren weder Baumschulpflanzen noch Naturverjüngung vorhanden (Tabelle 3).

Tabelle 3: Übersicht über die verwendeten Nachkommenschaften.

Bestand	Pflanzenmaterial	Erntebestand
Kaufbeuren	Wildlinge	Ja
Ulm-Kreuzeck	Baumschule	Ja
Cunnersdorf	Wildlinge	Ja
Tauberbischofsheim	Wildlinge	Nein
Arnstein	Wildlinge	Ja
Ottendorf	Wildlinge	Ja

Der Versuch wurde mit den Varianten „Trocken“, ohne Bewässerung, und „Kontrolle“, mit ausreichender Bewässerung, durchgeführt. Pro Versuchsvariante wurden vier Wiederholungen mit je 5 Pflanzen pro Bestand verwendet. Die Anordnung der Bestände innerhalb einer Wiederholung erfolgte zufällig über ein Losverfahren. Die Verteilung erfolgt in Anlehnung des Prinzips einer unvollständigen Blockbildung (LIESEBACH et al. 2017).

3 Bisherige Ergebnisse und Diskussion

Für die Ebenen der Herkunftsversuche und Jungpflanzen liegen zum jetzigen Zeitpunkt noch keine Ergebnisse vor. Für die Untersuchungen der Blattmorphologie der Altbestände wurden zwei Arbeitshypothesen aufgestellt.

Hypothese 1 umfasst die Merkmale Blattfläche und Blattflächengewicht:

Bestände auf schlechter wasserversorgten Standorten weisen geringere Blattflächen und höheres Blattflächengewicht auf.

Der Bestand Ottendorf hat die niedrigste mittlere Blattfläche (17,48 cm²) und unterscheidet sich signifikant von den Beständen Kaufbeuren (Optimal) und Arnstein (Marginal) (Abb. 1, Tabelle 4). Für das Merkmal Blattflächengewicht können die Bestände in zwei Gruppen eingeteilt werden (Abb. 2). Gruppe 1 besteht aus

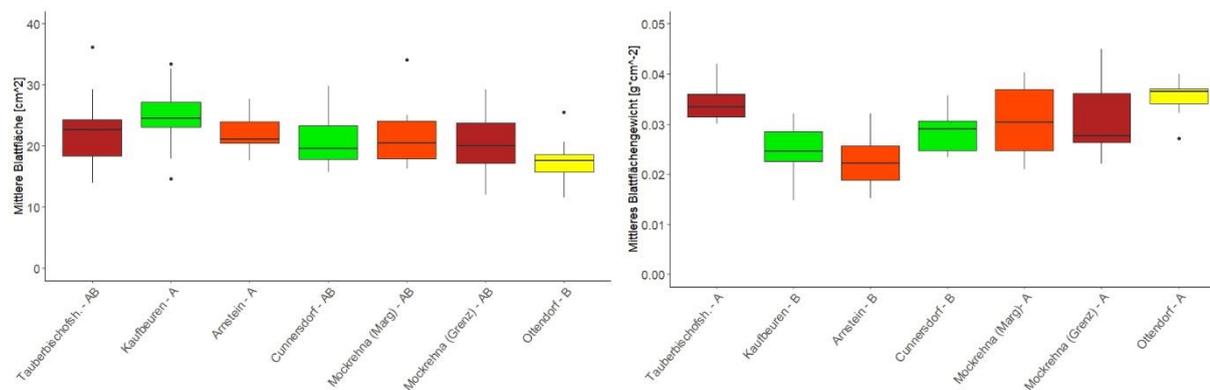


Abb. 1: Mittlere Blattfläche pro Bestand (Farbe nach Marginalität (optimal: grün, intermediär: gelb, marginal: orange, Grenzstandort: rot), Buchstaben nach Grundgesamtheit).

Abb. 2: Mittleres Blattflächengewicht pro Bestand.

Kaufbeuren, Arnstein und Cunnersdorf und weist ein signifikant niedrigeres mittleres Blattflächengewicht auf zu Gruppe 2 (Tauberbischofsheim, Mockrehna (Marginal und Grenz) und Ottendorf).

Interessant erscheint der Bestand Ottendorf (Intermediär), der diese Merkmale aufweist und im Vergleich zu anderen Beständen mit relativ geringer Streuung der Merkmale.

Tabelle 4: Mittelwerte ausgewählter untersuchter Parameter pro Bestand.

Bestand	Stomatadichte [mm ⁻²]	Stomatalänge [µm]	PCI	Blattfläche [cm ²]	Blattflächengewicht [g*cm ⁻²]
Tauberbischofsheim	268,8	13,8	5,14	22,34	0,034
Kaufbeuren	238,3	12,9	4,00	24,62	0,025
Arnstein	211,5	12,5	3,31	22,30	0,022
Cunnersdorf	189,5	12,8	3,16	21,09	0,028
Mockrehna (Marg)	245,3	13,7	4,63	21,39	0,031
Mockrehna (Grenz)	245,3	13,4	4,50	20,48	0,031
Ottendorf	236,7	13,7	4,43	17,48	0,036

Arbeitshypothese 2 umfasst die Merkmale Stomatadichte und -länge:

Bestände auf schlechter wasserversorgten Standorten weisen höhere Stomatadichten und geringere Stomatalängen auf.

Die mittlere Stomatadichte der Altbestände ist in Abbildung 3 dargestellt (siehe auch Tabelle 4). Die Farbgebung in den Abbildungen ist abhängig von der Marginalität (zentrales Kriterium Wasserhaushalt) der Altbestände. Zwischen den Beständen zeigen sich signifikante Unterschiede. Zum Beispiel hat der Bestand Cunnersdorf (Optimal) eine signifikant niedrigeren Stomatadichte als die restlichen untersuchten Bestände. Der Bestand Tauberbischofsheim (Grenz) weist mit 268,8 mm⁻² die höchste mittlere Stomatadichte auf. Beide genannten Bestände zeigen zwar die laut Hypothese 1 erwarteten Tendenzen, jedoch zeigen die restlichen Bestände diese nicht. Signifikante Unterschiede existieren auch für die mittlere Stomatalänge (Abb. 4). Der Bestand Arnstein (Marginal) hat eine signifikant niedrigere mittlere Stomatalänge als die Bestände Tauberbischofsheim (Grenz), Mockrehna (Marginal) und Ottendorf (Intermediär). Jedoch kann auch hier keine Abhängigkeit von der Marginalität festgestellt werden, die die Hypothese stützt.

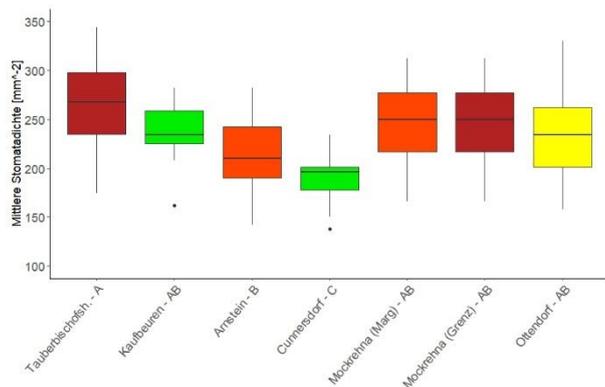


Abb. 3: Mittlere Stomatadichte pro Bestand.

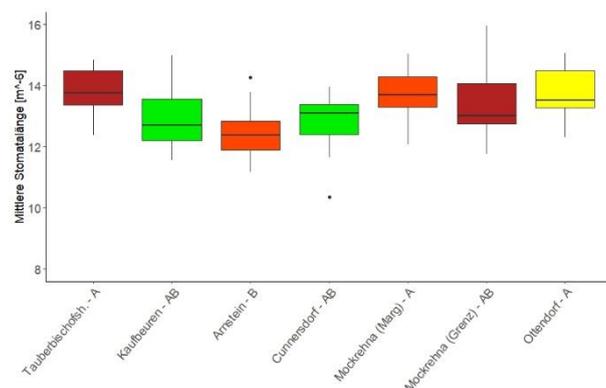


Abb. 4: Mittlere Stomatalänge pro Bestand.

Der Potential Conductance Index (PCI) ist ein Näherungswert für die maximale stomatäre Atmung und wird aus Stomatadichte und -länge berechnet (PETRÍK et al. 2020; STOJNIC et al. 2015). Bei Untersuchungen in Herkunftsversuchen zeigte sich, dass Herkünfte, die im Vergleich zu ihrem ursprünglichen Standort in eine trockenere Umgebung wuchsen, eine geringere Stomatadichte und PCI aufwiesen (PETRÍK et al. 2020). Die niedrigsten Werte des PCI weisen die Bestände Arnstein und Cunnersdorf auf (Tabelle 4, Abb. 5). Beide Bestände unterscheiden sich signifikant vom Bestand Tauberbischofsheim.

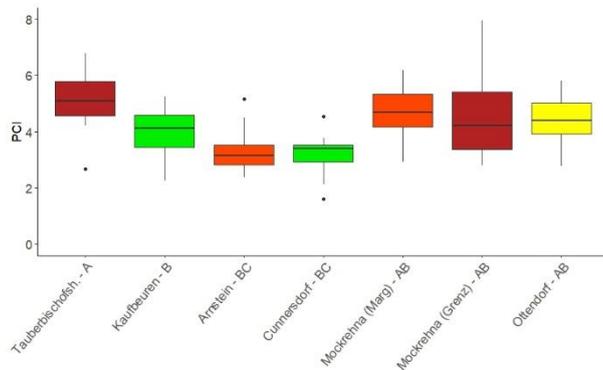


Abb. 5: PCI.

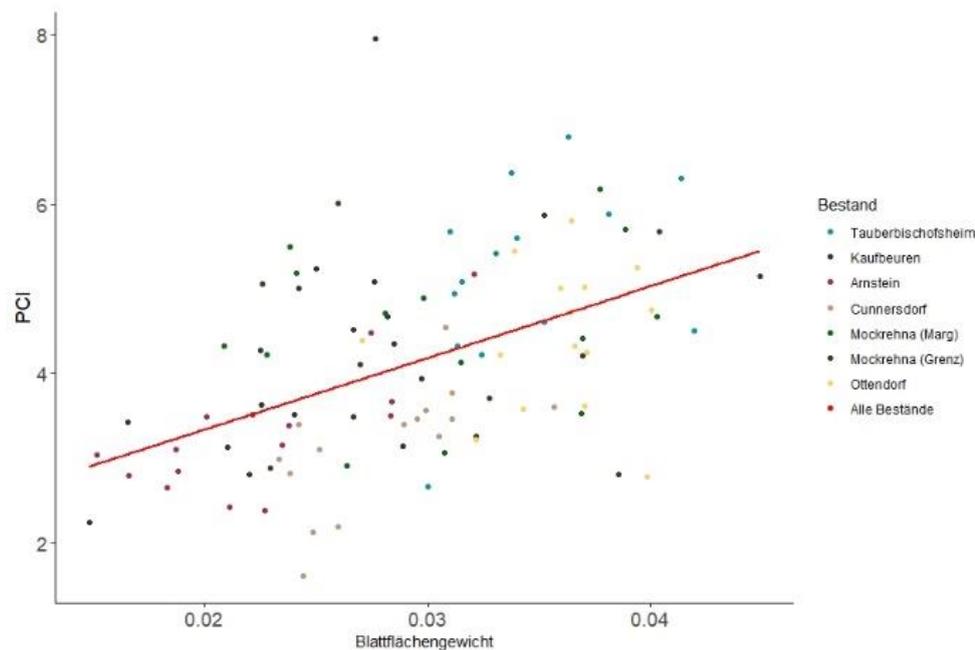


Abb. 6: Korrelation Blattflächengewicht und PCI

Zwischen dem Blattflächengewicht und dem PCI liegt eine mittlere positive Korrelation über alle Probestämme vor ($r = 0,484$, Abb. 6). Eine mittlere positive Korrelation liegt zwischen dem Blattflächengewicht und der Stomatallänge ($r = 0,368$) sowie zwischen dem Blattflächengewicht und der Stomatadichte ($r = 0,455$) vor. Bäume mit einem höheren Blattflächengewicht haben demnach eine höhere Stomatadichte und längere Stomata und somit einen höheren PCI.

Die Ausprägung blattmorphologischer Merkmale ist nicht nur abhängig vom Wasserhaushalt der Bestände. Weitere Einflussfaktoren sind die Nährstoffversorgung (ZHU et al. 2022) sowie kleinräumige Unterschiede in den standörtlichen Faktoren auf Bestandesebene. Hier sollen die Ergebnisse zum Ernährungszustand einbezogen werden. Weiter sind jährliche Variationen der Merkmale bekannt (WEITHMANN et al. 2021). PETRIK et al. (2022) konnten signifikante Zusammenhänge zwischen meteorologischen Bedingungen des Vorjahres und verschiedenen Merkmalen der Blattmorphologie bei Rot-Buche nachweisen.

4 Ausblick

Für die ökophysiologischen Untersuchungen liegt der Fokus zunächst auf dem Abschluss der Beprobung und den Untersuchungen auf Ebene der Herkunftsversuche. Wie sich aus den bisherigen Ergebnissen zur Rot-Buche andeutet, lassen sich auf Grund der hohen morphologischen Plastizität der Baumart kaum Unterschiede auf Bestandesebene erkennen. Hier soll eine Auswertung auf Individualebene erfolgen. Im Gesamtprojekt ist die Zusammenführung der Ergebnisse der Genetik, Dendrochronologie, Ernährung und der Physiologie eine zentrale Aufgabe. Dazu werden aktuell Auswertungsansätze diskutiert und erarbeitet.

Danksagung

Gefördert wird das Projekt sensFORclim durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) und das Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz, nukleare Sicherheit und Verbraucherschutz (BMU) durch einen Beschluss des Deutschen Bundestages. Projektträger ist die Fachagentur für Nachwachsende Rohstoffe (FNR), die Förderung erfolgt über den Waldklimafonds.

Referenzen

- ABRAMS M D (1994): Genotypic and phenotypic variation as stress adaptations in temperate tree species: a review of several case studies. *Tree Physiology* 14: 833–842
- BRETTSCHEIDER M (2012): Untersuchungen zum Einfluss der Wasserversorgung während des Austriebs auf die Stomata-Entwicklung von Rotbuchen-Sämlingen. Tharandt: Technische Universität Dresden, Fachrichtung Forstwissenschaften, Bachelorarbeit
- CARPENTER S B, SMITH ND (1975): Stomatal distribution and size in southern Appalachian hardwoods.
- COCHARD H, BADEL E, HERBETTE S, DELZON S, CHOAT B, JANSEN S (2013): Methods for measuring plant vulnerability to cavitation: a critical review. *Journal of Experimental Botany* 64 (15): 4779–4791
- DORADO-LIÑÁN I, PIOVESAN G, MARTÍNEZ-SANCHO E, GEA-IZQUIERDO G, ZANG C, CAÑELLAS I, et al. (2019): Geographical adaptation prevails over species-specific determinism in trees' vulnerability to climate change at Mediterranean rear-edge forests. *Global Change Biology* 25 (4): 1296–1314
- GRUNDMANN B (2009): Determination des Anpassungspotentials von autochthonen Eichenvorkommen in Sachsen an irreversible Klimaveränderungen. Dresden: TU Dresden
- HAMPE A, PETIT RJ (2005): Conserving biodiversity under climate change: the rear edge matters. *Ecology Letters* 8 (5): 461–467
- HESSE M (2008): Reaktionen von ausgewählten Rotbuchen- (*Fagus sylvatica* L.)-Herkünften auf Trockenheit. Dresden: Technische Universität Dresden, Fachrichtung Forstwissenschaften, Diplomarbeit
- JANNOCH A (1999): Untersuchungen zur Reaktion von Jungpflanzen der Rotbuche (*Fagus sylvatica* L.) aus verschiedenen Herkunftsgebieten auf spätsommerlichen Trockenstress. Dresden: Technische Universität Dresden, Fachrichtung Forstwissenschaften, Diplomarbeit
- LIESEBACH M, AHRENHÖVEL W, JANßEN A, KAROPKA M, RAU H-M, ROSE B et al. (2017): Planung, Anlage und Betreuung von Versuchsflächen der Forstpflanzenzüchtung: Handbuch für die Versuchsanstellung. Thünen Report 49.

- MELLERT KH, DEFFNER V, KÜCHENHOFF H, KÖLLING C (2015): Modeling sensitivity to climate change and estimating the uncertainty of its impact: A probabilistic concept for risk assessment in forestry. *Ecological Modelling* 316: 211–216
- MELLERT KH, EWALD J, HORNSTEIN D, DORADO LIÑÁN I, JANTSCH M, TAEGER S et al. (2016): Climatic marginality: a new metric for the susceptibility of tree species to warming exemplified by *Fagus sylvatica* (L.) and Ellenberg's quotient. *European Journal of Forest Research*, 135 (1): 137-152
- PETRIK P, PETEK A, KONŔPKOVÁ A, BOSELA M, FLEISCHER P, FRÝDL J, KURJAK D (2020): Stomatal and Leaf Morphology Response of European Beech (*Fagus sylvatica* L.) Provenances Transferred to Contrasting Climatic Conditions. *Forests* 11 (12): 1359
- PETRIK P, PETEK-PETRIK A, KURJAK D, MUKARRAM M, KLEIN T, GÖMÖRY D et al. (2022): Interannual adjustments in stomatal and leaf morphological traits of European beech (*Fagus sylvatica* L.) demonstrate its climate change acclimation potential. *Plant Biology* 24 (7): 1287–1296
- POCKMAN WT, SPERRY JS (2000): Vulnerability to xylem cavitation and the distribution of Sonoran Desert vegetation. *American Journal of Botany* 87 (9): 1287–1299
- ROLOFF A (2010): Bäume: Lexikon der praktischen Baumbiologie. 2. völlig neu überarbeitete Auflage. Wiley-VCH Verlag GmbH & Co. KGaA
- RUST S, SOLGER A (2005): Reihenuntersuchungen zur Trockenstresstoleranz von Rotbuchen-Herkünften. Abschlussbericht, unveröffentlicht. Tharandt: Dendro-Institut Tharandt
- SOLGER A (2008): Ermittlung von Stomatahäufigkeit (Stomatadichte) sowie Längen und Breiten unterschiedlicher Rotbuchenherkünfte (*Fagus sylvatica* L.). Abschlussbericht, unveröffentlicht.
- STEGELICH S (2010): Variation der Blatt – Stomata von ausgewählten Herkünften der Rotbuche (*Fagus sylvatica* L.). Tharandt: Technische Universität Dresden, Fachrichtung Forstwissenschaften, Bachelorarbeit
- STOJNIC S, ORLOVIC S, MILJKOVIC D, GALIC Z, KEBERT M, VON WUEHLISCH G (2015): Provenance plasticity of European beech leaf traits under differing environmental conditions at two Serbian common garden sites. *European Journal of Forest Research* 134 (6): 1109–1125
- STOJNIC S, ORLOVIC S, TRUDIĆ B, ZIVKOVIC U, WUEHLISCH G, MILJKOVIC D (2015): Phenotypic plasticity of European beech (*Fagus sylvatica* L.) stomatal features under water deficit assessed in provenance trial. *Dendrobiology* 73: 163–173
- STRUCK G (1999): Effekte von Pflanzverband, Kulturdüngung und Schlagräumung am Beispiel junger Traubeneichenbestände. Göttingen. Hainholz-Verlag Göttingen: Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie, Universität Göttingen
- WEITHMANN G, SCHULDT B, LINK R, HEIL D, HOEBER S, JOHN H et al. (2021): Leaf trait modification in European beech trees in response to climatic and edaphic drought. *Plant Biology*, 24: 1–15
- WOLF H (2001): Common Beech for Forestation and Diversification: Development of Forestation Techniques and Assessment of the Genetic Variation in Reproductive Material. Graupa: Sächsische Landesanstalt für Forsten
- ZHU J, THIMONIER A, ETZOLD S, MEUSBURGER K, WALDNER P, SCHMITT M et al. (2022): Variation in Leaf Morphological Traits of European Beech and Norway Spruce Over Two Decades in Switzerland. *Frontiers in Forests and Global Change* 4 [09.12.2022]

Autorin und Autoren

FRANK EILZER, LINA WINKLER, HEINO WOLF

Staatsbetrieb Sachsenforst, Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft, Referat Forstgenetik/
Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna

KARL H. MELLERT

Bayerisches Amt für Waldgenetik, Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf

Genetische Anpassung von drei heimischen Eichenarten an Trockenstress. Erste Ergebnisse aus dem BiodivERsA Projekt ACORN

SIMON JANSEN, PELIN ACAR, FILIPPOS A. ARAVANOPOULOS, ASIYE ÇİFTÇİ, FUNDA ÖZDEMİR DEĞİRMENCI, KÜRŞAT DUYAR, ÖZLEM MAVI İDMAN, ÇİĞDEM KANSU, ZEKI KAYA, JÖRG KLEINSCHMIT, DEBORAH MARIE LEIGH, FANI G. LYROU, CHRISTIAN RELLSTAB, DEVRİM SEMİZER-CUMING, NIKOS TOURVAS, CHARALAMBOS NEOPHYTOU

Zusammenfassung

Angesichts des Klimawandels stehen die europäischen Wälder vor großen Herausforderungen und es stellt sich die Frage, ob lokale Baumpopulationen sich schnell genug an die ändernden Klimabedingungen anpassen können. Aus diesem Grund wird vermehrt der Transfer von vorangepasstem forstlichem Vermehrungsgut diskutiert. Durch die Auswahl von Saatgut aus Beständen, die aktuell trockenere Umweltbedingungen im Vergleich zum Anbauort aufweisen, kann die lokale Anpassung an zukünftige Klimabedingungen verbessert werden. Dennoch sind aktuelle Herkunftsempfehlungen stark auf lokale Saatgutquellen fokussiert. Zudem werden Saatguterntebestände phänotypisch ausgewählt und stocken meist im ökologischen Optimum der jeweiligen Art. Im Rahmen des internationalen Forschungsprojekts ACORN werden nun mittels genetischer und genomischer Ansätze, Bestände der Stiel-, Trauben-, und Flaumeiche untersucht, um Populationen zu identifizieren, die ein hohes Anpassungspotential an einen klimabedingten erhöhten Boden-Trockenstress aufweisen. Unter der Hypothese, dass in der Vergangenheit die natürliche Auslese zur Etablierung der trockenolerantesten Genotypen beitrug, könnten die Eichen auch kleinräumig eine Widerstandsfähigkeit gegen Boden-Trockenheit entwickelt haben. Um dies zu untersuchen wurden innerhalb von zwei Untersuchungsgebieten (Mitteleuropa, östlicher Mittelmeerraum) je 10 Bestandespaare pro Art ausgesucht, wobei jedes Paar aus einem trockenen und einem gut wasserversorgten Standort besteht. Die Analyse der Kern- und Chloroplasten-DNA mittels SSR Markern liefert erste Ergebnisse über die genetische Struktur der drei Eichenarten sowie der Herkunft der beprobten Bestände. Anschließende Analysen auf regionaler und interregionaler Ebene sollen klären, ob Gene oder Genombereiche spezifische oder gemeinsame Signaturen der Anpassung an Trockenheit aufzeigen. Des Weiteren sollen Zusammenhänge zwischen genomischer und standörtlicher Variation Aufschluss geben, welche Umweltfaktoren für die Anpassung relevant sind und welche Gene dabei involviert sind. Basierend auf diesen Ergebnissen, wird ein Konzept erarbeitet, um Herkunftsempfehlungen für die Eiche an die Anforderungen des Klimawandels anzupassen.

1 Einleitung

Der Klimawandel stellt die Waldbäume und damit die Forstwirtschaft vor große Herausforderungen. Trockenereignisse rufen zunehmend Waldschäden hervor und werfen die Frage auf, ob sich die heimischen Waldbaumarten an die sich ändernden Umweltbedingungen anpassen können (z. B. SENF et al. 2020; FRANK et al. 2015). Prognostizierte Klimaänderungen haben eine Verschiebung von Standortseigenschaften zur Folge und resultieren somit potentiell in einer Verminderung der lokalen Anpassung derzeit stockender Bestände. Der oft zitierte Leitspruch, dass lokales Vermehrungsgut am besten für Bestandesbegründungen geeignet ist, wird somit wissenschaftlich vermehrt in Frage gestellt und der Transfer von forstlichem Vermehrungsgut als Alternative diskutiert (KONNERT et al. 2015). Die Grundidee besteht darin, durch die Verwendung von Saatgut aus Beständen, die aktuell trockenere Umweltbedingungen im Vergleich zum Anbauort aufweisen, zukünftige Wälder fitter für den Klimawandel zu machen. Als Ursprungspopulationen für solches Vermehrungsgut könnten Waldbestände (i) aus niedrigeren geografischen Breiten oder (ii) aus ariden Standorten innerhalb einer Region dienen. Trotz dieser Problematik, sind die aktuellen Herkunftsempfehlungen immer noch stark auf regionale Saatgutquellen fokussiert. Zudem liegt der Großteil der ausgewiesenen Saatguterntebestände im ökologischen Optimum der

jeweiligen Baumart wodurch das Anpassungspotential, des hieraus gewonnen Vermehrungsguts an klimatische Änderungen, fraglich ist.

Mit April 2021 startete das BiodivERsA Projekt ACORN, welches mittels genetischen und genomischen Ansätzen, Populationen der Stiel-, Trauben-, und Flaumeiche untersucht, um Herkünfte zu identifizieren, die ein hohes Anpassungspotential an einen klimabedingt erhöhten Trockenstress aufweisen. Alle drei untersuchten Eichenarten weisen in Europa ein großes Verbreitungsareal auf (Abb. 1) und wachsen sowohl auf trockenen als auch auf gut wasserversorgten Standorten, welche sich auch in räumlicher Nähe befinden können. Die hohe genetische Diversität und Evolutionsmechanismen ermöglichten eine breite ökologische Amplitude und führten zu einer lokalen Anpassung an unterschiedliche Umweltbedingungen (z. B. KREMER 2010). Alle drei Eichenarten kommen somit in einem ozeanischen bis kontinentalen Klima, in unterschiedlichen Seehöhen und auf differenzierten Standorten vor.

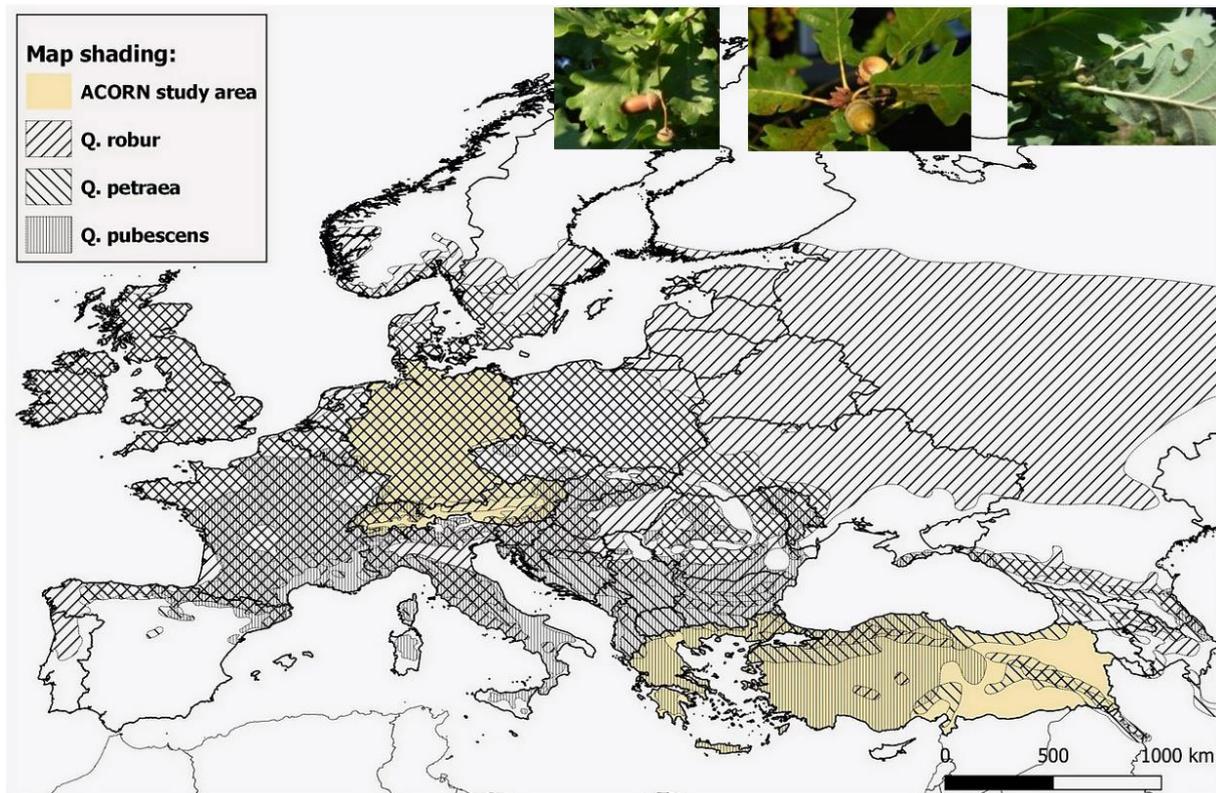


Abb. 1: Das natürliche Verbreitungsgebiet der Stiel-, Trauben-, und Flaumeiche nach Information des EUFORGEN Netzwerks, sowie die beteiligten Länder im ACORN Projekt. (<https://www.euforgen.org/species>, abgerufen am 15/12/2021)

Alle drei Eichenarten weisen ein großes Anpassungspotential auf und gelten mit Blick auf die zukünftige Forstwirtschaft als Hoffnungsträger, welche ihre Waldflächenanteile künftig ausbauen können. Dennoch stellen die prognostizierten bioklimatischen Änderungen erhebliche Veränderungen dar. Stellt man z.B. das prognostizierte Klima am Ende dieses Jahrhunderts dem heutigen Verbreitungsgebiet gegenüber, so müsste die Traubeneiche ihre Verbreitung zwischen 200-500 km nordwärts ausbreiten um weiter unter den heutigen Bedingungen wachsen zu können. Vergleicht man diese Werte mit der berechneten Wandermöglichkeit von Eichen (ca. 100 km/100 Jahren) (KREMER 2010), ergibt sich hierbei eine große Diskrepanz und verdeutlicht die Wichtigkeit der Identifizierung (a) anpassungsrelevanter Merkmale und (b) anpassungsfähiger Herkünfte. Um klimabedingte genetische Fehlanpassungen abzufedern, wird die Einführung von vorangepasstem Saat- oder

Pflanzgut und einer damit verbundenen Frequenzerhöhung präadaptierter Gene als vielversprechendes Instrument zur Erhöhung der Waldstabilität diskutiert. Die Verwendung nicht lokaler Saatgutquellen muss jedoch mit Vorsicht erfolgen, unter Berücksichtigung des möglichen Risikos für natürliche Populationen. Jede Translokation (der erfolgreiche Transfer von nicht-lokalen Vermehrungsgut) führt zu einem Verlust natürlicher genetischer Strukturen. Dies kann die lokale Anpassung beeinträchtigen, sei es positiv durch die Erhöhung der Häufigkeit vorangepasster Gene oder negativ, wenn fehlangepasste Gene einwandern (z. B. FAO 2014).

Unter der Hypothese, dass natürliche Auslese zum Etablieren der trockenolerantesten Genotypen in Lagen mit ausgeprägtem Wasserdefizit beitrug, könnten die Eichen auch kleinräumig eine Widerstandsfähigkeit gegen Dürre entwickelt haben. Um dies zu überprüfen wurden in ACORN nun in den zwei Untersuchungsgebieten (Mitteleuropa, Südosteuropa) Bestandespaare der Stiel-, Trauben- und Flaumeiche ausgewählt, die aus jeweils einem trockenen und einem gut wasserversorgten Standort in räumlicher Nähe bestehen. Anschließende Analysen auf regionaler und interregionaler Ebene sollen klären, ob Gene oder Genombereiche spezifische oder gemeinsame Signaturen der Anpassung an Trockenheit aufzeigen. Darüber hinaus sollen Zusammenhänge zwischen genomischer und standörtlicher Variation Aufschluss geben, welche Umweltfaktoren für die Anpassung relevant sind und welche Gene dabei involviert sind. Bestätigt sich diese Hypothese, könnten diese Informationen über Kleinstandorte und wichtige genetische Reservoirs genutzt werden um Empfehlungen über Vermehrungsgut weiter zu konkretisieren und auch auf lokaler Ebene vorangepasste Herkünfte zu inkludieren.

2 Material und Methoden

2.1 Populationen

Insgesamt wurden in Zentral und Südosteuropa 123 Eichenpopulationen beprobt (Abb. 2) und insgesamt 60 Bestandespaare gebildet (Abb. 2D). Diese Bestandespaare bestehen aus zwei Beständen, welche konträre Wassereigenschaften aufweisen. Die Bestandespaare wurden so ausgewählt, dass jeweils ein Bestand unter trockenen Bedingungen und ein weiterer gut wasserversorgt ist. Zudem wurde darauf geachtet, dass die gepaarten Bestände im genetischen Austausch stehen, so dass keine geografischen Barrieren und ein maximaler Abstand von 10 km Luftlinie zwischen ihnen liegen. Pro Population wurden 25-30 Individuen Gewebe zur DNA Extraktion entnommen. Um eine repräsentative Stichprobe des Bestandes zu bekommen, wurde vor der Probenahme das Ausmaß und die Struktur des Bestandes berücksichtigt und ein Probenraster erstellt. Hierbei wurde sichergestellt, dass zwischen den beprobten Individuen ein Mindestabstand von 30 m besteht. Da die Anpassungen an Trockenheit die zentrale Forschungsfrage von ACORN darstellt, wurde mittels bestandesgeschichtlicher sowie genetischer Informationen (Chloroplasten-DNA) vorab versucht, ausschließlich autochthone Populationen einzuschließen, welche sich über mehrere Generationen an die Standortbedingungen anpassen konnten.

2.2 Populationsgenetische und Genomweite Analysen

Erste genetische Untersuchungen mittels Zellkern- und Chloroplasten-DNA-Markern wurden zur Artbestimmung (morphologische Merkmale sind bei den untersuchten Eichenarten oft nicht eindeutig ausgeprägt; zudem kommt Hybridisierungen häufig vor) sowie um unser Wissen über räumliche genetische Strukturen, vor allem im Südeuropäischen Raum, zu erweitern. Hierbei wurde zunächst eine bayessche Clusteranalyse mittels der Methode STRUCTURE (admixture model, nichtkorrelierenden Allelhäufigkeiten, 50000 burn-in-Iterationen und 100000 MCMC-Iterationen) durchgeführt (PRITCHARD et al. 2000).

Es wurde von einer Anzahl von 1 bis 10 zu ermittelnden Clustern ausgegangen ($K = 1, 2, \dots, 10$). 20 unabhängige Läufe wurden für jeden K-Wert durchgeführt. Die Läufe wurden mithilfe der Plattform CLUMPAK (KOPELMAN et al. 2015) zusammengefasst, die die Methode von JAKOBSSON und ROSENBERG (2007) zur Identifikation und zum Mitteln verschiedener Clusterlösungen anwendet und die Ergebnisse visualisiert. Diese Untersuchung wurde im

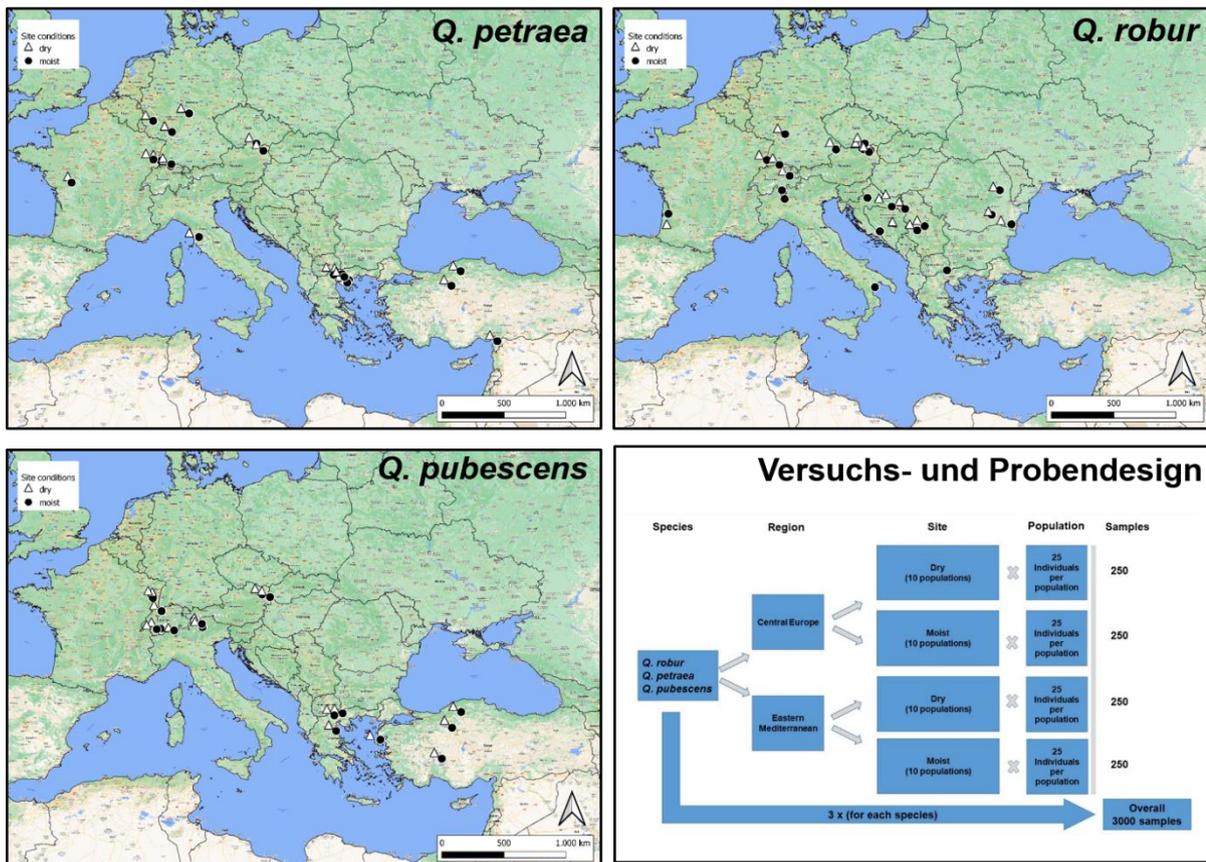


Abb. 2: Beprobte Populationen innerhalb ACORN nach den drei Arten aufgeteilt: *Q. petraea* (links oben), *Q. robur* (rechts oben), *Q. pubescens* (links unten). Weiße Dreiecke symbolisieren trockene Standorte, wobei schwarze Punkte besser wasserversorgte Standorte darstellen. Rechts unten ist das Versuchs- und Probedesign veranschaulicht.

Vorfeld der Tagung mit 7 nSSRs durchgeführt, da weitere Marker und Populationen noch nicht ausgewertet waren. Für die nachfolgenden Analysen werden ca. 20 nSSRs und 10 cpSSRs eingesetzt, welche bereits zuvor in Eichenstudien entwickelt wurden (nSSRs: STEINKELLNER et al. 1997; KAMPFER et al. 1998; UENO et al. 2008; DURAND et al. 2010; cpSSRs: WEISING und GARDNER 1999; DEGUILLOUX et al. 2003).

Anschließende genomische Analysen zielen darauf ab, die Anpassung der Eichen innerhalb und zwischen den Untersuchungsgebieten Mitteleuropa und dem östlichen Mittelmeergebiet zu beschreiben. Hierbei geht es insbesondere um die Frage, ob Gene oder Genombereiche spezifische oder gemeinsame Signaturen der Anpassung an Trockenheit regional (zwischen unterschiedlich wasserversorgten Standorten innerhalb einer Region) und interregional (klimatisch bedingt zwischen Regionen) aufzeigen. Zudem sollen Untersuchungen über Zusammenhänge zwischen genomischer und standörtlicher Variation Aufschluss geben, welche Umweltfaktoren für die Anpassung relevant und welche Gene dabei involviert sind. Für diese Untersuchungen werden die beprobten Individuen eines Standorts „genetisch zusammengefasst“ (Pool-Sequenzierung) und mittels der Sequenzierung des gesamten Genoms analysiert.

2.3 Nachkommenschaftsprüfung

Um verschiedene morphologische und physiologische Parameter (phänotypische Merkmale) ausgewählter Populationen im gesamten Studiengebiet zu untersuchen, wurden im ersten Projektjahr drei Versuchsflächen mit Nachkommenschaften ausgewählter Populationen errichtet (Birmersdorf [Schweiz], Wien [Österreich], Ankara [Türkei]). Auf allen Flächen wurden dieselben Herkünfte gesetzt, wobei pro Art mehrere Bestandespaare repräsentiert sind. Alle Eicheln wurden nach Mutterbaum getrennt ausgebracht. Insgesamt wurden rund 240

Sämlinge pro Art und Fläche angezogen. Alle Sämlinge wurden randomisiert auf der Pflanzfläche verteilt um mikrostandörtliche Einflüsse auf die Sämlinge und Herkünfte möglichst auszugleichen.

Ziel ist es hierbei die Effekte (Genetik vs. Umwelteinflüsse) der Merkmalsausprägung des Phänotyps zu überprüfen und -bis zu einem gewissen Grad- zu beurteilen, ob Provenienzen lokal (regional) angepasst sind. Zu diesem Zweck werden morphologische und physiologische Merkmale bestimmt, die für die Dürreanpassung relevant sind. Des Weiteren werden die Individuen der Feldversuche an einer großen Anzahl von Kandidatengenomen genotypisiert. Mithilfe einer genomweiten Assoziationsstudie (GWAS) sollen Gene identifiziert werden, die diesen phänotypischen Merkmalen zugrunde liegen, und zusätzliche Beweise für die Signaturen der Anpassung liefern.

3 Erste Ergebnisse und Diskussion

Ein erster wichtiger Schritt zur Untersuchung der Anpassung an Trockenheit auf Artebene, war die Artansprache für jedes Individuum und die jeweilige Population. Hierbei wurden SSRs Marker ausgewählt, welche auch bereits in früheren Studien an Weißeichen verwendet wurden und eine hohe Spezifität bezüglich der untersuchten Eichenarten aufwiesen. Da die Untersuchungen zur Artzugehörigkeit gerade noch laufen, sind hier vorläufige Ergebnisse vorgestellt, welche sich aus 7 SSR Markern ergeben und nur einen Teil der beprobten Populationen beinhaltet.

Klar erkennbar ist die Differenzierung zwischen *Q. robur* und den anderen beiden Eichenarten (Abb. 3, K = 2). Mit einer Erweiterung der möglichen Gruppen (K = 4), lassen sich auch die beiden letztgenannten Arten unterscheiden. Die intermediäre Klassifizierung von Populationen von *Q. petraea* und *Q. pubescens* kann zum einen durch eine hohe phänotypische Plastizität der Flaumeiche erklärt werden, die eine eindeutige Einteilung im Feld erschwert. Außerdem können beide Arten miteinander hybridisieren und kommen teils gemeinsam in Beständen vor, was zu einer Angleichung der genetischen Muster führt. Nachdem die Flaum- und Traubeneiche genetisch viel näher verwandt sind, im Vergleich der beiden Arten zur Stieleiche, ist auch die Auflösung von STRUCTURE zwischen den erstgenannten Arten niedriger. Es bleibt abzuwarten, in wie weit (a) weitere Marker oder (b) Clusteranalysen exklusive der Stieleichenpopulationen für mehr Klarheit sorgen. Neben der Artspezifischen Gruppierung, ist auch eine klare Differenzierung zwischen den mitteleuropäischen und den südöstlichen Populationen zu erkennen (siehe z. B. Abb. 3, K = 6). Die hier dargestellten Ergebnisse basieren auf einer reduzierten Anzahl von SSRs, es kann somit eine höhere Schärfe mit zunehmender Markeranzahl angenommen werden. Zudem geben hierarchische Clusteranalysen, innerhalb einer Art oder geografischen Gruppe, weitere Aufschlüsse über die populationsgenetische Struktur.

Es gibt derzeit wenig Beweis über eine phänotypische Differenzierung und Anpassungsmerkmale die mit dem Refugialgebiet in Zusammenhang stehen. Dies wird interpretiert durch einen starken Genfluss und lokale Anpassung (KREMER 2010), wodurch angenommen werden kann, dass der Großteil der beobachteten Variation in Herkunftsversuchen sich auf die rezente Anpassungsgeschichte bezieht (KREMER 2016). Weit schnellere Anpassungen sind auch am Beispiel der Roteiche (*Quercus rubra*) bekannt, wobei sich die Phänologie des Knospenaustriebs von Herkünften aus dem heimischen Areal von eingeführten Beständen (begründet um das Ende des 18. Jahrhunderts) unterscheidet (DAUBREE und KREMER 1993). Dies unterstützt die Hypothese, dass natürliche Auslese bereits zum Etablieren der trockenolerantesten Genotypen in Lagen mit ausgeprägtem Wasserdefizit beitrug. Hierdurch könnten die untersuchten Eichenbestände auch kleinräumig eine Widerstandsfähigkeit gegen Dürre entwickelt haben. Basierend auf diesen Ergebnissen soll ein Konzept erarbeitet werden, um die aktuellen Herkunftsempfehlungen für Eiche an die Anforderungen des Klimawandels anzupassen. Der Fokus soll hierbei auf der Identifizierung von Herkünften liegen, deren genetische Merkmale zum zukünftigen Klima des Anbauorts passen und so das Fehlanpassungsrisiko bei Saatguttransfer minimieren. Insbesondere soll im Rahmen dieses Projekts das Potential von einem kleinräumigen Saatguttransfer aus regionalen Saatgutquellen im Vergleich zu weiträumigen Verbringungen erforscht werden. Mit diesem Ansatz

könnten auf regionaler Ebene „vorausschauende“ Bestände gefunden werden, deren Saatgut zur Optimierung der lokalen Anpassung beitragen können ohne regionale genetische Strukturen maßgeblich zu verändern.

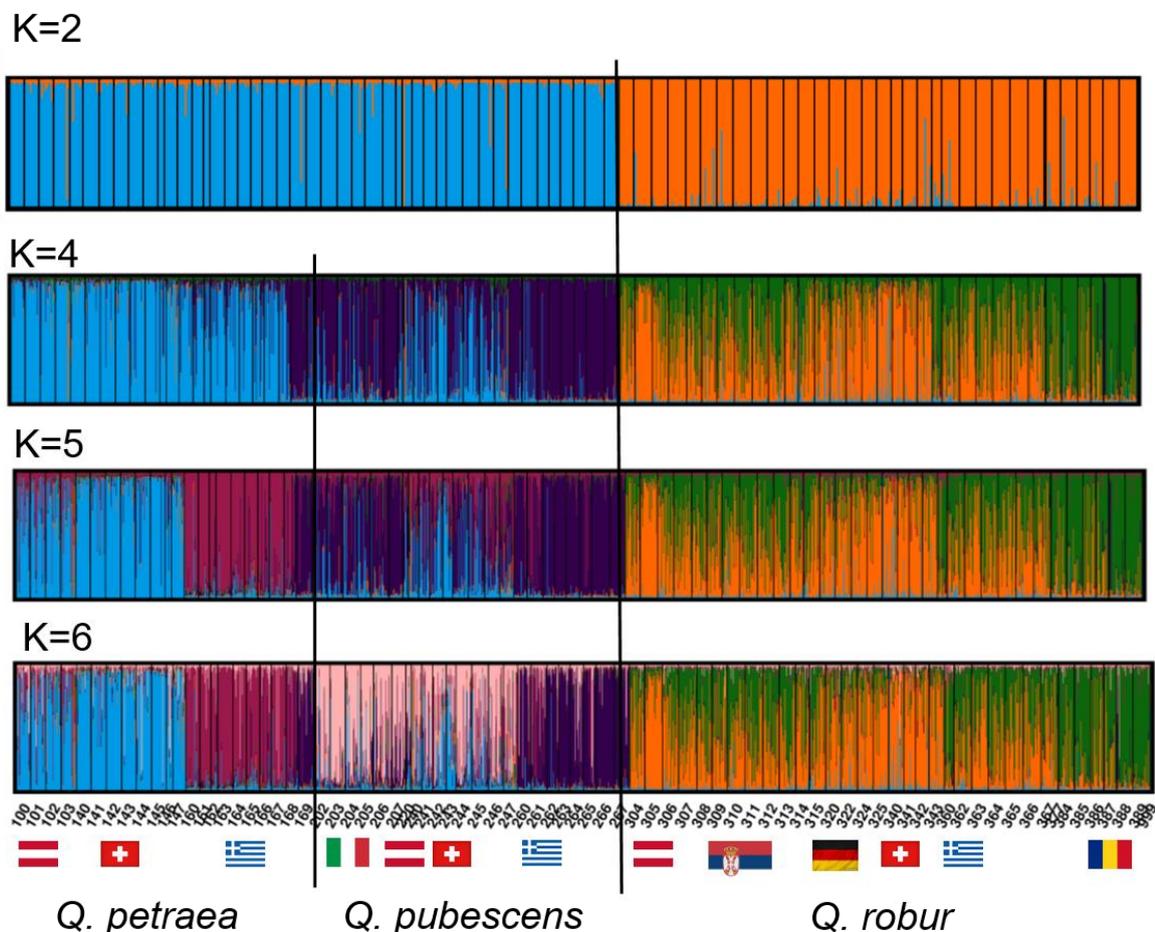


Abb. 3: Balkendiagramm mit Zuordnung zu fünf angenommenen Clustern nach der Methode STRUCTURE (7 SSRs). Die Cluster sind mit unterschiedlichen Farben abgebildet. Jedes Individuum wird durch einen Balken abgebildet und die Populationen sind mit senkrechten schwarzen Linien abgegrenzt. Die Nummern beziehen sich auf die jeweiligen Populationen. Die Flaggen beziehen sich auf den Standort der jeweiligen Population.

Sowohl national, wie auf europäischer Ebene, ist die Verwendung und der Transfer von forstlichem Vermehrungsgut rechtlich geregelt. Somit sollten Projekte, welche einen Diskurs in diesem Themenfeld beginnen, rechtzeitig politische Entscheidungsträger und die forstwirtschaftliche Praxis in diesen Prozess einbeziehen. In ACORN wurde von Anfang an ein weites Netz an Interessensgruppen in allen fünf teilnehmenden Ländern eingebunden, um gesetzliche Regelungen, marktrelevante Aspekte oder Ansichten von NGOs in der Konzeptionierung zu berücksichtigen. Dies soll die praktische Relevanz der geplanten Forschung sicherstellen und auch die Schnittstelle zwischen Forschung und Praxis verstärken. Das Konzept zum Saatguttransfer soll ab Projektende eine wichtige Grundlage zur Erarbeitung von Herkunftsempfehlungen für Saatgut der Eiche bilden. Die im Projekt entwickelten Methoden können auch bei anderen Baumarten als Grundlage für die Erarbeitung ähnlicher Fragestellungen dienen.

Dank

“ACORN - Identifying seed sources for highly adaptable oak forests in a changing climate” wird gefördert innerhalb des BiodivERsA Netzwerks (BiodivClim, ERA-NET Cofund action) und erhält somit Förderungen aus dem EU-Programm Horizon 2020 unter der Fördervereinbarung 869237. Zudem erhält das Projekt Förderungen des österreichischen Wissenschaftsfonds (FWF), des General Secretariat for Research and Innovation (GSRI; Griechenland), des Ministeriums für Land- und Forstwirtschaft (Türkei), des schweizerischen Nationalfonds zur Förderung der Wissenschaftlichen Forschung (SNF) und des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (Deutschland).

Für weitere Information zu ACORN:

www.acorn-biodiversa.net

Referenzen

- DAUBREE JB, KREMER A (1993): Genetic and phenological differentiation between introduced and natural populations of *Quercus rubra* L. *Annales des Sciences Forestières* 53: 775-782
- DEGUILLOUX MF, DUMOLIN-LAPÈGUE S, GIELLY L, GRIVET D, PETIT RJ (2003): A set of primers for the amplification of chloroplast microsatellites in *Quercus*. *Molecular Ecology Notes* 3 (1): 24-27
- DURAND J, BODÉNÈS C, CHANCEREL E et al. (2010): A fast and cost-effective approach to develop and map EST-SSR markers: oak as a case study. *BMC genomics* 11 (1): 1-13
- FAO (2014) *The State of the World's Forest Genetic Resources*, E-ISBN 978-92-5-108403-8
- FRANK A, HOWE GT, SPERISEN C et al. (2017) Risk of maladaptation due to climate change in three major European tree species. *Glob Change Biol* 23: 5358-5371. DOI: 10.1111/gcb.13802
- JAKOBSSON M, ROSENBERG NA (2007): CLUMPP: a cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. *Bioinformatics* 23: 1801-1806
- KAMPFER S, LEXER C, GLOSS J, STEINKELLNER H (1998): Brief report characterization of (GA) n microsatellite loci from *Quercus robur*. *Hereditas* 129 (183): 1-86.
- KONNERT M, FADY B, GÖMÖRY D et al. (2015): Use and transfer of forest reproductive material in Europe in the context of climate change. *European Forest Genetic Resources Programme (EUFORGEN)*, Bioversity International, Rome, Italy
- KOPELMAN NM, MAYZEL J, JAKOBSSON M, ROSENBERG NA (2015): CLUMPAK: a program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K. *Molecular Ecology Resources* 15: 1179-1191
- KREMER A (2010): Evolutionary Responses of European Oaks to Climate Change. *Irish Forestry* 67 (1&2)
- KREMER A (2016) Microevolution of European temperate oaks in response to environmental changes. *C.R. Biologies* 339: 263-267
- PRITCHARD JK, STEPHENS M, DONNELLY P (2000): Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155: 945-959
- SENF C, BURAS A, ZANG CS et al. (2020) Excess forest mortality is consistently linked to drought across Europe. *Nat Commun* 11: 6200. DOI:10.1038/s41467-020-19924-1
- STEINKELLNER H, FLUCH S, TURETSCHKE E, LEXER C, STREIFF R, KREMER A, BURG K, GLÖSSL J (1997): Identification and characterization of (GA/CT) n-microsatellite loci from *Quercus petraea*. *Plant Molecular Biology* 33 (6): 1093-1096.
- UENO S, TAGUCHI Y, TSUMURA Y (2008): Microsatellite markers derived from *Quercus mongolica* var. *crispula* (Fagaceae) inner bark expressed sequence tags. *Genes & Genetic Systems* 83 (2): 179-187.
- WEISING K, GARDNER RC (1999): A set of conserved PCR primers for the analysis of simple sequence repeat polymorphisms in chloroplast genomes of dicotyledonous angiosperms. *Genome* 42 (1): 9-19.

Autorinnen und Autoren

SIMON JANSEN, CHARALAMBOS NEOPHYTOU
Universität für Bodenkultur Wien (BOKU), Österreich
Kontakt: simon.jansen@boku.ac.at

PELIN ACAR, KÜRŞAT DUYAR, ÖZLEM MAVİ İDMAN
Türkischer Nationaler Botanischer Garten Ankara (TAGEM), Türkei

FILIPPOS A. ARAVANOPOULOS, FANI G. LYROU, NIKOS TOURVAS
Aristoteles Universität Thessaloniki (AUTH), Griechenland

ASIYE ÇİFTÇİ, FUNDA ÖZDEMİR DEĞİRMENCI, ZEKİ KAYA
Technische Universität des mittleren Ostens Ankara (METU), Türkei

ÇIĞDEM KANSU
Tekirdağ Namık Kemal Universität, Türkei

JÖRG KLEINSCHMIT, DEVRİM SEMİZER-CUMING
Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Freiburg (FVA), Deutschland

DEBORAH MARIE LEIGH, CHRISTIAN RELLSTAB
Eidgenössische Forschungsanstalt für Wald und Landschaft (WSL), Schweiz

Phenotyping mit Chlorophyll-Fluoreszenzmessungen

HEIKE LIESEBACH, CORNELIA BÄUCKER

Zusammenfassung

In der pflanzenphysiologischen Grundlagenforschung werden Chlorophyll-Fluoreszenzmessungen seit langem eingesetzt, um den Zustand des Photosyntheseapparates, insbesondere des Photosystems II, zu charakterisieren. Aus praktischen Gründen wurde daraus das Ziel abgeleitet, mit Hilfe von Chlorophyll-Fluoreszenzmessungen die Vitalität von Pflanzen mit einer zerstörungsfreien Methode zu beurteilen. Im Rahmen eines Forschungsprojekts zum Spitz-Ahorn soll die Vitalität von Baumschulpflanzen verschiedener Herkünfte mit Chlorophyll-Fluoreszenzmessungen erfasst werden, wobei das Gerät PAM-2500 der Fa. Walz (Effeltrich, Deutschland) zum Einsatz kommt. Dieses Gerät kann mit Hilfe der Puls-Amplituden-Modulation (PAM) die Messsignale von sich überlagerndem Licht trennen. In einem Vorversuch wurden getopfte Spitzahorn-Pflanzen einem Trockenstress ausgesetzt und mit Kontrollpflanzen verglichen, wobei sog. Rapid Light Curves (RLC) aufgenommen wurden. Die daraus abgeleiteten Parameter wie die maximale Elektronentransportrate bei Lichtsättigung (ETR_{max}) und der Lichtsättigungskoeffizient verringerten sich in der Versuchsgruppe der trockengestressten Pflanzen deutlich im Vergleich zu den Kontrollpflanzen, jedoch nicht vor dem Erscheinen phänotypischer Symptome. Diese aus RLCs gewonnenen Parameter reagieren schon einige Tage früher als konventionell gemessene F_v/F_m -Werte bzw. die effektive Quantenausbeute $Y(II)$. Wegen der hohen Streuungen, auch innerhalb und zwischen den Pflanzen der Kontrollvariante, erscheint ein erfolgreicher Einsatz der Chlorophyll-Fluoreszenzmessungen unter Freilandbedingungen in der Baumschule eher fraglich.

Abstract

Phenotyping with chlorophyll fluorescence measurements

In basic plant physiological research, chlorophyll fluorescence measurements have long been used to characterize the state of the photosynthetic apparatus, especially photosystem II. For practical reasons, this led to the goal of using chlorophyll fluorescence measurements to assess the vitality of plants using a non-destructive method. As part of a research project on Norway maple, the vitality of nursery plants of different provenances will be assessed with chlorophyll fluorescence measurements, using the PAM-2500 instrument from Walz (Effeltrich, Germany). This instrument can use the Pulse Amplitude Modulation (PAM) method to separate the measurement signals from superimposed light. In a preliminary experiment, potted Norway maple plants were exposed to drought stress and compared with control plants, recording so-called Rapid Light Curves (RLC). The derived parameters such as maximum electron transport rate at light saturation (ETR_{max}) and light saturation coefficient decreased clearly in the experimental group of drought-stressed plants compared to control plants, but not before the appearance of phenotypic symptoms. These parameters obtained from RLCs respond several days earlier than conventionally measured F_v/F_m values or the effective quantum yield $Y(II)$. In addition, high scattering of the measured values was shown, even within the plants of the two control variants, a successful application of the method under field conditions in the nursery seems rather questionable.

1 Einleitung

Von Pflanzen absorbiertes Licht führt zur Anregung von Chlorophyllmolekülen, die ihre Energie auf verschiedenen Wegen wieder abgeben können. Einerseits kann die Lichtenergie für photosynthetische Prozesse genutzt werden (photochemische Fluoreszenzlösung), sie kann aber auch als Fluoreszenzlicht oder Wärme (nichtphotochemische Fluoreszenzlösung, nichtphotochemische Dissipation) abgestrahlt werden. Eine

Veränderung der Leistungsfähigkeit des Photosyntheseapparates ist deshalb immer mit einer Veränderung der anderen Dissipationswege verbunden (Review z. B. BANKS 2017; MATYSSEK und HERPPICH 2019).

In der pflanzenphysiologischen Grundlagenforschung werden Chlorophyll-Fluoreszenzmessungen seit langem eingesetzt, um den Zustand des Photosyntheseapparates, insbesondere des Photosystems II, zu charakterisieren. Im Rahmen der ökophysiologischen Forschung werden Chlorophyllfluoreszenzparameter als Maße für den Zustand des Photosyntheseapparates bei einer Vielzahl von Umweltfaktoren analysiert, z. B. Trockenstress, aber auch Hitzestress, Stickstoffmangel oder Herbizideinwirkung. Aus praktischen Gründen wurde daraus das Ziel abgeleitet, mit Hilfe von Chlorophyll-Fluoreszenzmessungen die Vitalität von Pflanzen mit einer zerstörungsfreien Methode zu beurteilen. Von der Methode wird gewünscht, dass sie Informationen über den Vitalitätszustand von Pflanzen liefert und damit physiologische Veränderungen möglichst genauer, frühzeitiger und weniger subjektiv als eine Bonitur anhand äußerer Merkmale feststellen kann.

Messungen der schnellen Fluoreszenzkinetik (Review z. B. STIRBET et al. 2018) und der langsamen Kinetik mit kontinuierlichem Licht können nur mit dunkeladaptierten Pflanzen durchgeführt werden. Eine technische Weiterentwicklung verwendet sehr schwaches gepulstes und nicht photosynthetisch aktives Messlicht zusammen mit aktinischem, d. h. photosynthetisch aktivem Licht und zusätzlichen Sättigungspulsen, während die Fluoreszenz aufgezeichnet wird (nach SCHREIBER et al. 1986). Dieses Verfahren wird Puls-Amplituden-Modulation (PAM) genannt und erlaubt auch Messungen bei lichtadaptierten Blättern, was den Einsatz von Chlorophyll-Fluoreszenzmessungen im Freiland erleichtert. Ein neueres Verfahren ist die sog. „Rapid Light Curve“ (RLC), bei der das Blatt mit verschiedenen, stufenweisen ansteigenden Intensitäten von aktinischem Licht bestrahlt wird. Nach jeder Stufe wird ein kurzer Sättigungspuls gegeben und die Fluoreszenz permanent aufgezeichnet (WHITE und CRITCHLEY 1999; RALPH und GADEMANN 2005). Aus dem Kurvenverlauf der RLCs werden verschiedene Parameter abgeleitet, u. a. der Verlauf der Lichtsättigung und die maximale Elektronentransportrate (ETR_{max}).

Das PAM-Verfahren wird häufig zur Analyse von Algen (z. B. PERKINS et al. 2006; BEER et al. 2021) und bei landwirtschaftlichen Kulturpflanzen (z. B. DE SOUSA et al. 2017) angewendet. Zunehmend wird es auch für lichtadaptierte Blätter von Bäumen eingesetzt, z. B. für *Fagus sylvatica* (PŠIDOVÁ et al. 2015), für *Quercus robur* (VASTAG et al. 2020) oder *Abies alba* (KONŌPKOVÁ et al. 2020). Inzwischen werden die Messungen auch vermehrt im urbanen Kontext genutzt, um die Straßenbaumbepflanzung nicht nur anhand ästhetischer Werte auszuwählen, sondern auch in Hinblick auf die Fähigkeit der Baumarten, Dürreperioden oder Hitzewellen zu überstehen. So vergleichen VAZ MONTEIRO et al. (2017) die Reaktion von neun Baumarten auf wiederholte Dürrephasen in einem Topfexperiment mit 2-jährigen Pflanzen unter kontrollierten Foliengewächshausbedingungen. Aus dem Freiland liegen auch einige Studien vor, u. a. für kalifornische Straucharten bezüglich unterschiedlicher Lebensstrategien (PEZNER et al. 2020).

Im Rahmen des Projekts „SpitzAhorn“ sollten in einem Vorversuch zunächst erste Charakteristika von RLCs erfasst werden, um Chlorophyll-Fluoreszenzmessungen später in größerem Umfang bei Baumschulpflanzen und damit zur Charakterisierung von Nachkommenschaften und Herkünften einsetzen zu können. Um physiologische Unterschiede zu erzeugen, wurde ein Trockenstress-Experiment mit 2-jährigen, getopften Pflanzen der Baumart Spitz-Ahorn (*Acer platanoides*) durchgeführt. Ziel war die Entwicklung eines Messprogramms, das im Freiland (Baumschule) anwendbar und möglichst kurz ist, damit eine große Anzahl Pflanzen unter möglichst vergleichbaren Bedingungen gemessen werden kann. Dabei sollte der zeitliche Verlauf bei verschiedenen Photosyntheseparametern beobachtet und zwischen Trockenstress- und Kontrollvarianten verglichen werden.

2 Material und Methoden

2.1 Versuchsmaterial

Für einen Trockenstress-Versuch im Zeitraum vom 22. Juni bis 14. Juli 2021 wurden sechs möglichst gleich große (ca. 35-40 cm) und gleich vitale getopfte Spitzahornpflanzen (Ernte 2019, Aussaat Februar 2020, Baumschule Waldsiefersdorf) aus der Freilandkultur ausgewählt (Abb. 1). Diese wurden in drei Versuchsvarianten mit je zwei Replikaten eingeteilt: Freilandkontrolle = FK (mit Gießen, wenn nötig), Gewächshauskontrolle = GK (mit Gießen) und Trockenstress = TS (im Gewächshaus, ohne Gießen). Bei jeder Pflanze wurden drei voll entwickelte Blätter aus dem oberen voll besonnenen Bereich und ohne gegenseitige Überlappung für die Messungen gekennzeichnet. Alle sechs Pflanzen wurden regelmäßig bonitiert.



Abb. 1: Testpflanzen vor Versuchsbeginn am 22. Juni 2021 (Tag 0).

2.2 Fluoreszenzmessungen

Für die Chlorophyll-Fluoreszenzmessungen wurde das Gerät „PAM-2500“ der Fa. Walz (Effeltrich, Deutschland) eingesetzt, das auf der Technik der Puls-Amplituden-Modulation (PAM) basiert und erlaubt, die Messsignale von überlagerndem Licht zu trennen. Zur Messung können zahlreiche Parametereinstellungen am Gerät vorgenommen werden. Angewendet wurde der „Leaf Clip Holder 2030-B“ mit integriertem Mini-Quantum-Sensor, der in unmittelbarer Nähe zum gemessenen Blattbereich die photosynthetisch aktive Strahlung (PAR, in $\mu\text{mol}/\text{m}^2\cdot\text{sec}$) und die Temperatur aufzeichnen kann (Abb. 2).

Im Zeitraum vom 23. Juni bis 14. Juli 2021 wurden an insgesamt 12 Tagen Rapid Light Curves (RLCs) von jeweils drei Blättern je Pflanze aufgenommen und dabei schrittweise das als Script gespeicherte Messprogramm optimiert. Die Scripte enthielten neben der eigentlichen RLC auch immer mindestens eine Messung der ambienten Licht- und Temperaturbedingungen. Insgesamt dauerte eine Messung 4-5 Minuten. Im Freiland bei Sonnenschein mit teilweise wechselnder Bewölkung durchgeführte Messungen von RLCs erwiesen sich als sehr störanfällig, wie über einen längeren Zeitraum hinweg erhobene Daten (ca. 90 Minuten für 18 Blätter) zeigten (Beispiel in Abb. 3). Deshalb wurden alle Messungen ab dem 28. Juni nach einer 30-minütigen Schattierung der Pflanzen und unter Schattenbedingungen durchgeführt. Die Schattierung der getopften Pflanzen erfolgte in einer seitlich geöffneten Box. Damit wurden Schwachlichtbedingungen erzeugt, die für sonnenexponierte Blätter einer Dunkeladaptation nahekommen (vollständig geöffnete Reaktionszentren im Photosystem II können schon im Schwachlichtbereich von 10-40 $\mu\text{mol}/\text{m}^2\cdot\text{sec}$ erreicht werden (Handbook of Operation PAM-2500, Heinrich Walz

GmbH, 2019). Für Vergleiche mit vollständiger Verdunklung wurden die Pflanzen in einen fensterlosen Raum gebracht.



Abb. 2: Leaf Clip Holder mit Sensor in der richtigen Position.

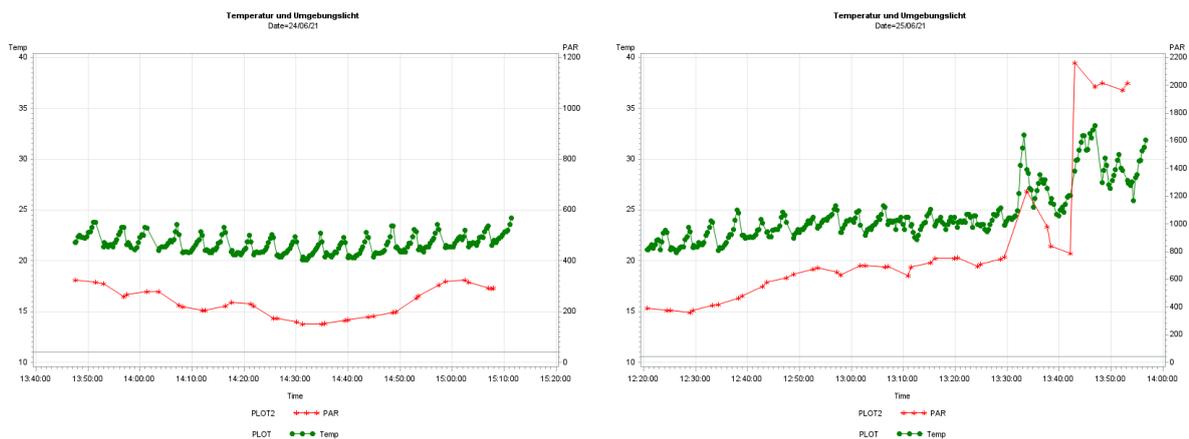


Abb. 3: Beispiele für Messbedingungen im Freiland: links Tag 2 (24.06.2021) bei bedecktem Himmel und rechts Tag 3 (25.06.2021) bei wechselnder Bewölkung und zunehmendem Sonnenschein (grün: Temperatur in °C und rot: photosynthetisch aktive Strahlung PAR in $\mu\text{mol}/\text{m}^2 \cdot \text{sec}$, aufgezeichnet vom Mini-Quantum-Sensor).

2.3 Datenauswertung

Alle gemessenen Daten werden von der Software „PAMWin-3“ erfasst. Aus den RLCs lassen sich über eine Kurvenanpassung die sog. drei Kardinalparameter einer Lichtkurve alpha, ETRmax und Ik ableiten, die nach dem Modell von EILERS and PEETERS (1988) ebenfalls von der implementierten Software errechnet werden (Abb. 4).

- alpha Anstieg der Kurve unter lichtlimitierten Bedingungen, maximale Lichtnutzungseffizienz
- ETRmax maximale Elektronentransportrate bei Lichtsättigung
- Ik Lichtintensität am Schnittpunkt von alpha und ETRmax, Lichtsättigungskoeffizient

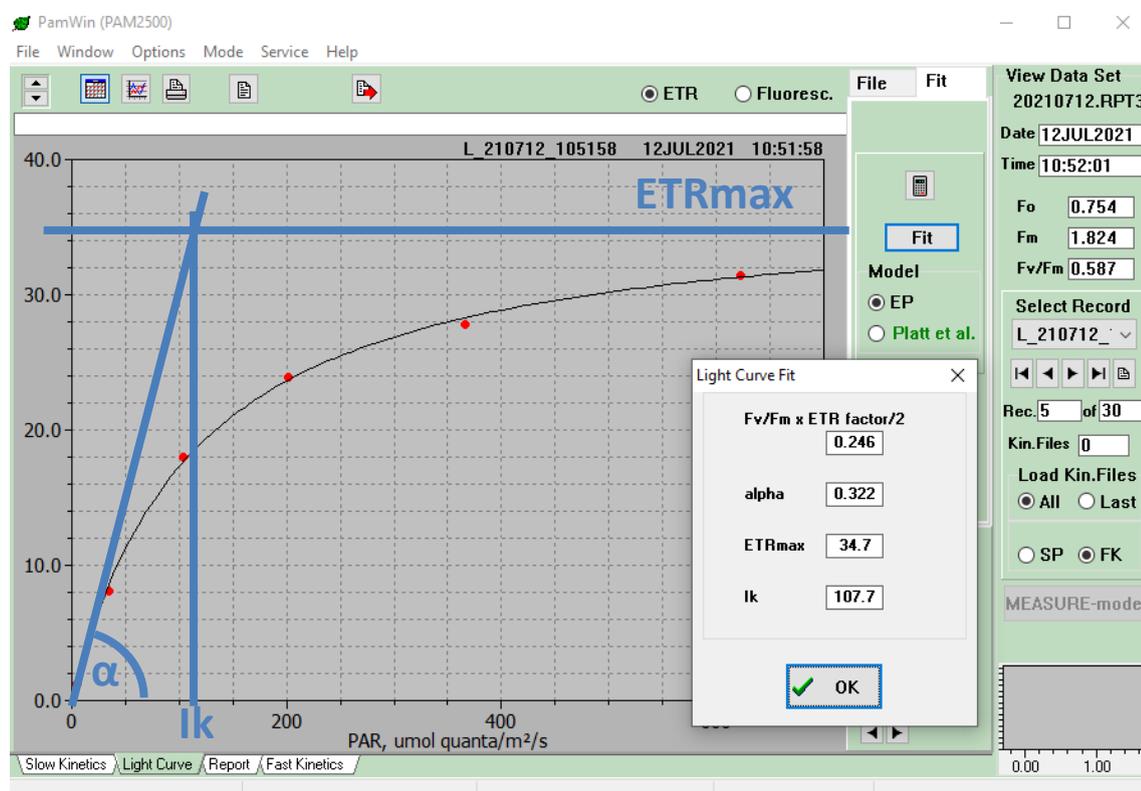


Abb. 4: Darstellung einer Rapid Light Curve (RLC) und ihrer Kardinalparameter in der Software „PAMWin-3“.

Standardmäßig werden bei RLCs mit dem ersten Sättigungspuls und ohne aktinisches Licht die Werte für die minimale und maximale Chlorophyllfluoreszenz des Photosystems II (= PS II) gemessen und daraus die maximale Quantenausbeute von PS II als $F_v/F_m = (F_m - F_o)/F_m$ berechnet. Sie sollte idealerweise bei gesunden und lange genug dunkeladaptierten Blättern 0,84 betragen. Unter lichtadaptierten Bedingungen wird anstatt F_v/F_m die effektive photochemische Quantenausbeute $Y(II) = (F_m' - F_o')/F_m'$ errechnet.

Die gespeicherten Daten können exportiert und extern weiterverarbeitet werden. Berechnungen und graphische Darstellungen wurden mit der Statistiksoftware SAS (SAS INSTITUTE INC. 2016) erstellt.

3 Ergebnisse

3.1 Bonituren

Bei den Pflanzen der Freiland- und Gewächshauskontrollen gab es im Versuchszeitraum keine sichtbaren phänotypischen Veränderungen. Die beiden Pflanzen der Trockenstress-Variante reagierten unterschiedlich schnell, wobei die Pflanze TS1 am Tag 6 (Abb. 5) des Experiments und die Pflanze TS2 am Tag 10 erste sichtbare Symptome aufwies (Tabelle 1). Zunächst wurden leicht und später stärker herabhängende Blätter sichtbar, wobei

die Blattstiele weiterhin waagrecht blieben und nur die Blattflächen zunehmend abknickten (Abb. 6). Danach vergilbten die Blätter und begannen zu welken bis zum vollständigen Vertrocknen (Abb. 7).

Tabelle 1: Beobachtung von Trockenstress-Symptomen bei Spitzahorn-Jungpflanzen in der Versuchsgruppe „Trockenstress“.

Tag		Pflanze TS1 Symptombeginn nach 6 Tagen	Pflanze TS2 Symptombeginn nach 10 Tagen
0	Di 22.06.	letztes Gießen	letztes Gießen
1	Mi 23.06.	wie Kontrollen	wie Kontrollen
2	Do 24.06.	wie Kontrollen	wie Kontrollen
3	Fr 25.06.	wie Kontrollen	wie Kontrollen
5	So 27.06	wie Kontrollen	wie Kontrollen
6	Mo 28.06.	morgens leicht und ab mittags deutlich herabhängende Blätter (Abb. 5)	wie Kontrollen
8	Mi 30.06.	deutlich abgeknickte Blätter, teilweise leichte Vergilbung (Abb. 6)	wie Kontrollen
10	Fr 02.07.	deutlich abgeknickte Blätter, beginnen zu welken	leicht herabhängende Blätter
13	Mo 05.07.	weitgehend vertrocknete und vergilbte Blätter, die sich kräuseln	leicht abgeknickte Blätter
15	Mi 07.07.	alle Blätter vollkommen trocken, deutlich vergilbt, Pflanze abgestorben	deutlich abgeknickte Blätter
17	Fr 09.07.	alle Blätter vollkommen trocken und gelbbraun, Pflanze abgestorben,	deutlich herabhängende Blätter
20	Mo 12.07.	alle Blätter vollkommen trocken und braun, Pflanze abgestorben (Abb. 7)	deutlich herabhängende Blätter, zunehmend trocken



Abb. 5: Erste Trockenstress-Symptome am Tag 6 (28.06.2021), jeweils links GK3 und rechts TS1.



Abb. 6: Trockenstress am Tag 8 (30.06.2021) bei Pflanze TS1, deutlich abgeknickte Blätter, Blattstiele bleiben waagrecht.



Abb. 7: Trockenstress am Tag 20 (12.07.2021) von links nach rechts GK4 – GK3 – TS2 – TS1.

3.2 Chlorophyllfluoreszenz

RLCs von ausgewählten Messtagen werden in den Abbildungen Nr. 8-11 mit ansteigender Intensität des aktinischen Lichts auf der x-Achse und der geleisteten Elektronentransportrate (ETR) auf der y-Achse dargestellt, wobei für die drei Blätter einer Pflanze jeweils gleiche Farben und Symbole verwendet wurden. Als repräsentativ für den Ausgangszustand kann der Tag 2 (24.06.2021) gelten, an dem bei bedecktem Himmel im Freiland und ohne Schattierung gemessen wurde. Sowohl die 18 Einzelblätter (Abb. 8 links) als auch die gemittelten Werte je Pflanze (rechts) zeigen die beobachtete Schwankungsbreite der RLCs von Pflanzen im ungestressten Zustand.

Nach der Beobachtung erster Stresssymptome mit herabhängenden Blättern der Pflanze TS1 am Morgen des Tages 6 (28.06.2021) wurden auch flacher verlaufende RLCs mit geringerer maximaler Elektronentransportrate bei dieser Pflanze festgestellt (Abb. 9). Bis zum Tag 8 (30.06.2021) hatten sich die Stresssymptome bei der Pflanze TS1 weiter verstärkt, während die Pflanze TS2 noch keine Unterschiede zu den Kontrollpflanzen zeigte. Diese Beobachtung spiegelt sich auch in den RLCs an diesem Messtag wider; die Kurvenverläufe für äußerlich symptomfreie Pflanzen liegen alle im gleichen Bereich (Abb. 10). Am Tag 10 (02.07.2021) wurden auch bei der Pflanze TS2 erstmalig Stresssymptome mit herabhängenden Blättern festgestellt, was sich ebenfalls in einer

flacher verlaufenden RLC zeigt. Die maximale Elektronentransportrate der Pflanze TS1 war zu diesem Zeitpunkt bereits fast auf null gesunken (Abb. 11).

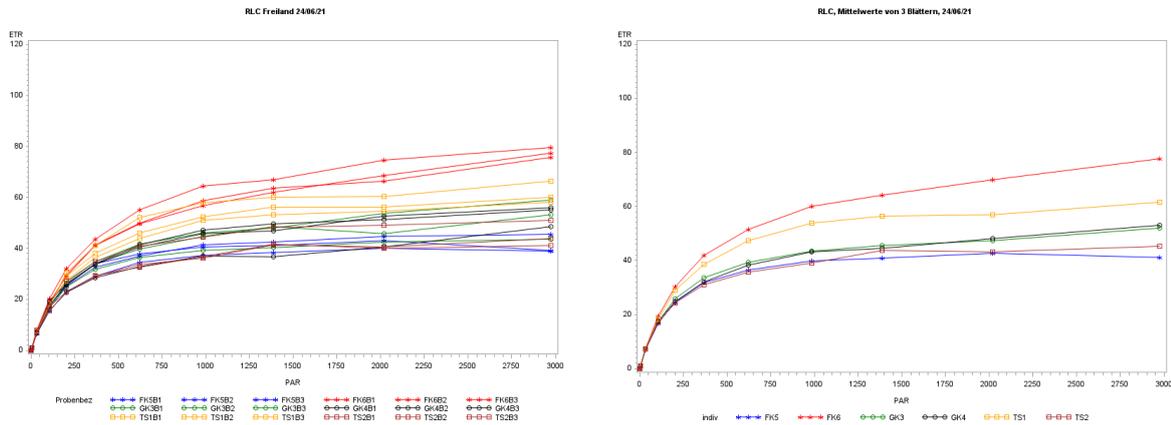


Abb. 8: Rapid Light Curves am Tag 2 (24.06.2021) im Freiland, links RLCs von 18 einzelnen Blättern, rechts RLCs je Pflanze im Mittel von je 3 Blättern (Freilandkontrolle = rot / blau, Gewächshauskontrolle = grün / schwarz, Trockenstressbehandlung = gelb / braun).

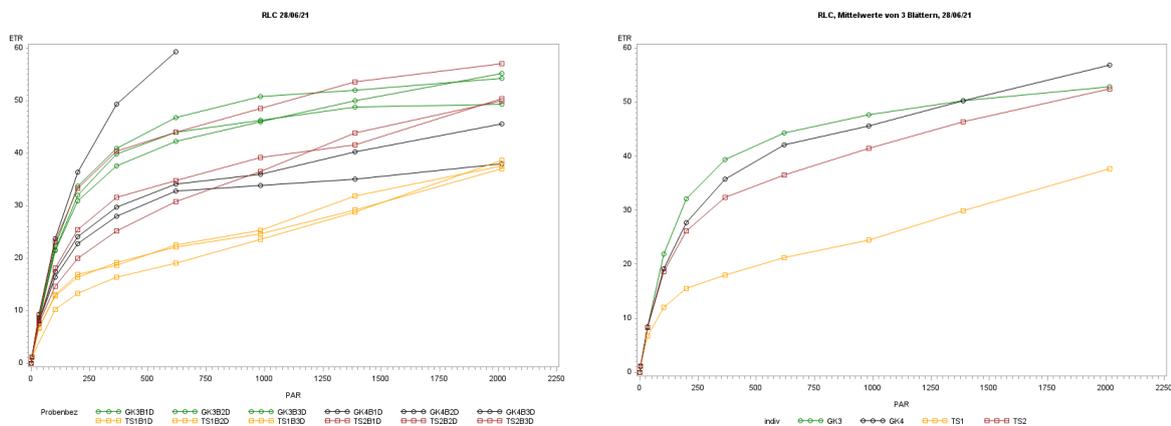


Abb. 9: RLCs am Tag 6 (28.06.2021), links RLCs von 12 einzelnen Blättern (ohne Freilandkontrollen), rechts RLCs je Pflanze im Mittel von je 3 Blättern (Trockenstressbehandlung = gelb / braun).

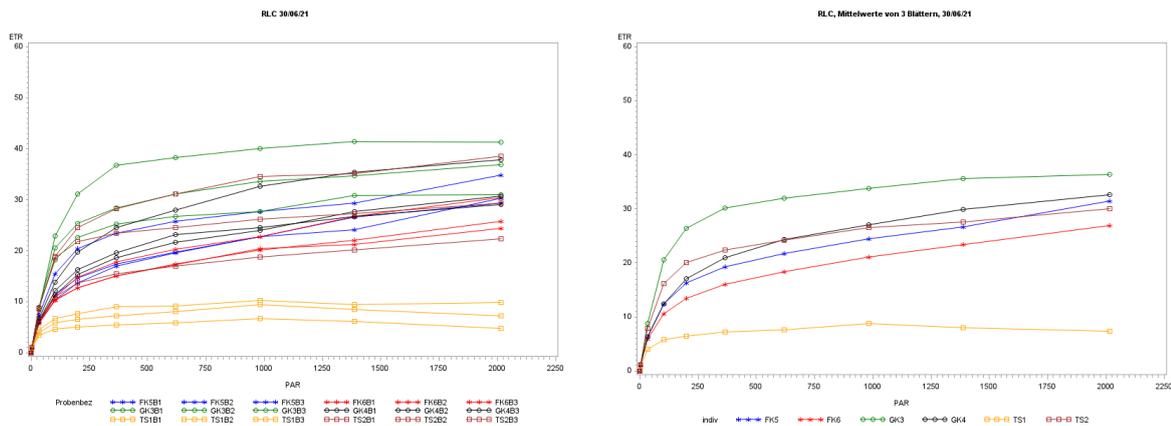


Abb. 10: RLCs am Tag 8 (30.06.2021), links RLCs von 18 einzelnen Blättern, rechts RLCs je Pflanze im Mittel von je 3 Blättern (Trockenstressbehandlung = gelb / braun).

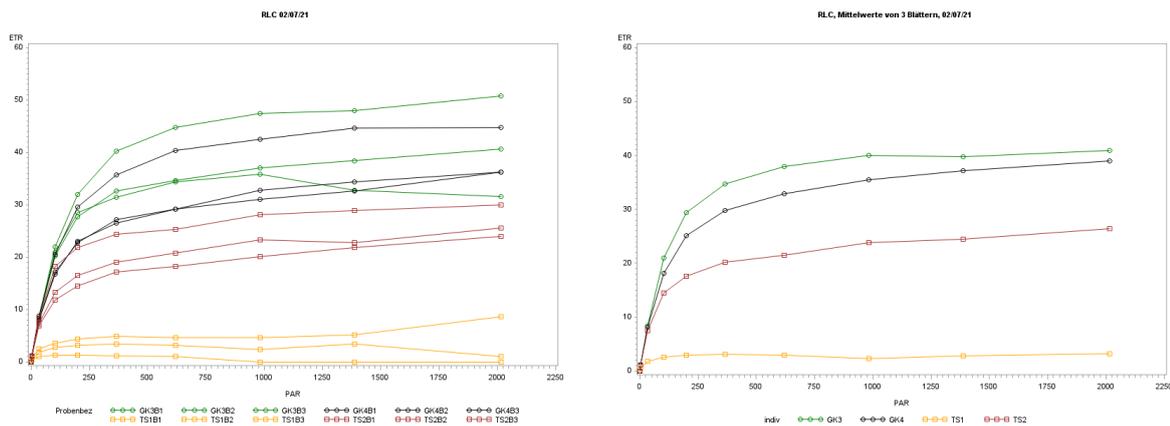


Abb. 11: RLCs am Tag 10 (02.07.2021), links RLCs von 12 einzelnen Blättern (ohne Freilandkontrollen), rechts RLCs je Pflanze im Mittel von je 3 Blättern (Trockenstressbehandlung = gelb / braun).

Zusätzlich zu den gezeigten exemplarischen Kurvenverläufen werden die ermittelten effektiven photochemischen Quantenausbeuten $Y(II)$ und die drei Kardinalparameter der RLCs getrennt nach den Versuchsvarianten als Mittelwerte je Messtag zusammen mit deren Variationskoeffizienten in Tabelle 2 dargestellt. Die verschiedenen Messbedingungen in diesem Vorversuch sowie auffällige Werte sind farblich unterlegt (hellgrau: bedeckter Himmel bzw. schattiert, gelb: sonnig bis wechselnd bewölkt im Freiland, dunkelgrau: Dunkelheit).

Die Lichtbedingungen während der Messung hatten erwartungsgemäß einen erheblichen Einfluss auf die Chlorophyllfluoreszenzparameter (Abb. 12). Die unmittelbar vor und nach den RLCs gemessenen PAR-Werte korrelieren streng negativ mit $Y(II)$ und positiv mit I_k . Direktes Sonnenlicht lässt die maximale Elektronentransportrate ETR_{max} sowie den I_k -Wert trotz großer Variationskoeffizienten tendenziell ansteigen, während die effektive photochemische Quantenausbeute $Y(II)$ absinkt (Tabelle 2). Die maximale Quantenausbeute F_v/F_m von Photosystem II wurde an zwei Tagen für dunkeladaptierte Kontrollpflanzen ermittelt. Der theoretisch für nicht gestresste Bäume zu erwartende Wert für F_v/F_m von ca. 0,84 wurde bei keiner Messung erreicht. Eine Verdunklung über 4 h bewirkte keine Veränderung des F_v/F_m -Werts im Vergleich zu einer 30-minütigen Verdunklung, reduzierte jedoch die maximale Elektronentransportrate noch weiter.

Allgemein zeigen die Messwerte beträchtliche Streuungen, die aus Unterschieden zwischen den einzelnen Pflanzen sowie aus Unterschieden zwischen den drei Blättern einer Pflanze resultieren. Dabei fallen die Variationskoeffizienten für die effektive photochemische Quantenausbeute $Y(II)$ im Vergleich zu den anderen drei Parametern deutlich geringer aus.

Die beobachteten verringerten ETR_{max} -Werte bei Trockenstress-Pflanzen zu Symptombeginn beziehen sich auf den Vergleich mit den Kontrollpflanzen am betreffenden Tag, aber nicht auf Kontrollpflanzen über den Versuchszeitraum hinweg, da zwischen den Messtagen trotz Schattierung noch Schwankungen auftreten. Erst bei fortschreitendem Trockenstress und stark ausgeprägten Symptomen sinken die $Y(II)$ - und ETR_{max} -Werte unter die der Kontrollpflanzen bezogen auf den gesamten Versuchszeitraum.

Tabelle 2: Berechnete Parameter aus Rapid Light Curves (RLCs) im Versuchsverlauf je Messtag und Versuchsvariante als Mittelwerte und Variationskoeffizienten. Parameter $Y(II)$ = effektive Quantenausbeute von PS II, Alpha = Anstieg der Kurve unter lichtlimitierten Bedingungen, ETRmax = maximale Elektronentransportrate bei Lichtsättigung und I_k = Lichtintensität am Schnittpunkt von alpha und ETRmax im Kurvenverlauf, VK = Variationskoeffizient.

Messbedingungen: FL = Freiland, GH = Gewächshaus, PAR = Mittelwert der unmittelbar vor und nach der RLC gemessenen photosynthetisch aktiven Strahlung des Umgebungslichts in $\mu\text{mol}/\text{m}^2 \cdot \text{sec}$, N = Anzahl gemessener Blätter.

	Mess-tag	Bedingungen	PAR	N	Y(II)	VK %	Alpha	VK %	ETR max	VK %	I_k	VK %
Gepoolte Messwerte für Kontroll- und Trockenstresspflanzen vor Symptombeginn; danach gemittelte Werte für Kontrollpflanzen												
23.06.	1	GH, bedeckt	97,8	18	0,657	3,9	0,241	24,6	65,3	24,9	317,5	73,6
23.06.	1	FL, sonnig	667,8	18	0,397	14,9	0,141	28,4	77,1	25,5	608,0	50,1
24.06.	2	FL, bedeckt	236,6	18	0,574	4,3	0,240	7,9	57,3	25,5	241,5	28,6
25.06.	3	FL, sonnig	691,1	18	0,343	20,3	0,123	24,6	52,0	24,3	442,5	32,3
28.06.	6	FL, schattiert	41,9	9	0,638	3,7	0,279	24,7	56,4	28,9	217,8	44,6
30.06.	8	FL, schattiert	5,9	15	0,674	5,0	0,238	48,3	31,6	18,5	156,7	38,7
02.07.	10	FL, schattiert	26,4	6	0,644	4,8	0,333	10,2	40,8	14,2	123,0	13,0
05.07.	13	FL, schattiert	22,7	9	0,632	5,1	0,270	17,6	36,9	15,9	138,2	13,4
07.07.	15	FL, schattiert	15,5	9	0,636	3,7	0,276	33,2	47,8	37,3	186,8	35,6
09.07.	17	4 h dunkel	0	5	0,735	3,8	0,152	18,4	19,1	35,6	130,1	38,8
10.07.	18	30 min dunkel	0	6	0,712	4,0	0,130	18,8	31,6	15,1	245,8	11,6
10.07.	18	FL, Sonne	888,0	6	0,349	60,9	0,140	60,4	55,8	18,8	542,0	59,2
12.07.	20	GH, schattiert	5,8	12	0,654	5,8	0,309	9,3	44,3	29,7	145,3	34,2
14.07.	22	GH, schattiert	2,5	6	0,745	3,4	0,250	25,5	42,1	13,7	180,5	34,4
Messwerte für Pflanze TS1 ab Tag 6												
28.06.	6	FL, schattiert	28,6	3	0,632	4,0	0,108	34,0	40,0	13,8	426,1	57,3
30.06.	8	FL, schattiert	10,4	3	0,498	7,6	0,188	13,6	8,0	25,6	42,8	23,6
02.07.	10	FL, schattiert	19,9	3	0,298	37,2	0,067	31,7	3,7	63,9	50,7	40,8
Messwerte für Pflanze TS2 ab Tag 10												
02.07.	10	FL, schattiert	17,0	3	0,663	5,9	0,286	29,8	26,2	13,9	94,1	14,4
05.07.	13	FL, schattiert	26,1	3	0,628	7,1	0,242	52,6	23,0	21,9	106,7	39,9
07.07.	15	FL, schattiert	15,2	3	0,628	3,1	0,181	42,8	27,8	20,9	183,6	59,2
12.07.	20	GH, schattiert	5,3	3	0,108	51,8	0,044	51,4	1,2	90,4	24,9	50,9

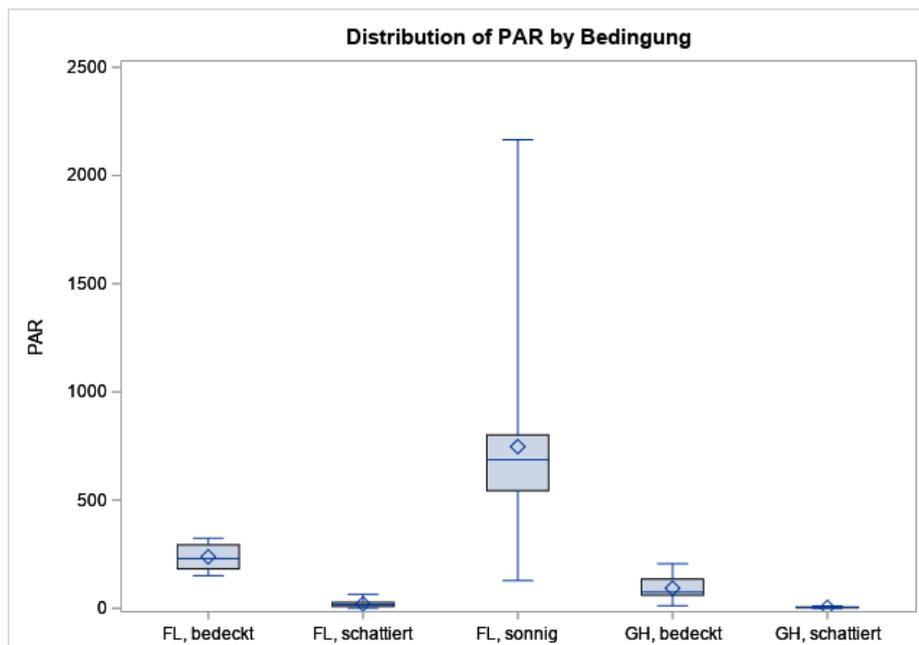


Abb. 12: Ambiente photosynthetisch aktive Strahlung (PAR) in $\mu\text{mol}/\text{m}^2\cdot\text{sec}$ unter verschiedenen Bedingungen im Zeitraum 23.06.-14.07.2021 (FL = Freiland, GH = Gewächshaus).

4 Diskussion

Im Rahmen unseres Vorversuchs für Chlorophyllfluoreszenzmessungen unter Feldbedingungen ohne Vorverdunklung wurden RLCs aufgenommen. Bei getopften Spitzahorn-Jungpflanzen unter Trockenstress traten unter unseren experimentellen Bedingungen nach sechs bis zehn Tagen leicht herabhängende bzw. abgeknickte Blätter als erstes sichtbares Symptom auf. Am jeweils gleichen Tag waren auch bei der Aufzeichnung von RLCs im Vergleich zu Kontrollpflanzen die maximalen Elektronentransportraten des PS II reduziert und die Lichtsättigung wurde schon bei geringeren Lichtintensitäten erreicht. Diese beiden Parameter aus RLCs reagierten als erste auf den Trockenstress, jedoch nicht vor dem Sichtbarwerden phänotypischer Symptome. Die weniger aufwändig zu messende effektive photochemische Quantenausbeute $Y(II)$ reagierte dagegen erst mehrere Tage später. Zahlreiche weitere abgeleitete Chlorophyllfluoreszenzparameter, wie z. B. qP und qL als Koeffizienten der photochemischen Fluoreszenzlöschung nach dem puddle- bzw. dem lake-Modell sowie der sog. Vitalitätsindex $Rfd = (Fm^1 - F)/F$ (alle erläutert in MATYSSEK und HERPPICH 2019) wurden hier nicht dargestellt, weil sie letztendlich aus denselben Messwerten berechnet werden, sich proportional verhalten und dieselben Streuungen haben.

Unsere Ergebnisse zeigen, dass die Methode der RLCs in unserem Vorversuch gleich sensitiv war wie die Methode der äußeren Bonitur. Physiologische Unterschiede zwischen den Versuchsgruppen „Trockenstress“ und „Kontrollen“ wurden zeitgleich mit dem Auftreten phänotypischer Anzeichen von Trockenstress gemessen. Das Ergebnis deckt sich mit einer Studie von BANKS (2018), der getopfte Pflanzen von Klonen verschiedener Ahornarten und -sorten unter Trockenstress verglich. Neben einer Bonitur von Blattwelke und Vergilbung erhob er Daten zur schnellen Kinetik bei dunkeladaptierten Blättern. Konsistente Ergebnisse erhielt er dabei erst mit dem Auftreten von äußerlich sichtbaren Schadsymptomen. MATYSSEK und HERPPICH (2019) berichten gleichlautende Ergebnisse aus Trockenstressexperimenten mit abgeschnittenen Blättern oder Zweigen von CAM-Pflanzen und zeigen, dass die maximale Quantenausbeute Fv/Fm erst ab einem Schwellenwert des relativen Blattwasserdefizits reagiert, bei dem schon irreversible Schädigungen des Blatts auftreten. VAZ MONTEIRO et al. (2017) dokumentieren in einem Trockenstress-Topfexperiment Blattwelke und Blattfall für *Populus tremuloides* und *Robinia pseudoaccacia*. PEZNER et al. (2020) untermauern die Unterschiede in der Lebensstrategie

immergrüner versus bei Trockenheit laubabwerfenden Sträuchern mit Chlorophyllfluoreszenzmessungen und nehmen äußerlich sichtbare phänologische Unterschiede als Ausgangspunkt für ihre Studie. STIRBET et al. (2018) diskutieren in ihrem Review verschiedene Performance-Indices aus der schnellen Fluoreszenzkinetik. Die Indices reagierten jedoch teilweise inkonsistent auf Stressfaktoren oder es fehlen geeignete Vergleichsmerkmale, wie z. B. äußere Anzeichen oder Pflanzenmerkmale. Auch in der Metastudie von SUN et al. (2020) wurden keine Boniturdaten äußerer Merkmale oder zeitlichen Verläufe berücksichtigt, da viele Arbeiten auf eine Einbeziehung phänotypischer Merkmale während des Versuchszeitraums verzichtet haben. So konnte lediglich gezeigt werden, dass die maximale Quantenausbeute von PSII (Fv/Fm) bei trockengestressten Pflanzen im Durchschnitt abnimmt.

Ein weiteres wichtiges Ergebnis unserer Vorstudie sind die großen Streuungen der Messwerte, die sich aufgrund der Lichtverhältnisse (besonders bei Sonnenschein mit teilweiser Bewölkung) ergaben. Durch eine Schattierung der Pflanzen mittels einer Schattenbox oder durch Messungen im Freiland bei bedecktem Himmel konnten hier aber relativ gleichmäßige Messbedingungen geschaffen werden. Freilandmessungen bei bedecktem Himmel sind für weitere Untersuchungen zu empfehlen. Für Messungen unter gleichmäßigen Lichtvoraussetzungen sollten die sechs Versuchspflanzen zu Beginn des Experiments einen annähernd übereinstimmenden Kurvenverlauf zeigen und im späteren Verlauf des Experiments zumindest die Pflanzen der Kontrollvarianten ein relativ einheitliches Verhalten aufweisen, das sich von dem der trockengestressten Pflanzen unterscheidet. Die Unterschiede zwischen den einzelnen Pflanzen und die Abweichungen zwischen den drei gemessenen Blättern einer Pflanze verursachten ebenfalls beträchtliche Streuungen. Die Variationskoeffizienten für die effektive photochemische Quantenausbeute $Y(II)$ waren im Vergleich zu den anderen drei Parametern deutlich geringer. Die Aufnahme von RLCs ist zwar zeitaufwändig, scheint aber sensitivere Ergebnisse zu ermöglichen im Vergleich zur einfacheren und weniger streuenden $Y(II)$ -Messung. Eine Reduktion der Streuung kann erreicht werden, wenn für Vergleiche zwischen verschiedenen Versuchsvarianten oder zwischen Pflanzen verschiedener Prüfglieder nur Messungen von einem Tag herangezogen werden.

Generell müssen aber Streuungen der Messwerte, wie sie bei uns innerhalb der Gruppe der Kontrollpflanzen auftraten, als normal angesehen werden. Die Photosyntheseleistungsfähigkeit und die Trockenheitstoleranz sind individuell verschieden und können auch von Abstammung oder Herkunft beeinflusst sein, wie einige Studien belegen. So zeigen VASTAG et al. (2020) für *Quercus robur*, dass sich Halbgeschwisterlinien in ihrer Anfälligkeit für trockenheitsbedingten Stress unterscheiden. PŠIDOVÁ et al. (2015) untersuchten *Fagus sylvatica*-Sämlinge von drei Herkünften entlang eines Gradienten von warm-trocken bis kühl-feucht und fanden heraus, dass die Nettphotosyntheserate der Herkunft aus dem warm-trockenen Gebiet als einzige nicht signifikant durch Trockenstress absinkt. Die RLCs der anderen Herkünfte reagierten (ohne Angabe von Streuungen) unterschiedlich auf Trockenstress, jedoch nicht in der erwarteten Rangfolge. KONŌPKOVÁ et al. (2020) fokussierten ebenfalls auf Unterschiede zwischen Herkünften und wählten auf einem IUFRO-Versuch mit *Abies alba* fünf verschiedene Populationen von insgesamt 17 für vergleichende physiologische Messungen aus. Sie stellten ebenfalls fest, dass sich Populationen hinsichtlich der physiologischen Eigenschaften unterscheiden können. Populationen der Weiß-Tanne aus trocken-wärmeren Gebieten zeigten hier eine stärkere Reaktion auf Trockenstress im Vergleich zu Populationen aus feucht-kühleren Gebieten.

Abschließend sei darauf hingewiesen, dass andere Faktoren als der im Vorversuch getestete starke Trockenstress, wie z. B. verschiedene Varianten der Nährstoffversorgung oder Mykorrhizierung, sich längerfristig auf die Beschaffenheit des Photosyntheseapparates auswirken könnten. Damit wäre ein Messen physiologischer Unterschiede eventuell vor der Beobachtung phänotypischer Anzeichen möglich. Bei der Bewertung eventueller messbarer Unterschiede muss aber immer berücksichtigt werden, dass Chlorophyllfluoreszenzparameter nur die Effizienz des PS II als ersten Abschnitt der Elektronentransportkette erfassen und dass es sich dabei um Momentaufnahmen von reversiblen Prozessen in langlebigen Pflanzen handelt. Die weiteren Schritte der Lichtreaktion der Photosynthese, die gesamte Dunkelreaktion mit der CO₂-Fixierung und nachfolgende Ressourcenallokation sind nur indirekt damit verbunden. Die Summe aller Effekte bei Baumschulpflanzen zur Beurteilung von Herkünften, Prüfgliedern usw. könnte zuverlässiger, z. B. mit einer Zuwachsmessung nach Abschluss der Vegetationsperiode, erfasst werden. Die Chlorophyllfluoreszenzmessungen einschließlich der RLCs

können aber sinnvoll in der Grundlagenforschung eingesetzt werden, wie z. B. bei geklontem Versuchsmaterial unter konstanten Bedingungen und bei der Analyse von Prozessen, die eng mit der Photosynthese verbunden sind.

Dank

Das Projekt „SpitzAhorn“ wird durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft im Förderschwerpunkt „Stärkung der nachhaltigen Forstwirtschaft zur Sicherung der Waldfunktionen“ (Projekträger FNR) gefördert. Wir danken unseren technischen Assistentinnen UTE STRABBURG-KÄBLER, DIANA AHNERT und PETRA KNAUER für ihre Unterstützung und den Gärtnereien des Thünen-Instituts für Forstgenetik in Waldsiedersdorf und Großhansdorf für die Pflanzenanzucht und Betreuung während des Versuchs.

Referenzen

- BANKS JM (2018): Chlorophyll fluorescence as a tool to identify drought stress in *Acer* genotypes. *Environmental and Experimental Botany* 155: 118-127. <https://dx.doi.org/10.1016/j.envexpbot.2018.06.022>
- BANKS JM (2017): Continuous excitation chlorophyll fluorescence parameters: a review for practitioners. *Tree Physiology* 37 (8): 1128-1136. <https://dx.doi.org/10.1093/treephys/tpx059>
- BEER S, BJÖRK M, BEARDALL J (2021): Fluorescence Measurement Techniques. 231-238. In: GAO K, HUTCHINS DA, BEARDALL J (eds). *Research Methods of Environmental Physiology in Aquatic Sciences*. Singapore: Springer Singapore, ISBN 978-981-15-5354-7
- DE SOUSA CAF, DE PAIVA DS, CASARI RADCN, DE OLIVEIRA NG, MOLINARI HBC, KOBAYASHI AK, MAGALHÃES PC, GOMIDE RL, SOUZA MT (2017): A procedure for maize genotypes discrimination to drought by chlorophyll fluorescence imaging rapid light curves. *Plant Methods* 13 (1): 61. <https://dx.doi.org/10.1186/s13007-017-0209-z>
- EILERS P, PEETERS J (1988): A model for the relationship between light intensity and the rate of photosynthesis in phytoplankton. *Ecological Modelling* 42 (3-4): 199-215. [https://dx.doi.org/10.1016/0304-3800\(88\)90057-9](https://dx.doi.org/10.1016/0304-3800(88)90057-9)
- KONŔPKOVÁ A, PŠIDOVÁ E, KURJAK D, STOJNIC S, PETRÍK P, FLEISCHER JR P, KUCEROVÁ J, JEŽÍK M, PETEK A, GÖMÖRY D, KMET J, LONGAUER R, DITMAROVÁ L (2020): Photosynthetic performance of silver fir (*Abies alba*) of different origins under suboptimal growing conditions. *Functional Plant Biology* 47 (11): <https://dx.doi.org/10.1071/FP20040>
- MATYSSEK R, HERPPICH WB (2019): Chlorophyllfluoreszenzanalyse. 271-326. In: *Experimentelle Pflanzenökologie: Grundlagen und Anwendungen*. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, ISBN 978-3-662-53465-6
- PERKINS RG, MOUGET JL, LEFEBVRE S, LAVAUD J (2006): Light response curve methodology and possible implications in the application of chlorophyll fluorescence to benthic diatoms. *Marine Biology* 149 (4): 703-712. <https://dx.doi.org/10.1007/s00227-005-0222-z>
- PEZNER AK, PIVOVAROFF AL, SUN W, SHARIFI MR, RUNDEL PW, SEIBT U (2020): Plant Functional Traits Predict the Drought Response of Native California Plant Species. *International Journal of Plant Sciences* 181 (2): 256-265. <https://dx.doi.org/10.1086/706451>
- PŠIDOVÁ E, DITMAROVÁ L, JAMNICKÁ G, KURJAK D, MAJEROVÁ J, CZAJKOWSKI T, BOLTE A (2015): Photosynthetic response of beech seedlings of different origin to water deficit. *Photosynthetica* 53 (2): 187-194. <https://dx.doi.org/10.1007/s11099-015-0101-x>
- RALPH PJ, GADEMANN R (2005): Rapid light curves: A powerful tool to assess photosynthetic activity. *Aquatic Botany* 82 (3): 222-237. <https://dx.doi.org/10.1016/j.aquabot.2005.02.006>
- SAS INSTITUTE INC. (2016): SAS 9.4 TS Level 1M5 X64_10PRO platform. In: Copyright (c) 2016 by SAS Institute Inc., Cary, NC, USA. All Rights Reserved
- SCHREIBER U, SCHLIWA U, BILGER W (1986): Continuous recording of photochemical and non-photochemical chlorophyll fluorescence quenching with a new type of modulation fluorometer. *Photosynthesis Research* 10 (1): 51-62. <https://dx.doi.org/10.1007/BF00024185>
- STIRBET A, LAZÁR D, KROMDIJK J, GOVINDJEE (2018): Chlorophyll a fluorescence induction: Can just a one-second measurement be used to quantify abiotic stress responses? *Photosynthetica* 56 (1): 86-104. <https://dx.doi.org/10.1007/s11099-018-0770-3>

SUN Y, WANG C, CHEN HYH, RUAN H (2020): Response of Plants to Water Stress: A Meta-Analysis. *Frontiers in Plant Science* 11. <https://dx.doi.org/10.3389/fpls.2020.00978>

VASTAG E, COCOZZA C, ORLOVIĆ S, KESIĆ L, KRESOJA M, STOJNIC S (2020): Half-Sib Lines of Pedunculate Oak (*Quercus robur* L.) Respond Differently to Drought Through Biometrical, Anatomical and Physiological Traits. *Forests* 11 (2): 153. <https://dx.doi.org/10.3390/f11020153>

VAZ MONTEIRO M, DOICK KJ, LAWRENCE V, ALBERTINI A, HANDLEY P (2017): Investigation into the drought tolerance of broadleaf street trees using chlorophyll fluorescence. *Acta Horticulturae*: 427-430. <https://dx.doi.org/10.17660/ActaHortic.2017.1189.83>

WHITE AJ, CRITCHLEY C (1999): Rapid light curves: A new fluorescence method to assess the state of the photosynthetic apparatus. *Photosynthesis Research* 59 (1): 63-72. <https://dx.doi.org/10.1023/A:1006188004189>

Autorinnen

HEIKE LIESEBACH

Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf

Kontakt: heike.liesebach@thuenen.de

CORNELIA BÄUCKER

Thünen-Institut für Forstgenetik, Eberswalder Chaussee 3 A, 15377 Waldsiedersdorf

Biochemische Stressreaktionen und differenzielle Transkriptomanalyse bei Lindenklonen unter Wassermangel

LINUS HOHENWARTER, SONJA LÖFFLER, RALF KÄTZEL

Zusammenfassung

Im Rahmen des Forschungsprojektes „*Trees4Streets*“ wurden u.a. fünf verschiedene, *in vitro* angezogene *Tilia*-Klone hinsichtlich ihrer Trockenstresstoleranz in Gewächshaus-Gefäßversuchen biochemisch analysiert. Die Klone unterschieden sich deutlich in den biochemischen Mustern der Blattmetabolite entlang der Trockenstresskaskade und im Austriebsverhalten im nächsten Frühjahr. Im Ergebnis der physiologischen Untersuchungen ergab sich ein relativ eindeutiges Ranking der Klone hinsichtlich ihrer Trockenstresstoleranz: *Tilia x europaea* ‚Konnings‘ (Klon 77000) > *Tilia dasystyla* (Klone 35.3; 36.3) >> *Tilia cordata* ‚Wega‘ (67.3)// *T. Heiligendamm* (Klon 120).

Zusätzlich wurden exemplarisch drei Klone (77000, 36.3, 67.3) hinsichtlich der differentiellen Genexpression untersucht, die sich hinsichtlich der Trockenstresstoleranz und der Anzahl und Funktion der exprimierten Gene deutlich unterschieden. Es bestätigte sich eine polygenetische Regulation in Verbindung mit einer klonspezifischen Über- und Unterexpression einer Vielzahl von Genen, die z.B. bei dem trocken sensitiven Klon 67.3. um ein Vielfaches höher war als bei dem trocken toleranterem Klon 77000. Einige dieser Gene (z. B. *Homeobox 7*, *CCD1*, *Cytochrome b6-Komplex*, *ATP-Synthase*, *RuBisCO 3*, *Chlorophyll a-b Bindungsproteine*) konnten identifiziert und ihre klonspezifischen Expressionsstärken im Kontext der physiologischen Trockenstressreaktion diskutiert werden. Die Stresstests mit getopften Pflanzen unter Gewächshausbedingungen boten in der Kombination von physiologisch-biochemischen Blattanalysen und Transkriptomuntersuchungen gute Möglichkeiten für eine frühzeitige Selektion trockenstresstoleranter Klone.

Abstract

Biochemical stress responses and differential transcriptional analysis in linden clones during water deprivation

As part of the research project "*Trees4Streets*", five different *Tilia* clones grown *in vitro* were, among others, biochemically analyzed with respect to their drought stress tolerance in greenhouse container experiments. The clones differed significantly in the biochemical patterns of leaf metabolites along the drought stress cascade and in budbreak the next spring. As a result of the physiological investigations, a relatively clear ranking of the clones with respect to their drought stress tolerance emerged: *Tilia x europaea* 'Konnings' (Clone 77000) > *Tilia dasystyla* (Clones 35.3; 36.3) >> *Tilia cordata* 'Wega (67.3)// *T. cordata* Heiligendamm (Clone 120).

In addition, three clones (77000, 36.3, 67.3) were examined exemplarily with respect to differential gene expression, which differed significantly with respect to drought stress tolerance and the number and function of expressed genes. Polygenetic regulation was confirmed in conjunction with clone-specific overexpression and underexpression of a large number of genes, which was, for example, several times higher in the drought-sensitive clone 67.3. than in the more drought-tolerant clone 77000. Some of these genes (e.g. *Homeobox 7*, *CCD1*, *Cytochrome b6 complex*, *ATP synthase*, *RuBisCO 3*, *Chlorophyll a-b binding proteins*) could be identified and their clone-specific expression levels discussed in the context of the physiological drought stress response. The stress tests with potted plants under greenhouse conditions offered good opportunities for early selection of drought stress tolerant clones in combination with physiological biochemical leaf analyses and transcriptome studies.

1 Forschungshintergrund

Da die „Deutsche Anpassungsstrategie an den Klimawandel“ (Die Bundesregierung 2008, LEHMPHUL 2015) die Möglichkeiten zur Milderung der Auswirkungen des Klimawandels in Städten in einer Stabilisierung und Förderung von Gehölzanpflanzungen sieht, gebührt insbesondere der Trockenstresstoleranz von urbanen Gehölzen eine besondere Aufmerksamkeit. Dabei ist zu berücksichtigen, dass urbane Räume bereits jetzt für Gehölze Extremstandorte darstellen, an die vergleichsweise nur wenige Sorten ausgewählter Arten über einen begrenzten Zeitraum angepasst sind. Unter diesen Rahmenbedingungen werden zum einen aktuelle Gehölzsortimente hinsichtlich ihrer Stresstoleranz bewertet (ROLOFF und KNIESEL 2008) und zum anderen neue Gehölze mit einer besonders hohen Anpassungsfähigkeit gegenüber unterschiedlichen Stressfaktoren, insbesondere Wassermangel, gesucht.

Arten und Sorten der Gattung *Tilia* gehören seit Jahrhunderten zu den häufigsten Straßen-, Allee- und Parkbäumen in Deutschland. Als besonders beliebte Gehölzart stellt die Winter-Linde (*Tilia cordata* L.) mit ihren vielen Sorten nahezu ein Drittel aller Straßenbäume (SCHÖNFELD 2006). Ihre große physiologische Plastizität bietet gute Voraussetzungen für die Selektion trockenstresstoleranter Klone.

Diesem Ziel widmete sich das Forschungsprojekt „Trees4Streets“, an dem drei Forschungseinrichtungen und drei Baumschulen beteiligt waren (2016-2022). Im Gegensatz zu bisher gepfropften Gehölzsorimenten sollten zunächst vorselektierte Klone *in vitro* angezogen werden, um so auf genetisch identischen, eigenen Wurzeln zu stehen und um die Produktionszeiträume verkürzen zu können.

Zunächst wurden von 169 vorselektierten Klonen verschiedener Gehölzarten zusammengetragen und ihre Eignung für die *in vitro*-Anzucht unter möglichst optimalen Kulturbedingungen geprüft. Nach der Überführung der Klone in die *in vitro* Kultur wurden diese etabliert, hochvermehrt, bewurzelt und anschließend im Gewächshaus akklimatisiert.

Anschließend wurden die etablierten ein- bis dreijährigen Klone (2017-2019) jeweils einem mehrwöchigen Trockenstresstest unter Gewächshausbedingungen (*in vivo*) unterzogen. Die unterschiedlichen Klone der untersuchten Gehölzgattungen (*Tilia*, *Acer*, *Platanus*), wurde anhand von biochemisch-physiologischen Blatinhaltsstoffen (Biomarker), der Sproß-Wurzel-Entwicklung und dem späteren Austriebsverhalten hinsichtlich ihrer Stresstoleranz bewertet.

Vorgelegt werden die Ergebnisse zur Phäno- und Genotypisierung von drei bzw. fünf Lindenklonen aus dem dritten Versuchsjahr (2019), die sich hinsichtlich ihrer Trockenstresstoleranz deutlich unterschieden (Tabelle 1).

2 Durchführung der Trockenstressversuche

Die akklimatisierten Pflanzen aus der *in vitro* Kultur standen in unterschiedlichen Größen (20 – 60 cm) in gleichem Kultursubstrat in 1 l-Töpfen zur Verfügung. Für die Trockenstressversuche wurden die Individuen der jeweiligen Klone getrennt nach Größenklassen in eine bewässerte Kontrollgruppe und eine Trockenstressgruppe unterteilt. Bereits zu Versuchsbeginn wurden die Pflanzengröße, Blattzahl und Vitalität (Schadensmerkmale an Blättern) dokumentiert. Die Vergleichbarkeit sollte durch vergleichbare Sprosslängen/Blattverhältnisse gegeben sein. Die Akklimatisierung der fünf *Tilia*-Klone (Tabelle 1) an die Gewächshausbedingungen in Eberswalde erfolgte ab dem 23.04.2019.

Tabelle 1: Im Trockenstresstest untersuchte Linden-Klone im Untersuchungsjahr 2019. Bei den drei mit * gekennzeichneten Klone erfolgen parallel zu physiologischen Untersuchungen auch Analysen zur differentiellen Genexpression. Diese Klone wurden auch für die Genotypisierung verwendet.

Art	Klon
<i>Tilia × europaea</i> 'Konnings'	77000*
<i>Tilia dasystyla</i>	35.3
<i>Tilia dasystyla</i>	36.3*
<i>Tilia cordata</i> 'Wega'	67.3*
<i>Tilia cordata</i> 'Heiligendamm'	120

Begleitend zur Vitalitätsbonitur der Versuchspflanzen wurden alle Töpfe zweimal wöchentlich gewogen, um den Wasserverlust der Stressvariante während der Versuchsdauer dokumentieren zu können. Voraussetzung hierfür war die Trocknung des Substrates je Topf bei 105 °C nach dem Umtopfen am Ende der Vegetationsperiode. Die Abbildung 1 zeigt exemplarisch den relativen Bodenrestwassergehalt der einzelnen Klone für das Versuchsjahr 2019, der während der gut dreiwöchigen Versuchsdauer erwartungsgemäß abnahm. Der stärkste Wasserverlust war in den ersten 10-13 Versuchstagen zu beobachten. Da der Wasserverlust nicht nur artabhängig ist, sondern auch von der Blattzahl, Blattfläche und Pflanzengröße abhängt, wurden für die Auswertung die Pflanzen nach vergleichbaren Größenklassen sortiert. Den stärksten Wasserverlust erlitten die mittelgroßen und großen Pflanzen von *Tilia cordata* 'Wega' (Klon 67.3). Die *Tilia cordata* 'Heiligendamm' (Klon 120) und die kleinen Pflanzen der *Tilia dasystyla* (Klon 36.3) hatten die geringsten Transpirationsverluste (Abb. 3).

Innerhalb des Versuchszeitraumes wurden die Einzelblätter wöchentlich bzw. in Abhängigkeit von der äußerlich sichtbaren Stresssymptomatik ohne Stil abgeschnitten und unmittelbar in flüssigem Stickstoff eingefroren.

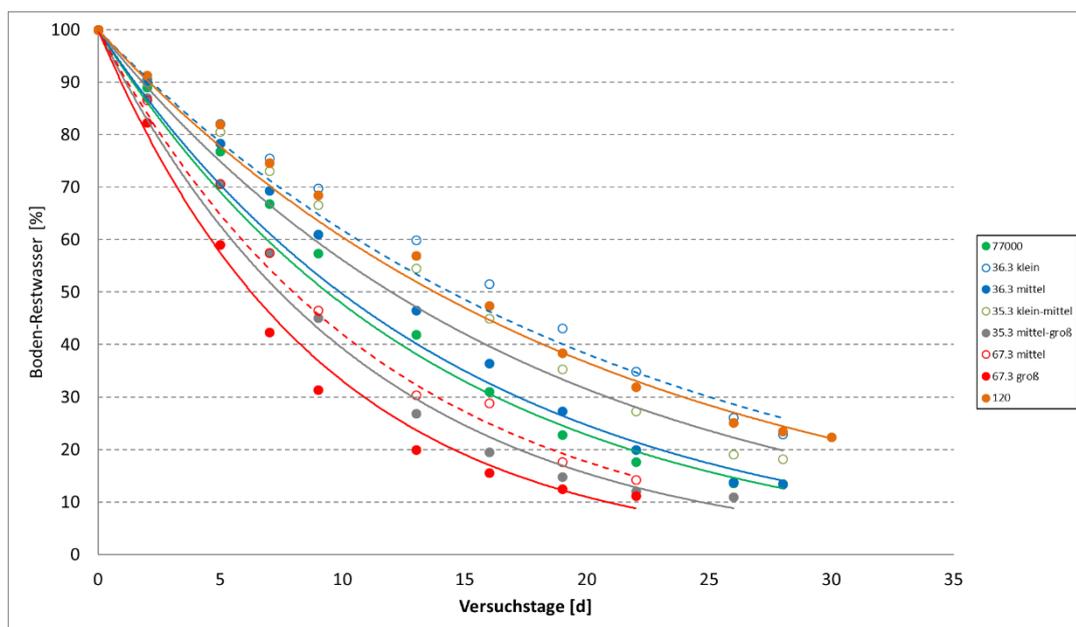


Abb. 1: Prozentualer Boden-Restwassergehalt der unbewässerten Versuchsvariante in Abhängigkeit von der Versuchsdauer bzw. der untersuchten Klone exemplarisch für das Versuchsjahr 2019.



Abb. 2: Versuchspflanzen zu Beginn des Trockenstressversuchs (03.07.2019)



Abb. 3: Zustand der Versuchspflanzen nach ca. drei Wochen Trockenstress (25.07.2019); links: *Tilia dasystyla* (Klon 36.3); rechts: *Tilia cordata* 'Wega' (Klon 67.3)

3 Veränderung von Blattinhaltsstoffen (Phänotypisierung)

3.1 Methoden

Die biochemische Phänotypisierung erfolgte auf der Grundlage von biochemischen Blattinhaltsstoffen (Biomarker: Blattwassergehalt, Blatttrockenmasse, Blattgewebedichte, Gehalte an Chlorophyllen a+b, Carotinoiden, Kohlenhydraten, Stärke, phenolischen Inhaltsstoffen, Aminosäurespektrum) (KÄTZEL 2003). Mit Hilfe multivariater statistischer Verfahren (Hauptkomponenten- und Clusteranalyse) wurde stresscharakteristische Biomarkermustern extrahiert.

3.2 Ergebnisse

Vorgelegt werden die mittleren relativen Veränderungen der Blattinhaltsstoffe der untersuchten Lindenklone mit zunehmendem Trockenstress im Vergleich zu den bewässerten Kontrollpflanzen (=100 %). Bei der Trockenstressserie der Holländischen Linde *Tilia x europaea* 'Konnings' (Klon 77000) stiegen zunächst die Gehalte an löslichen Kohlenhydraten (Abb. 4, hellblaue Säule), was die Osmolalität der Blätter erhöhte, um das Restwasser in der Pflanze zu mobilisieren. Erst ab der 3. Woche nahmen die Gehalte der löslichen Aminosäure und der freien Aminosäure Prolin als Stressmetabolit deutlich zu (Abb. 4, hell- und dunkelrote Säule). Dagegen

nahmen die Chlorophyllgehalte und die phenolischen Blattinhaltsstoffe nur geringfügig ab (Abb. 4 grüne und violette Säulen). Eine ähnlich Stresskaskade zeigte die beiden Kaukasischen Linden (*Tilia dasystyla*).

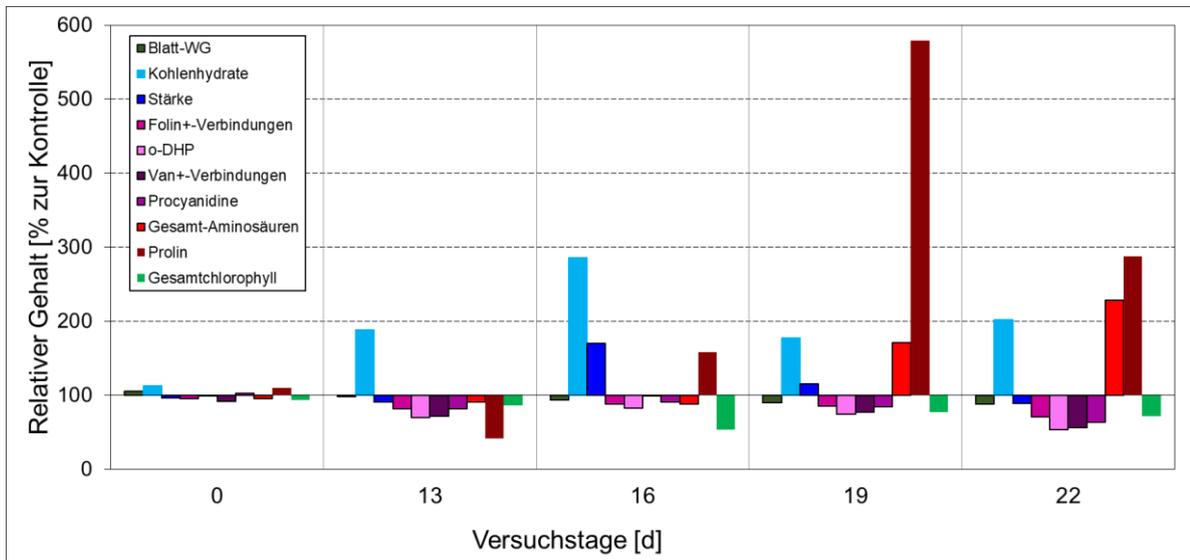


Abb. 4: Relativer Gehalt ausgewählte Blattinhaltsstoffe der unbewässerten Versuchspflanzen in Bezug zu den bewässerten Kontrollpflanzen im Versuchsverlauf bei *Tilia x europaea* 'Konnings' (Klon 77000).

Im Gegensatz zu der Holländischen Linde verhielten sich die Versuchspflanzen des Klons 67.3 der Winter-Linde (*Tilia cordata* 'Wega') deutlich stresssensitiver. Bereits nach zweiwöchiger Versuchsdauer stiegen die Prolingehalte in den Blättern stark an. Die Stärkegehalte nahmen dagegen zunehmend ab (dunkelblaue Säule). Ebenso zeigte sich ein stärkerer Abbau des Chlorophylls (grüne Säule, Abb. 5).

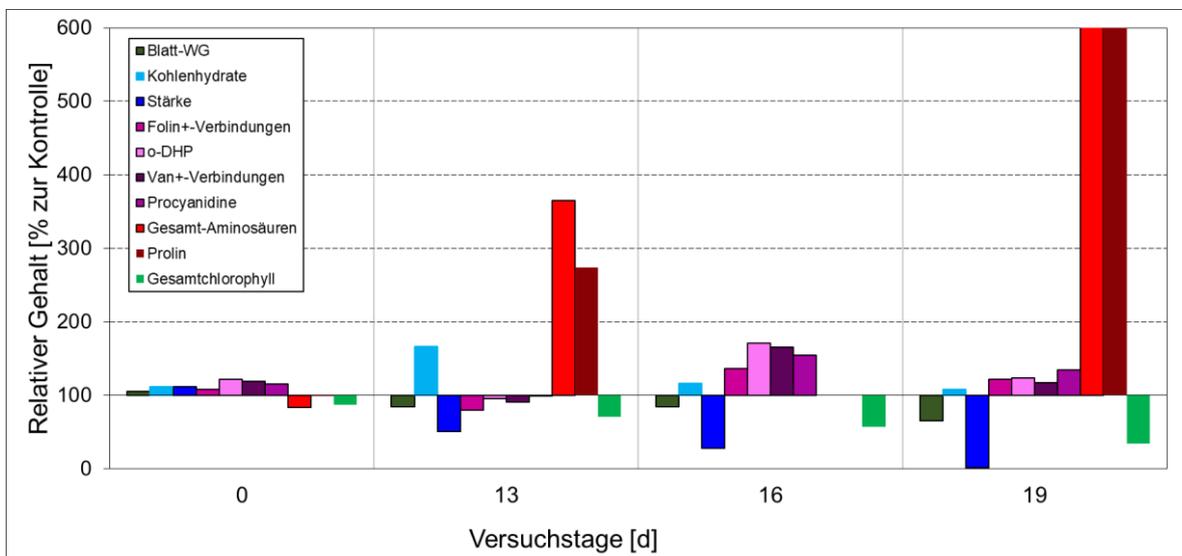


Abb. 5: Relativer Gehalt ausgewählte Blattinhaltsstoffe der unbewässerten Versuchspflanzen in Bezug zu den bewässerten Kontrollpflanzen im Versuchsverlauf bei *Tilia cordata* 'Wega' (Klon 67.3)

Zur Beschreibung komplexer Stressreaktionen wurden die einzelnen Parameter zu Biomarkermustern verknüpft, die über multivariate statistische Verfahren erstellt werden. Biomarkermuster bilden charakteristische Konstellationen von Pflanzeninhaltsstoffen je nach Belastungssituation ab. Die Muster werden anschließend in Beziehung zu den jeweiligen Stressbedingungen gestellt (TAUSZ et al. 2002, KÄTZEL 2003). Mit Hilfe einer hierarchischen Clusteranalyse (Ward-Methode) wurde geprüft, welche spezifischen biochemischen Muster sich bei jeder Einzelpflanze in Abhängigkeit des Bodenrestwassergehaltes einstellen.

Aus dem Spektrum der untersuchten Biomarker wurden für die Clusteranalyse folgende Parameter ausgewählt:

- Blatt-Wassergehalt [%] zur Charakterisierung des Wasserhaushaltes der Bäume,
- lösliche Kohlenhydrate [mg/g TM], Stärke [mg/g TM] als Biomarker des Primärstoffwechsels,
- Gesamtgehalt an löslichen Aminosäuren [$\mu\text{mol/g TM}$],
- Prolin (in % der Aminosäuren) als weiteren Parameter zur Charakterisierung des Wasserhaushaltes.

Bäume, die dem Cluster 1 (grüne Einfärbung in den Tabellen 1-3) zugeordnet wurden, zeigten eine hohe Vitalität mit hohen Wasser- und Stärkegehalten, während die Gehalte an löslichen Kohlen- und Aminosäuregehalten gering ausfielen. Die intermediären Clustergruppe 2 (gelbe Einfärbung), die eine mittlere Stressbelastung darstellt, fasst Bäume zusammen, die noch immer hohe Blattwassergehalte haben, deren Kohlenhydrate aber bereits auf Kosten der Stärkegehalte angestiegen sind. Die Gehalte an freien Aminosäuren und Prolin waren geringfügig erhöht. Dagegen befanden sich Bäume der Clustergruppe 3 (rote Einfärbung) in einem akuten Stresszustand. Die Gehalte an freien Aminosäuren und Prolin waren hier sehr hoch, während der Blattwassergehalt stark vermindert war. Die Stärkegehalte waren aufgebraucht.

Der Klon 77000 (*Tilia x europaea* 'Konning's') überstand die dreiwöchige Trockenstressbelastung bis zu einem Restbodenwassergehalt von <24 % vergleichsweise gut. Nur ein Baum wird am Ende der Trockenstressphase dem Stresscluster 3 zugeordnet. Bei mittlerem Wassermangel befand sich jeweils die Hälfte der Bäume in den Gruppen 1 und 2 (Tabelle 2).

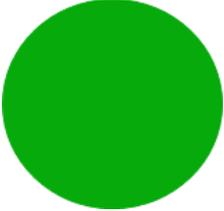
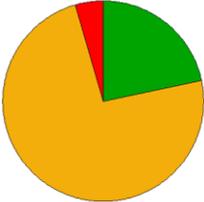
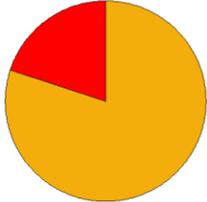
Tabelle 2: Zuordnung der Bäume des Linden-Klons 77000 in die drei ermittelten Cluster in Abhängigkeit vom relativen Boden-Restwassergehalt (Rest-WG %).

Rest-WG [%]	100	99 – 24	< 24
	n = 51 x Cluster 1	n = 10 x Cluster 1 n = 10 x Cluster 2	n = 2 x Cluster 1 n = 10 x Cluster 2 n = 1 x Cluster 3

Bei der Kaukasischen Linde (Klon 36.3) wirkte sich die Stressbelastung geringfügig stärker aus. Aufgrund des etwas höheren Transpirationsverlustes betrug der Bodenrestwassergehalt am Ende des Versuches noch <18 %. Die überlebenden Bäume wurden dem biochemischen Muster 2 und 3 zugeordnet. Keine Einzelpflanze wurde

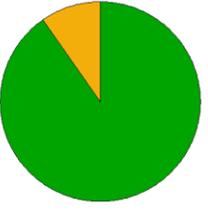
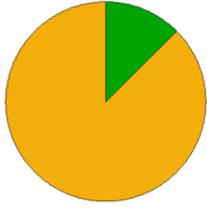
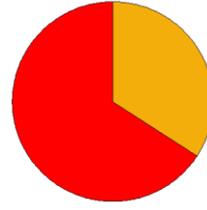
dem Cluster 1 zugeordnet. Aber auch bei einer mittleren Belastung entsprachen die meisten Bäume dem Cluster 2 (1x Cluster 3). Nur 1/5 der Pflanzen befanden sich noch in dem stressfreien Cluster 1 (Tabelle 3).

Tabelle 3: Zuordnung der Bäume des Linden-Klons 36.3 in die drei ermittelten Cluster in Abhängigkeit vom relativen Boden-Restwassergehalt (Rest-WG %).

Rest-WG [%]	100	99 – 18	< 18
			
			
	n = 44 x Cluster 1	n = 5 x Cluster 1 n = 17 x Cluster 2 n = 1 x Cluster 3	n = 4 x Cluster 2 n = 1 x Cluster 3

Noch deutlich stresssensitiver verhielten sich die Winter-Linden (*Tilia cordata* 'Wega' Klon 67.3), wo sich bereits bei mittlerer Stressbelastung fast alle Bäume im Stress-Cluster 2 befanden. Bei einem Restwassergehalt von <23 % wurden 2/3 der Linden dem Stresscluster 3 zugeordnet (Tabelle 4).

Tabelle 4: Zuordnung der Bäume des Linden-Klons 67.3 in die drei ermittelten Cluster in Abhängigkeit vom Boden-Restwassergehalt.

Rest-WG [%]	100	99 – 23	< 23
			
			
	n = 55 x Cluster 1 n = 6 x Cluster 2	n = 1 x Cluster 1 n = 7 x Cluster 2	n = 12 x Cluster 2 n = 23 x Cluster 3

4 Bonituren der Sproß-Wurzel-Verhältnisse

Am Ende der Vegetationsperiode wurden im Zuge des Umtopfens von allen Pflanzen die Sproß- und Wurzellängen gemessen. Unabhängig von der untersuchten Baumart waren die Sproßlängen bei allen bewässerten Pflanzen meist mehr als doppelt so lang, wie bei der Trockenstressvariante. Am geringsten fielen die Zuwachsdefizite bei den mittelgroßen Pflanzen des Winterlinden-Klones 67.3 aus.

Aufgrund der sehr ähnlichen Wurzellängen verhielten sich die Sproß-Wurzel-Verhältnisse ähnlich wie die Sproßlängen und waren unter Wassermangelbedingungen hochsignifikant vermindert. Auffällig geringere Quotienten traten bei den *Tilia*-Klonen 67.3m und 120 auf (Abb. 6a).

Um die Vergleichbarkeit zwischen den verschiedenen Klonen zu erleichtern, wurden die prozentuale Verminderung des Sproß-Wurzel-Verhältnisse berechnet, wobei die Sproß-Wurzel-Verhältnisse der Kontrolle gleich 100 % gesetzt wurden. Dabei zeigte sich, dass prozentuale Verminderung dieses Quotienten bei den *Tilia*-Klonen 120, 36.3k und 35.3m am stärksten ausfielen, d. h. das Wurzelwachstum gegenüber dem Sproßwachstum unter Trockenstress besonders stark aktiviert wurde. Die geringsten relativen Spross-Wurzel-Veränderungen waren bei den großen Pflanzen des Winterlinden-Klones 67.3 und bei dem Klon 77.000 zu beobachten (Abb. 6b).

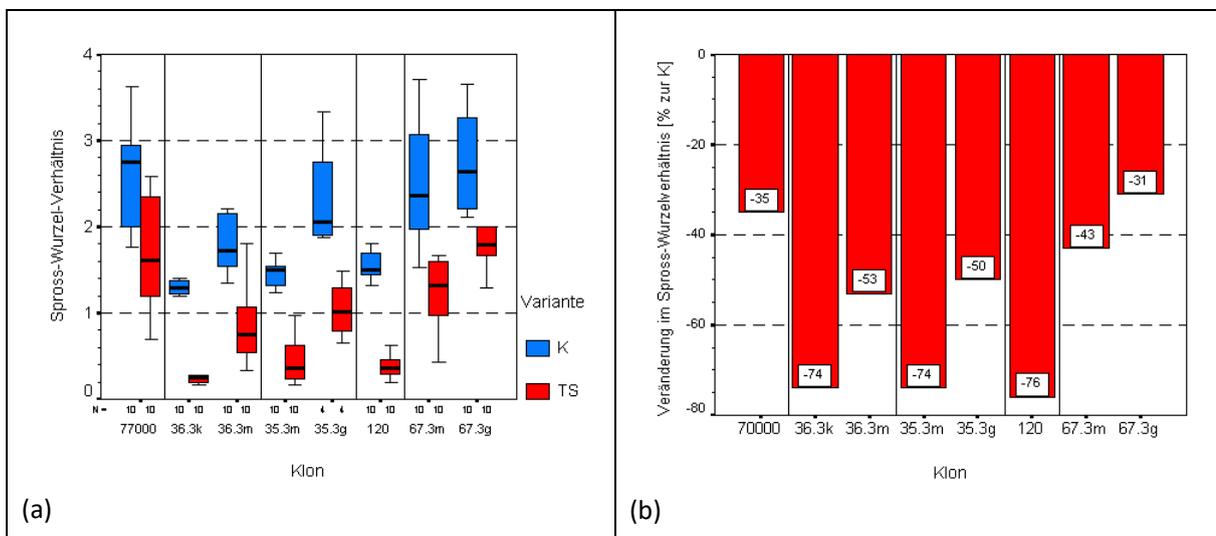


Abb. 6: Spross- und Wurzellängen sowie deren absoluten und prozentualen Verhältnisse aller Klone im Versuchsjahr 2019 differenziert nach Stressvarianten: (a) Spross-Wurzel-Verhältnisse; (b) Prozentuale Veränderung der Spross-Wurzel-Verhältnisse im Vergleich zur Kontrolle.

5 Blattaustrieb nach Trockenstress

Im Frühjahr 2020 nach dem letzten sommerlichen Trockenstressversuch (2019) wurde der Wiederaustrieb der Pflanzen in drei Stufen (vital, reduzierter Austrieb, kein Austrieb = abgestorbene Pflanze) bonitiert. Den intensivsten Wiederaustrieb zeigten die Pflanzen der Holländischen Linde (*Tilia x europaea* 'Konings', Klon 77000), gefolgt von den Klonen 36.3 und 35.5 der Kaukasischen Linde (*T. dasystyla*). Der Winterlinden-Klon 67.3 (*T. cordata* 'Wega') hatte den geringsten Anteil vitaler Bäume und den höchsten Anteil von Bäumen mit mittlerer Vitalität. Von dem Klon 120 „Heiligendamm“ der Winter-Linde trieben mehr als die Hälfte der Bäume im Frühjahr nicht mehr aus (Abb. 7).

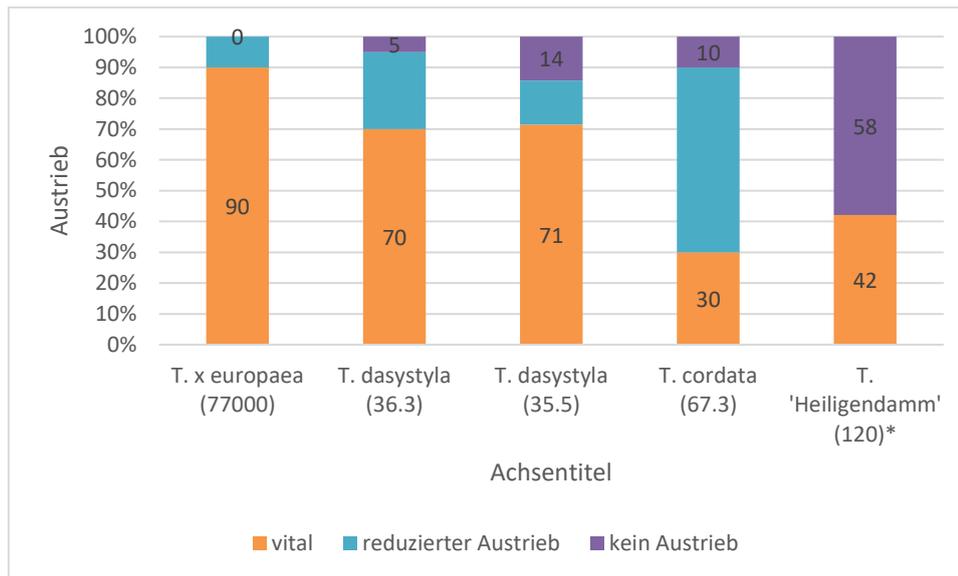


Abb. 7: Ergebnisse der Austriebsbonitur im Frühjahr 2020 nach dem Trockenstress 2019 differenziert nach Arten/Klonen in drei Vitalitätsstufen.

6 Differenzielle Genexpression (Genotypisierung)

6.1 Methoden

Das Blattmaterial aus den oben beschriebenen Trockenstressversuchen wurde ebenfalls in flüssigem Stickstoff eingefroren und mit einer Zelmühle pulverisiert. Die Extraktion der Gesamt-RNA erfolgte mit dem InviTrap Spin Plant RNA Mini Kit (Stratec Molecular) nach Herstellerangaben. Die Integrität der RNA wurde mittels Gelelektrophorese überprüft.

Die Proben der bewässerten Kontrollpflanzen am Zeitpunkt 1 (13 Tage nach Versuchsstart) wurden zur Sequenzierung der Transkripte in volle Länge verwendet. Nach dem Trimmen der Adaptersequenzen und Filterung von Low-Quality-Reads wurden die Sequenzen zu Contigs zusammengefasst. Da ein Referenzgenom der Linde zum Zeitpunkt der Analyse nicht publiziert war, erfolgte die Identifizierung der Contigs mit dem Abgleich (BLAST) auf Genome anderer Arten innerhalb der Malvengewächse (z.B. *Theobroma cacao*, *Gossypium raimondii*, *Tilia paucicostata*, *Chorchorus olitorius*, etc.).

Zur Quantifizierung der Transkripte aller Proben wurde eine günstigere MACE-Sequenziermethode (Massive analysis of cDNA ends) gewählt, wobei nur das 3'-Ende (ca. 50-500 nt) einer mRNA sequenziert wird. Die Identifizierung der Sequenzen erfolgte mit dem Abgleich der RNA-seq-Contigs. Davon wurden Gene als differenziell exprimiert betrachtet, die nach der Trockenstressbehandlung eine mindestens zweifache Änderung der Expression zeigten und zusätzlich mehr als 100 Reads unter den jeweiligen Konditionen aufwiesen (,Kontrolle' bei hochregulierten Genen und ,Stress' bei runterregulierten Genen).

6.2 Ergebnisse

Insgesamt wurden 21.909 Gene in allen drei *Tilia*-Linien und Konditionen identifiziert. Die sensitive *Tilia*-Linie 67.3 zeigte im Vergleich zu den Linien 77.000 und 36.3 im Stressverlauf eine starke transkriptionelle Änderung. Zum einen war die Anzahl der differenziell exprimierten Gene stark erhöht (1.284 im Vergleich zu 135 bzw. 109). Zum anderen war das Ausmaß der Expressionsänderung bei der Linie 67.3 deutlich ausgeprägter als bei den beiden anderen Linien (Abb. 8).

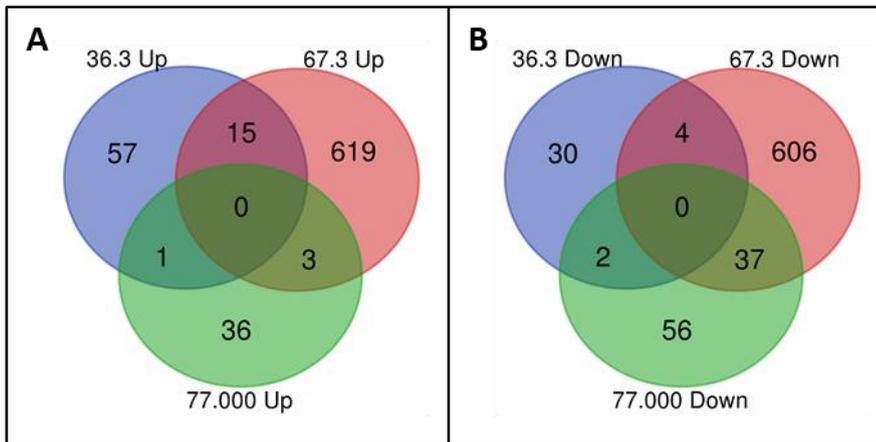


Abb. 8: Anzahl der differentiell exprimierten Gene in Linden bei Trockenstress im Vergleich zur unbehandelten Kontrolle. A) Hochregulierte Gene und B) runterregulierte Gene. Die Probenahme erfolgte 13 Tage nach der letzten Bewässerung. Insgesamt wurden 21.909 Gene in allen drei *Tilia*-Linien und Konditionen identifiziert. Die Betrachtung als differentiell exprimiert setzt eine mindestens zweifache Änderung der Genexpression im Vergleich zur bewässerten Kontrolle und eine minimale Anzahl von 100 Reads in den jeweiligen Konditionen voraus. 36.3 (Blau): *Tilia dasystyla*, 67.3 (Rot): *Tilia cordata* 'Wega', 77.000 (Grün): *Tilia x europaea* 'Konnings'.

Die Trockenstressantwort der Linie 67.3 zeichnete sich u.a. durch eine Deregulierung der in der Energiegewinnung und Stoffwechsel beteiligten Gene (z.B. RuBisCO, Chlorophyll-bindende Proteine) aus. Gleichzeitig wurden Gene hochreguliert, die am Abbau von Proteinen beteiligt sind (z.B. Cysteine-Proteinasen). Der Wassermangel induziert die Produktion des Pflanzenhormons Abscisinsäure (ABA). Dies spiegelt sich in der Hochregulierung der bei ABA-Produktion und Signalweiterleitung-beteiligten Gene (z.B. *Carotenoid cleavage dioxygenase*) wider. Jedoch findet bei geschlossenen Stomata kein Gasaustausch statt, was zu einer Anreicherung von reaktiven Sauerstoffverbindungen (z.B. H₂O₂) in der Zelle führt. Zum Schutz vor den oxidativen Schäden werden Antioxidantien produziert (z.B. Ferretin, *Phosphoenolpyruvat carboxykinase*, *Catalase*).

Ein wichtiger Teil der Stressantwort ist die Koordination der Genexpression der Trockenstress-relevanten Gene. Dieses komplexe Netzwerk wird unter anderem durch Transkriptionsfaktoren dirigiert, die direkt an die DNA binden und die Expression vieler verschiedener Gene steuern. Die stark erhöhte Expression des Transkriptionsfaktors Homeobox 7 lässt seine Funktion in der Koordination der Trockenstressinduzierten Genregulation vermuten.

Im Gegensatz zur Linie 67.3 induziert der Wassermangel in toleranter Linie 77.000 nur eine milde Änderung der Expression der Energiegewinnung- und Stoffwechsel-Gene.

In der physiologisch intermediären Linie 36.3 wurden Gene der Energiegewinnung (Chlorophyll-bindende Proteine) hochreguliert (Abb. 9, Tabelle 5).

Tabelle 5: Anzahl der Gene je Klon die bei starkem Wassermangel hoch- bzw. runterreguliert werden

Klon	Anzahl der Gene	
	hochreguliert	runterreguliert
67.3 (<i>Tilia cordata</i> 'Wega')	637	647
77000 (<i>Tilia x europaea</i> 'Konnings')	40	95
36.3 (<i>Tilia dasystyla</i>)	73	36
gesamt		21.909

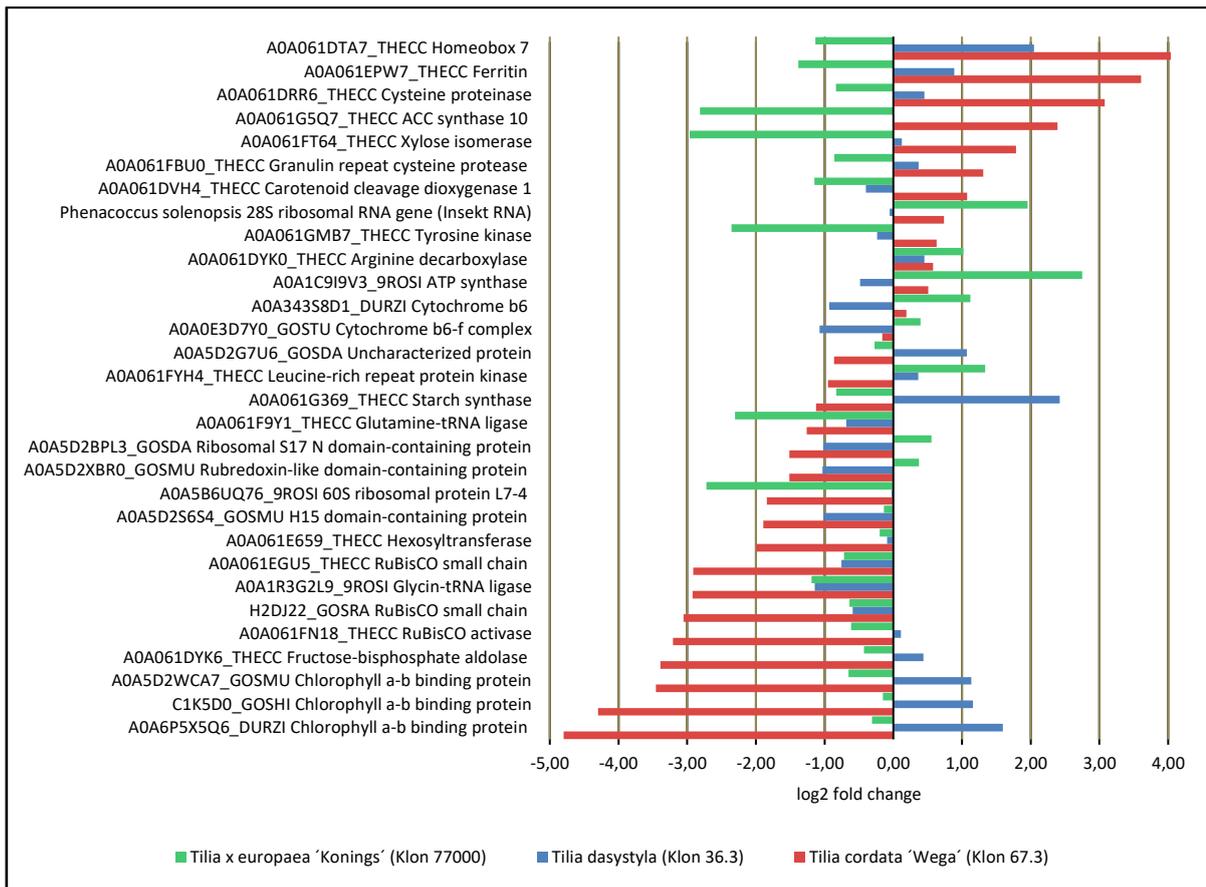


Abb. 9: Expressionsänderung der differentiell exprimierten Gene in Linden bei Trockenstress im Vergleich zur unbehandelten Kontrolle. Die Probenahme erfolgte 13 Tage nach der letzten Bewässerung. Exemplarisch wurden die fünf am stärksten hoch- oder runterregulierten Gene aus jedem Genotyp dargestellt. Die Lindenklone reagieren mit deutlichen unterschieden auf den Trockenstress. Die Linie 67.3 reduziert sehr stark die Expression der Energiegewinnung (z.B. Chlorophyll bindende Proteine, RubisCo) im Gegensatz dazu reagiert die Linie 36.3 mit einer teilweisen Erhöhung der Energiegewinnung.

7 Diskussion

Ziel der Trockenstressversuche war es, art- und klonspezifische Unterschiede der Stressanpassung der *Tilia*-Klone sowohl auf metabolischer und phenologischer als auch auf genetischer Ebene zu identifizieren. Die Verknüpfung stressphysiologischer Reaktionen auf metabolischer Ebene mit Transkriptionsanalysen ermöglicht eine Unterscheidung zwischen modifikativen, modulativen und genetisch determinierten (evolutiven) Wegen der Stressanpassung (WHITEHEAD 2012).

Stressphysiologisch folgen alle Lindenklone bei zunehmendem Wassermangel einer deutlichen Stresskaskade (KÄTZEL und LÖFFLER 2014). Die ersten Konzentrationsänderungen der untersuchten Blattinhaltsstoffe waren erst am Ende der zweiten Trockenstresswoche zu beobachten, die mit der Anreicherung der löslichen Kohlenhydrate begann. Für die Osmoregulation der Pflanzenzelle übernehmen Saccharide, anorganische Ionen (z. B. Kalium) und organische Säuren eine wichtige Funktion. Eine Spaltung von Saccharose in Fruktose und Glukose führt bei geringem physiologischen Aufwand zu einer Verdopplung des osmotischen Druckes in der Pflanzenzelle (SCHUBERT 1991; BARTELS und SUNKAR 2005).

Deutlichere Unterschiede zwischen den Klonen zeigten sich nach der zweiten Woche in den hohen Gehalten an löslichen Aminosäuren, insbesondere Prolin und dem Abbau der Stärke im Vergleich zu den bewässerten Kontrollpflanzen der Winter-Linden (Klon 67.3). Bei dem toleranteren Klon 77000 nahm der Prolingehalt erst

nach der dritten Woche deutlich zu. Das osmotisch wirksame Prolin leitet die Stabilisierungsphase ein (TESCHE 1987). Bei schweren Schäden werden Proteine abgebaut und der Gehalt an löslichen Aminosäuren steigt an, ohne dass dies auf eine zusätzliche N-Assimilation zurückgeführt werden kann. Dies wurde jedoch nur bei dem sensitiven Klon 67.3 beobachtet. Hier nahm auch der Blattwassergehalt zum Versuchsende ab. Wie sich bei der Transkriptionsanalyse zeigte, wird bei diesem Klon die Cystein-Protease überexprimiert, die an dem Abbau der Proteine bei gleichzeitiger Zunahme der freien Aminosäuren beteiligt sein könnte.

Obwohl versucht wurde, die Versuchsbedingungen weitgehend konstant zu halten und über die Größensortierung nur Bäume mit gleichem Habitus zu vergleichen, so bestanden dennoch individuelle Unterschiede zwischen Einzelpflanzen der *in vitro* angezogenen Klone. Dies zeigt sich insbesondere beim Vergleich der Biomarkermuster (Clusterzuordnung der Einzelbäume) innerhalb einer *Tilia*-Linie.

Zusammenfassend ergab sich als Ergebnis der Phenotypisierung ein deutliches Ranking der Trockenstresstoleranz zwischen den untersuchten Linden-Klonen. Danach zeigte der *Tilia*-Hybrid-Klon 77000, entstanden aus Winter- und Sommer-Linde, - die Holländische Linde (*T. × europeae*) - die höchste Trockenstresstoleranz, was sich sowohl in den Stresskaskaden, den Biomarkermustern und dem Austriebserfolg im folgenden Frühjahr bestätigte.

Bezüglich dieser Kriterien nahmen die beiden Klone der Kaukasischen Linde (*T. dasystyla*) eine mittlere Rangposition ein. Dagegen erwiesen sich die Pflanzen des Klons 67.3 der Winter-Linde (*T. cordata* 'Wega') deutlich trockenheitssensitiver.

Die Charakteristik der physiologischen Stressantwort der Lindenklone konnte durch die Transkriptomanalyse bestätigt werden. An der polygenetischen Trockenstressreaktion sind eine Vielzahl von Genen beteiligt, von denen einige identifiziert werden konnten. Im Genexpressionsprogramm unterschieden sich die beiden sensitiveren Klone (36.3 und 67.3) deutlich von dem toleranteren Klon 77000. Besonders auffällig ist z.B. die Überexpression der *Homeobox 7- Gene* bei den sensitiven Klonen, insbesondere bei der Winter-Linde (Klon 67.3). Die Funktion der sogenannten Hox-Gene steuern als Transkriptionsfaktoren die Regulation anderer Gene. Bei *Arabidopsis thaliana* wird z.B. das Homeobox-Gen ATHB-7 bei Wassermangel (und) durch Abscisinsäure (ABA) aktiviert. Das Phytohormon ABA übernimmt eine zentrale Rolle bei der Trockenstressanpassung, insbesondere beim Schließen der Stomata. Charakteristischer Bestandteil eines Hox-Gens ist die Homeobox, eine relativ kurze (180 bp) konservierte DNA-Sequenz, die eine DNA-bindende Homeodomäne (von ca. 60 AS Länge) codiert (SÖDERMAN et al. 1996).

Gegensätzliche Reaktionen zwischen toleranten und sensitiven Lindenklonen bestehen auch bezüglich der *Carotenoid cleavage-Dioxygenase 1* (CCD1), die bei den sensitiven Klonen ebenfalls stark überexprimiert wird. Die CCD1 schneidet C₄₀-Carotinoide in verschiedene Apocarotinoide. Bekanntlich gehören viele Carotinoide zu den Tetraterpenen, sind aus Isopreneinheiten (C₅H₈) aufgebaut und dienen der Energieübertragung bei der Photosynthese und schützen gleichzeitig die Zellen vor fotooxidativem Stress. Aus der Spaltung des Tetraterpengerüsts entsteht als Sesquiterpenverbindung die Abscisinsäure (ABA), dessen Bedeutung für die Trockenstressregulation bereits herausgestellt wurde (FLOSS und WALTER 2009, ZHOU et al. 2019, MENG et al. 2020)

Unterschiedliche Expressionsintensitäten zwischen den Klonen zeigten sich auch bezüglich des *Cytochrome b6-Komplex*, der bei den beiden Klonen 77000 und 67.3 zunahm und bei der Kaukasischen -Linde (36.3) abfiel. Der Cytochrome b6-Komplex reguliert die Kapazität des Elektronentransports im lichtgetriebenen Prozess der Fotosynthese, bei dem u.a. ATP und NADPH entstehen. Allerdings müssen die Synthesemengen an den Verbrauch des Calvin-Zyklus angepasst sein, um die Bildung von reaktiven Sauerstoffspezies (ROS) zu vermeiden. Unter Trockenstress sinkt die Aktivität des Calvin-Zyklus und somit auch der Bedarf an ATP und NADPH. Um Zellschäden zu vermeiden, muss der fotosynthetische Elektronentransport reduziert werden. Für diese Regulation sind sowohl der Cytochrom b6f Komplex als auch die ATP-Synthase verantwortlich (SCHÖTTLER et al. 2015).

Der tolerante Klon 77000 aktiviert auch die *ATP-Synthase* als Transmembranprotein. Der ATP-Synthase-Enzymkomplex der Thylakoid-Membran der Chloroplasten und der inneren Mitochondrienmembran fungiert ununterbrochen als Energieüberträger, um im Rahmen der oxidativen Phosphorylierung aus ADP und anorganischen Phosphat ATP zu synthetisieren.

Besondere physiologische Bedeutung hat jedoch die starke Herabregulation der *RuBisCO 3 Gene* und der *Chlorophyll a-b Bindungsproteine* (LHCB) insbesondere bei dem sensitiven Klon der Winter-Linde 67.3. Neben den Chlorophyllen a und b ist das Bindungsprotein Teil des *Light-Harvesting Complex* (LHC) und das wahrscheinlich häufigste Membranprotein in der Natur. LHCBs hat eine wichtige Funktion bei der Signalgebung der Wächterzellen als Reaktion auf ABA. Bei *Arabidopsis thaliana* mindert die Herunterregulierung die Reaktionsfähigkeit der stomatären Bewegung auf ABA. Dagegen erhöht die Überexpression von LHCB, wie bei der Kaukasischen Linde, die stomatäre Empfindlichkeit gegenüber ABA (Xu et al. 2012, Liu et al. 2013).

In der Kombination zwischen den Biomarkermustern und den Transkriptomuntersuchungen wurden erste Anhaltspunkte für die differenzierte, klonabhängige Trockenstressreaktionen der drei Lindenlinien gewonnen. Die Ergebnisse belegen, dass es sich um genetisch determinierte und somit vererbare Anpassungsstrategien handelt. Neben der wissenschaftlichen Bedeutung dieser Zusammenhänge, ist diese Information auch für die Baumschulbranche wichtig. Somit ist eine zusätzliche Sicherheit gegeben, tatsächlich Klone mit höheren Trockenstresstoleranz anzubieten.

Das kombinierte Methodenportfolio dieser Modelluntersuchungen bietet eine gute Grundlage für die Suche nach weiteren Straßenbäumen mit einem höheren Anpassungspotenzial gegenüber osmotischem Stress.

Danksagung

Die vorgestellten Ergebnisse sind Teil des abgeschlossenen Forschungsprojektes „Trees4Streets“ (2016-2022) der Europäischen Innovationspartnerschaft (EIP-agri), das vom Land Brandenburg anteilig finanziert wurde (FKZ 204015000001/80166448). Neben den Geldgebern danken wir der Arbeitsgruppe von Dr. MATTHIAS ZANDER für die initiale Auswahl der Klone und Frau ANTJE SCHÜTTIG (beide HU Berlin) für die *in-intro*-Anzucht, Etablierung und Bereitstellung der Pflanzen.

Referenzen

- BARTELS D, SUNKAR R (2005): Drought and Salt Tolerance in Plants. *Critical Reviews in Plant Sciences* 24 (Februar): 23–58. <https://doi.org/10.1080/07352680590910410>.
- Die Bundesregierung. (2008): Deutsche Anpassungsstrategie an den Klimawandel, Dezember. https://www.bmu.de/fileadmin/bmu-import/files/pdfs/allgemein/application/pdf/das_gesamt_bf.pdf.
- FLOSS DS, WALTER MH (2009): Role of carotenoid cleavage dioxygenase 1 (CCD1) in apocarotenoid biogenesis revisited. *Plant Signaling & Behavior* 4 (3): 172–75.
- KÄTZEL R (2003): Biomarker als Indikatoren zur Bewertung des Vitalitätszustandes der Gemeinen Kiefer (*Pinus sylvestris* L.) im nordostdeutschen Tiefland. Habilitationsschrift an der Fakultät für Forst-, Geo- und Hydrowissenschaften der Technischen Universität Dresden.
- KÄTZEL R, LÖFFLER S (2014): Physiologische Indikatoren zur Bewertung von Trockenstress bei Bäumen. In *Wasserhaushalt und Pflanzen - Historische Gärten im Klimawandel – Empfehlungen zur Bewahrung*, 152–57. Generaldirektion der Stiftung Preußische Schlösser und Gärten Berlin-Brandenburg (Hrsg.).
- LEHMPHUL K (2015): Monitoringbericht 2015. Umweltbundesamt. <https://www.umweltbundesamt.de/publikationen/monitoringbericht-2015>.
- LIU R, XU Y-H, JIANG S-C, LU K, LU Y-F, FENG X-J, WU Z et al. (2013): Light-Harvesting Chlorophyll a/b-Binding Proteins, Positively Involved in Abscisic Acid Signalling, Require a Transcription Repressor, WRKY40, to Balance Their Function. *Journal of Experimental Botany* 64 (18): 5443–56. <https://doi.org/10.1093/jxb/ert307>.

- MENG N, WEI Y, GAO Y, YU K, CHENG J, LI X-Y, DUAN C-Q, PAN Q-H (2020): Characterization of Transcriptional Expression and Regulation of Carotenoid Cleavage Dioxygenase 4b in Grapes. *Frontiers in Plant Science* 11. <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2020.00483>.
- ROLOFF A, KNEISEL B (2008): Waldbaumarten und ihre Verwendung im Klimawandel. *Archiv für Forstwirtschaft und Landschaftsökologie* 42 (Januar): 97–109.
- SCHÖNFELD P (2006): Die Winterlinde und ihre Sorten als Stadtbaum. 2006. https://www.lwf.bayern.de/service/publikationen/lwf_wissen/138296/index.php.
- SCHÖTTLER MA, TÓTH SZ, BOULOUIS A, KAHLAU S (2015): Photosynthetic complex stoichiometry dynamics in higher plants: biogenesis, function, and turnover of ATP synthase and the cytochrome b6f complex. *Journal of Experimental Botany* 66 (9): 2373–2400. <https://doi.org/10.1093/jxb/eru495>.
- SCHUBERT R (1991): Bioindikation in terrestrischen Ökosystemen. G. Fischer Verlag Jena.
- SÖDERMAN E, MATSSON J, ENGSTRÖM P (1996): The Arabidopsis Homeobox Gene ATHB-7 Is Induced by Water Deficit and by Abscisic Acid. *The Plant Journal* 10 (2): 375–81. <https://doi.org/10.1046/j.1365-313X.1996.10020375.x>.
- TAUSZ M, WONISCH A, RIBARIC-LASNIK C, BATIC F, GRILLE D (2002): Multivariate Analyses of Tree Physiological Attributes - Applications in Field Studies. *Phyton* 42 (3): 215–21.
- TESCHE M (1987): Prolin in Bäumen Teil 1. Prolin in Gesunden Bäumen. *Flora* 179 (5): 335–43. [https://doi.org/10.1016/S0367-2530\(17\)30265-7](https://doi.org/10.1016/S0367-2530(17)30265-7).
- WHITEHEAD A (2012): Comparative genomics in ecological physiology: toward a more nuanced understanding of acclimation and adaptation. *The Journal of Experimental Biology* 215 (6): 884–91. <https://doi.org/10.1242/jeb.058735>.
- XU, Y-H, LIU R, YAN L, LIU Z-Q, JIANG S-C, SHEN Y-Y, WANG X-F, ZHANG D-P (2012): Light-harvesting chlorophyll a/b-binding proteins are required for stomatal response to abscisic acid in Arabidopsis. *Journal of Experimental Botany* 63 (3): 1095–1106. <https://doi.org/10.1093/jxb/err315>.
- ZHOU Q, LI Q, LI P, ZHANG S, LIU C, JIN J, CAO P, YANG Y (2019): Carotenoid Cleavage Dioxygenases: Identification, Expression, and Evolutionary Analysis of This Gene Family in Tobacco. *International Journal of Molecular Sciences* 20 (22): 5796. <https://doi.org/10.3390/ijms20225796>.

Autorin und Autoren

LINUS HOHENWARTER

RLP Agrosience GmbH, Breitenweg 71, 67435 Neustadt-Mußbach

Kontakt: linus.hohenwarter@agrosience.rlp.de

SONJA LÖFFLER, RALF KÄTZEL

Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde, Alfred-Möller-Str. 1, 16225 Eberswalde

Steigerung der Trockenstresstoleranz in Bäumen durch genetische Modifikationen

ALEXANDER FENDEL, MATTHIAS FLADUNG, TOBIAS BRÜGMANN

Der Klimawandel und die daraus resultierenden Veränderungen des weltweiten Klimas stellen insbesondere die gemäßigten Klimate der Erde vor eine große zukünftige Herausforderung. Im Speziellen werden Pflanzen, die durch ihre (größtenteils) sessile Lebensweise über ihren gesamten Lebenszeitraum an die Umwelt eines Ortes gebunden sind, mit in der jungen Vergangenheit ungewohnten klimatischen Bedingungen konfrontiert. Nach Hochrechnungen des Umweltbundesamtes umfassen diese auf Deutschland gesehen innerhalb des 21. Jahrhunderts besonders verstärkte Extremwetterereignisse und eine Abnahme der sommermonatlichen Wasserverfügbarkeit (UBA 2021). Infolgedessen entstehende Defizite bei der pflanzlichen Wasserversorgung können sich zu Trockenstress formieren, welcher sich durch reduzierte pflanzliche Lebens- und Wachstumsfunktionen abzeichnet. Neben sinkenden Erträgen in der deutschen Landwirtschaft, wie im Extremsommerjahr 2018, zeigen sich gleichgewichtige Auswirkungen bei Waldbäumen (BMEL 2019). Bereits 2021 wiesen im Mittel 79% der deutschen Waldbäume Kronenverlichtungen auf (BMEL 2022). Bei der Betrachtung einzelner Baumarten sind besonders Rotbuchen (*Fagus sylvatica*) zu 84% von Kronenverlichtungen betroffen. Dennoch sind Bäume nicht *per se* trockenstresssensitiv, sondern weltweit können sogar Anpassungen an (trockene) Extremstandorte beobachtet werden. Beispielhaft sind hierfür die Euphrat-Pappel (*Populus euphratica*) oder die Schirmakazie (*Acacia tortilis subsp. raddiana*) zu nennen.

Die Pflanzenzüchtung hat sich bereits in der Vergangenheit als effektives Mittel zur Anpassung an Umweltbedingungen bewiesen. Einjährige Pflanzen können in einem überschaubaren Zeitrahmen von fünf bis 15 Jahren über mehrere Zyklen gekreuzt bzw. rückgekreuzt werden, um so die Introgression von Genvarianten aus an Umweltbedingungen angepassten Wildtypen in bestehende Kultivare zu erreichen und deren Anpassungsfähigkeit zu steigern. Beispielhaft ist die Züchtung einer trockenstresstoleranteren deutschen Kulturgerste (SHRESTHA et al. 2022). In der Forstpflanzenzüchtung ist diese Art der gerichteten Introgression von Genen durch die lange Zeitspanne von Bäumen bis zur Fruktifikation erschwert. Vielmehr werden für die Bereitstellung von Klimawandel-angepasstem Forstvermehrungsgut überlegene Individuen phänotypisch selektiert und vermehrt. Für eine zielgenauere Auswahl von zum Beispiel an Trockenstress-angepasstem Vermehrungsgut kann auf molekulare Marker zurückgegriffen werden, die Einblicke in die genetische Ausstattung von Bäumen geben. Erkenntnisse der Pflanzenforschung zeigen, dass besonders das Zusammenspiel und die Expressionsmuster bestimmter Gen-Familien zu einer Trockenstresstoleranz beitragen (SHINOZAKI und YAMAGUCHI-SHINOZAKI 2007).

Damit Marker für bestimmte Eigenschaften erstellt werden können, sind Kenntnisse über die zugrundeliegenden Gene und deren Funktionen unabdingbar. In der reversen Genetik werden dafür neben klassischen biotechnologischen Methoden wie konstitutiven Überexpressionen auch neue biotechnologische Methoden angewandt, um phänotypische Merkmale mit dem bestimmenden Genotyp zu verknüpfen. Die Ergebnisse erlauben Rückschlüsse auf die Funktionen einzelner Gene bzw. Genvarianten. Mit Hilfe von Genomedierungen, wie beispielsweise durch CRISPR/Cas, können gezielt Gene einer Pflanze ausgeschaltet und daraus resultierende Veränderungen des Phänotyps ermittelt werden. Solche Erkenntnisse können zur Entschlüsselung pflanzlicher Trockenstresstoleranzen beitragen.

Um die genetischen Zusammenhänge bestimmter Merkmale in Bäumen untersuchen zu können, hat sich für biotechnologische Ansätze die Modell-Gattung *Populus* etabliert. Aspenhybriden wie die Graupappel (*Populus ×canescens*) sind aufgrund ihrer unkomplizierten *in vitro*-Kultivierung und genetischen Transformationen besonders gut geeignet. Sie dienen als Modellorganismus für die Erforschung der an Trockenstresstoleranz beteiligten Genorte im BMEL-geförderten Forschungsprojekt „TreeEdit“. Mittels gezielten CRISPR/Cas-vermittelten Knockouts sowie konstitutiven Überexpressionen anpassungsrelevanter Gene sollen die Gene identifiziert werden, die an einer Trockenstresstoleranz beteiligt sein können.

Die Trockenstresstoleranz in Pflanzen ist ein komplexes Merkmal, an dem viele Gene, insbesondere Transkriptionsfaktor-kodierende Gene, beteiligt sind (JOSHI et al. 2016). Die Auswahl der in der Graupappel zu modifizierenden Gene (Kandidatengene) erfolgte auf der Grundlage bereits publizierter Erkenntnisse aus der Forschung an einjährigen Pflanzen, wie der Acker-Schmalwand (*Arabidopsis thaliana*) oder Reis (*Oryza sativa*). In diesen Studien wurde der Einfluss bestimmter Gene auf die Trockenstresstoleranz nachgewiesen. Für das Projekt „TreeEdit“ wurden homologe Kandidatengene in der Graupappel identifiziert. Hierbei wird aufgrund der Sequenzhomologien zu den Genen der einjährigen Pflanzen eine vergleichbare Genfunktion mit einem Einfluss auf eine Trockenstresstoleranz angenommen.

Mögliche Veränderungen der Trockenstresstoleranz an modifizierten Pappeln werden unter kontrollierten Trockenstressexperimenten im Gewächshaus untersucht. Da Trockenstress in Pflanzen bereits vor sichtbaren Veränderungen am Phänotyp beginnen kann, werden für die Analysen neben klassischen nicht-invasiven Phänotypisierungsmethoden wie der Überprüfung des Wachstums (Höhen- und Dickenwachstum) auch zellinterne Parameter durch Messungen des Flavonol- und Chlorophyll-Gehalts in Blättern bestimmt. Darüber hinaus werden invasive Phänotypisierungsmethoden durchgeführt, durch die Trockenstress-korrelierende Zellinhaltsstoffe quantifiziert werden können, darunter die etablierten Biomarker Prolin, Malondialdehyd und Wasserstoffperoxid. In ihrer Gesamtheit erlauben genannte Parameter eine Aussage über den Stresszustand der Versuchsbäume. Jegliche Veränderungen können dann mit nicht-modifizierten Kontrollbäumen in Relation gesetzt und sich ergebende Unterschiede auf die modifizierten Gene und deren Funktion zurückgeführt werden.

Das Wissen zur genetischen Grundlage von Trockenstresstoleranzen soll in zukünftigen Arbeiten auf wichtige deutsche Baumarten wie die Rotbuche (*Fagus sylvatica*) übertragen werden. Mit Hilfe von Trockenstress-assoziierten molekularen Markern können Buchenpopulationen im gesamten natürlichen Verbreitungsgebiet der Buche untersucht und mögliche trockenstresstolerante Individuen identifiziert werden. Damit unterstützt das Forschungsvorhaben „TreeEdit“ die zukünftige Selektion trockenstresstoleranter Buchen.

Referenzen

- BMEL [Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft] (Hrsg.) (2019): Besondere Ernte- und Qualitätsermittlung (BEE) 2018. <https://www.bmel-statistik.de/fileadmin/daten/EQB-1002000-2018.pdf>
- BMEL [Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft] (Hrsg.) (2022): Ergebnisse der Waldzustandserhebung 2021. <https://www.bmel.de/SharedDocs/Downloads/DE/Broschueren/ergebnisse-waldzustandserhebung-2021.pdf>
- JOSHI R, WANI SH, SINGH B, BOHRA A, DAR ZA, LONE AA, PAREEK A, SINGLA-PAREEK AL (2016:) Transcription Factors and Plants Response to Drought Stress: Current Understanding and Future Directions. *Frontiers in plant science*, 7:1029. doi:10.3389/fpls.2016.01029
- SHINOZAKI K, YAMAGUCHI-SHINOZAKI K (2007) Gene networks involved in drought stress response and tolerance. *Journal of experimental botany* 58: 221-227. doi:10.1093/jxb/erl164
- SHRESTHA A, FENDEL A, NGUYEN TH, ADEBABAY A, KULLIK AS, BENNDORF J, LÉON J, NAZ AA (2022): Natural diversity uncovers P5CS1 regulation and its role in drought stress tolerance and yield sustainability in barley. *Plant, Cell & Environment* 45: 3523-3536. doi:10.1111/pce.14445
- UBA [Umweltbundesamt] (Hrsg.) (2021) Klimawirkungs- und Risikoanalyse 2021 für Deutschland Teilbericht 1: Grundlagen. https://www.umweltbundesamt.de/sites/default/files/medien/479/publikationen/kwra2021_teilbericht_1_grundlagen_bf_211027_0.pdf

Autoren

ALEXANDER FENDEL, MATTHIAS FLADUNG, TOBIAS BRÜGMANN
 Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf
 Kontakt: alexander.fendel@thuenen.de

Reaktion ausgewählter Vogel-Kirschen-Klone aus *In-vitro*-Vermehrung auf Trockenheit

HEINO WOLF, CHRISTIAN LANGE, BENJAMIN OTT

Zusammenfassung

Die Vogel-Kirsche (*Prunus avium* L.) besitzt auf Grund ihres schnellen Wachstums und ihres wertvollen Holzes eine gewisse waldbauliche Bedeutung. Auf Grund ihrer Wärme- und Trockenheitstoleranz wird die Vogel-Kirsche im Zuge des Klimawandels mit großer Wahrscheinlichkeit in Zukunft eine wichtigere Rolle einnehmen. Die Erfahrungen mit der Klonierung und Vermehrung von Vogel-Kirschen über *In-vitro*-Verfahren waren bisher überwiegend positiv. Dies war Anlass für das Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung 18 Jahre nach einer ersten Serie im Jahr 2000 eine weitere Serie mit *in-vitro*-vermehrten Nachkommen von Plusbäumen aus Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen und Thüringen aufzulegen. Die erzeugten Klone befinden sich inzwischen in den drei genannten Bundesländern auf Versuchsflächen in der Prüfung.

Für einen sicheren Anbau unter sich schnell ändernden Klimabedingungen ist neben der Prüfung auf Versuchsflächen auch die Einschätzung der Widerstandsfähigkeit gegenüber Trockenheit von wesentlicher Bedeutung. Untersuchungen zur Reaktion von Nachkommenschaften und Klonen der Gattung *Prunus* auf Trockenheit haben bisher nur vereinzelt stattgefunden.

Ziel der Untersuchungen ist eine erste Einschätzung der Reaktionsfähigkeit auf Wasserentzug und Wiederbewässerung innerhalb der und zwischen den 19 zur Verfügung stehenden Vogel-Kirschen-Klonen aus *In-vitro*-Vermehrung. Die Untersuchungen wurden als Gewächshaus-Experiment mit getopften Pflanzen durchgeführt und umfassten morphologische, physiologische und quantitative Methoden. Die vorläufigen Ergebnisse weisen auf eine große Variation sowohl in der Reaktion auf Trockenheit als auch in der Erholungsfähigkeit der Klone nach Wiederbewässerung hin.

Alle für das Trockenstress-Experiment verwendeten Klone befinden sich unter anderem auf zwei Versuchsflächen in Sachsen. Dadurch können Vergleiche zwischen den Ergebnissen des Trockenstress-Experimentes und den Ergebnissen der Feldversuche in Hinsicht auf die Überlebensrate und das bisherige Wachstum angestellt werden.

1 Einleitung

Die Vogel-Kirsche (*Prunus avium* L.) besitzt auf Grund ihres schnellen Wachstums und ihres wertvollen Holzes eine gewisse waldbauliche Bedeutung (WOLF et al. 2020). Auf Grund ihrer Wärme- und Trockenheitstoleranz (SCHMID 2006; COCHARD et al. 2008; CHOAT et al. 2012; BRAUN et al. 2019; ROLOFF 2021) wird die Vogel-Kirsche im Zuge des Klimawandels mit großer Wahrscheinlichkeit in Zukunft eine wichtigere Rolle einnehmen. Die Erfahrungen mit der Klonierung und Vermehrung von Vogel-Kirschen über *In-vitro*-Verfahren waren bisher überwiegend positiv (MEIER-DINKEL et al. 1997; GEBHARDT und BOHNENS 2002; KLEINSCHMIT et al. 2015). Aus diesen Gründen legte das Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung im Jahr 2000 eine Prüfungsserie mit 28 *in-vitro*-vermehrten Vogel-Kirschen-Klonen aus Sachsen und Niedersachsen an. Im Ergebnis dieser Serie konnten sieben Klone aus Sachsen und ein Klon aus Niedersachsen vorläufig als Ausgangsmaterial für die Erzeugung von Forstvermehrungsgut der Kategorie „Geprüft“ für 10 Jahre zugelassen werden. Um die Anzahl zugelassener Klone zu erhöhen, erfolgte in den Jahren 2018 und 2019 die Anlage einer weiteren Serie mit *in-vitro*-vermehrten Nachkommen von Plusbäumen aus Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen und Thüringen in diesen Ländern.

Die grundsätzliche Trockenhärte der Vogel-Kirsche im Vergleich zu anderen Baumarten wurde von BRAUN et al. (2019) auf Grundlage der Untersuchungen von COCHARD et al. (2008) sowie von SCHMID (2006) und ROLOFF (2021) anhand von Literaturstudien und eigenen Erfahrungen bzw. Erhebungen konstatiert. Untersuchungen zur Reaktion von Nachkommenschaften und Klonen der Gattung *Prunus* auf Trockenheit haben bisher nur vereinzelt stattgefunden. Das Material in den veröffentlichten Untersuchungen stammt zum einen aus dem Obstbau (RIEGER und DUEMMEL 1993; HAJAGOS und VÉGVÁRI 2013; JIMÉNEZ et al. 2013; BLAYA-ROS et al. 2021). Zum anderen stand die Reaktion von Vogel-Kirschen-Sämlingen nicht näher beschriebener Herkunft auf erhöhte CO₂-Werte und

Trockenheit im Mittelpunkt von Untersuchungen (CENTRITTO et al. 1999a, b). Auf diese Ergebnisse kann daher nur eingeschränkt vor allem unter methodischen Aspekten zurückgegriffen werden.

Ziel der Untersuchungen ist eine erste Begutachtung der Reaktionsfähigkeit auf Wasserentzug und Wiederbewässerung innerhalb der und zwischen den 19 zur Verfügung stehenden Vogel-Kirschen-Klonen aus *in-vitro*-Vermehrung. Die erzielten Ergebnisse können anschließend mit den Ergebnissen der Klonprüfversuche in Hinsicht auf die Überlebensrate und das bisherige Wachstum verglichen werden.

2 Material und Methoden

Für die Untersuchungen standen 19 Klone aus einer Serie von 48 Plusbäumen zur Verfügung, die durch die Firma Baumschulen Oberdorla GmbH (Thüringen) *in-vitro* vermehrt wurden. Es handelt sich um 3 Klone aus Mecklenburg-Vorpommern, 2 Klone aus Thüringen und 14 Klone aus Sachsen (Tabelle 1). Die Auswahl der Plusbäume erfolgte in erster Linie nach qualitativen und vitalitätsbezogenen, in zweiter Linie nach quantitativen Merkmalen (WOLF 2012; KAHLERT 2020, mündl. Mitt.; VOTH 2021, mündl. Mitt.).

Tabelle: 1: Zur Verfügung stehendes Versuchsmaterial.

Arbeits-Nr. Oberdorla	Land	Forstamt/-bezirk, Revier, Abt. (SN 2006)	Klonauswahl, -verwendung
MP06	MV	Lüttenhagen, Feldberger Hütte	
MP13	MV	Schönberg, Hohen Schönberg	Plusbaum, Plusbaum-Samenplantage Poggendorf
MP63	MV	Dargun, Finkenthal	
T55	TH	Bad Berka, Weimar, 1113 Ra1	Plusbaum, Plusbaum-Samenplantage Greifenstein
T94	TH	Ershausen, Greifenstein, 609 a2	T=Tieflagen (<400 m ü. NN) H=Hochlagen (>400 m ü. NN)
SF13	SN	Oberlausitz, Hagenwerder, 210 b0	
SF14	SN	Oberlausitz, Großschweidnitz, 249 c3	
SF19	SN	Oberlausitz, Großschweidnitz, 270 f2	
SF38	SN	Leipzig, Döbeln, 219 b1	
SF39	SN	Leipzig, Döbeln, 219 b1	
SF45	SN	Leipzig, Döbeln, 451 f0	
SF49	SN	Chemnitz, Rochlitz, 379 a4	Plusbaum (Auslese 1992 bis 2004), Plusbaumsamenplantage Graupa bzw. Klonsammlung Graupa
SF52	SN	Chemnitz, Glauchau, 395 h	
SF64	SN	Chemnitz, Flöha, 228 a ²	
SF66	SN	Chemnitz, Rochlitz, 534 e2	
SF80	SN	Dresden, Meißen, 152 d0	
SF87	SN	Neustadt, Neustadt, WT 27LP, 154 c4	
SF92	SN	Oberlausitz, Großschweidnitz, 144 o ³	
SF117	SN	Chemnitz, Rochlitz, 617 g1	

Nach erfolgter Meristem-Vermehrung *in-vitro*, Akklimatisierung und Anzucht in QuickPots 15 T/15 (Maße: 6,5 x 6,5 x 15 cm, Volumen: 380 ccm) waren die Pflanzen zum Zeitpunkt der Versuchsanlage zwei bzw. drei Jahre alt (Sortiment 1/1 bzw. 2/1). Da die Pflanzen mit Ballen, aber ohne Topf geliefert wurden, erfolgte am 11.06.2021 die Verpflanzung in 2 Liter-Töpfe mit einem Standardsubstrat.

Von allen Klonen standen mit Ausnahme des Klons SF13 (18 Pflanzen) mindestens 20 Pflanzen zur Verfügung. Die Versuchspflanzen des jeweiligen Klons wurden in eine Bewässerungsgruppe (12 Pflanzen pro Klon bzw. Klon

SF13= 10 Individuen) und eine Trockengruppe (8 Pflanzen) unterteilt. Anschließend erfolgte am 10.08.2021 die Positionierung der Töpfe auf Labortischen im Gewächshaus des FIB e.V. (Abb. 1).



Abb. 1: Physiologische Untersuchungen an getopften Vogel-Kirschen-Klonen im Gewächshaus des FIB e.V. am 31.08.21 (Foto: C. LANGE, FIB).

Am 25.08.2021 wurde die Bewässerung bis zu dem Zeitpunkt eingestellt, an dem alle Pflanzen der Trockenvariante vollständig verfärbt waren. Ab dem 06.09.2021 wurden die Töpfe wiederbewässert. Vor, während und nach dem Versuch fand an den Pflanzen beider Varianten eine Messung der Pflanzhöhe und des Wurzelhalsdurchmessers sowie des Bodenfeuchtegehaltes in den Versuchstöpfen an den jeweiligen Messterminen statt. Die durch den Trockenstress verursachten Veränderungen der Blätter wie Schiffchenbildung und Blattverfärbungen wurden mit jeweils fünfstufigen Bonituren (zum Beispiel: Note 1: Nicht verfärbt; Note 5: Vollständig verfärbt) erfasst sowie der entsprechende Blattmasseverlust bestimmt. Parallel wurden an fünf Messterminen sowohl Chlorophyll a – Fluoreszenzuntersuchungen mittels PEA-Fluorimeter (PEA = Plant Efficiency Analyser; Hansatech Ltd., King's Lynn, UK) zur Bestimmung der photosynthetischen Vitalität (PI_{ABS}) als auch Dualex[®] Scientific 4-Messungen zur zerstörungsfreien Bestimmung der Blattchlorophyllgehalte sowie von Flavonol- und Anthocyankonzentration im Blatt durchgeführt.

An den wiederausgetriebenen Blättern konnte ca. sechs Wochen nach der Wiederbewässerung ein Befall mit dem Echten Mehltau (*Erysiphe prunastri*) festgestellt werden (MATSCHULLA 2021, pers. Mitteilung). Dieser wurde mit einem sechsstufigen Boniturschema erfasst (Note 0: Kein sichtbarer Befall; Note 5: Sehr starker Befall [mehr als 66 % aller Blätter befallen]).

3 Vorläufige Ergebnisse und erste Einschätzung

Bereits eine Woche nach Aussetzen der Bewässerung zeigten sich bei den Merkmalen Schiffchenbildung und Blattverfärbung signifikante Unterschiede zwischen den untersuchten Klonen (Abb. 2a). Nach zwei Wochen Trockenheit waren alle Pflanzen der Trockenvariante in einem Ausmaß geschädigt, dass keine signifikanten Unterschiede mehr festgestellt werden konnten. Die photosynthetische Vitalität der untersuchten Klone, ausgedrückt durch den PI_{ABS} -Wert, unterschied sich ebenfalls zum Teil sehr deutlich. So reagierte zum Beispiel der Klon SF92 aus der Oberlausitz im Gegensatz zu den anderen Klonen zunächst mit einer Erhöhung der Vitalität, um dann auch bei zunehmender Trockenheit noch ein überdurchschnittliches physiologisches Niveau beizubehalten (Abb. 2b). Dementsprechend erholten sich die Pflanzen dieses Klons nach der Wiederbewässerung relativ schnell.

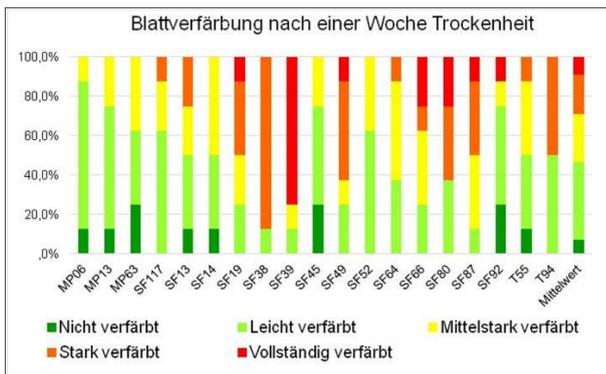


Abb. 2a: Anteil der Individuen mit unterschiedlicher Blattverfärbung nach einer Woche Trockenheit.

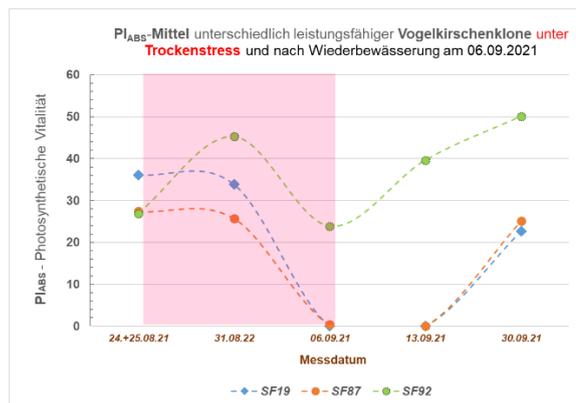


Abb. 2b: Verlauf der photosynthetischen Vitalität über den gesamten Versuchsablauf am Beispiel von drei ausgewählten Klonen.

Nach der Wiederbewässerung konnte bei einem Großteil der Pflanzen ein zum Teil deutlicher Wiederaustrieb von Blättern beobachtet werden. Ein überdurchschnittlicher Wiederaustrieb zeigte sich neben dem bereits erwähnten Klon SF92 bei den Klonen MP06, SF52 und SF64. Nennenswerte Anteile von 20 % und mehr an nicht wieder ausgetriebenen Pflanzen wiesen die Klone SF38, SF39 und SF80 auf (Abb. 3). Der Befall der wiederausgetriebenen Blätter mit Echten Mehltau war im Durchschnitt über alle Klone mit einer Boniturnote von 2,2 gering. Die Blätter einzelner Klone wie SF14, SF87 oder SF117 waren stark befallen, während die Blätter der Klone SF92, SF64 oder SF49 nur vereinzelt befallen waren.

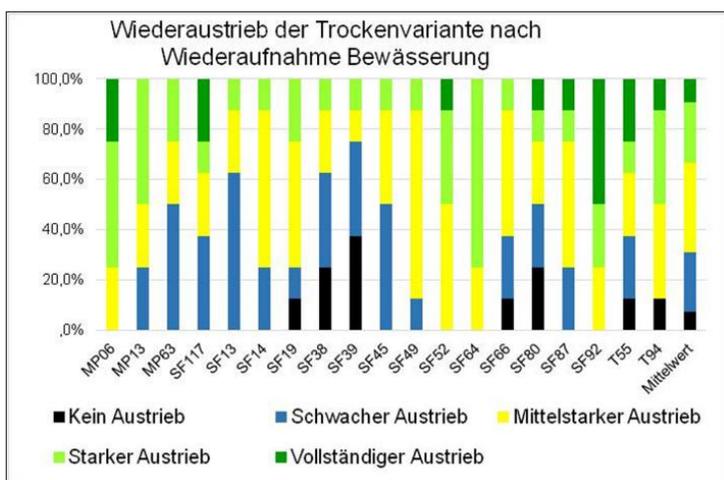


Abb. 3: Anteil der Individuen mit unterschiedlichem Wiederaustrieb nach Wiederaufnahme der Bewässerung.

Eine erste Gesamteinschätzung der untersuchten physiologischen und morphologischen Merkmale ergibt, dass die Vogel-Kirschen-Klone SF92, T55, SF52, MP13, SF14 und SF13 als relativ widerstandsfähig gegenüber Trockenheit angesprochen werden können (Tabelle 2).

Die Ergebnisse weisen zum einen auf eine sehr schnelle Reaktion der untersuchten Klone auf Trockenstress hin. Zum anderen scheinen einzelne Klone unter Berücksichtigung aller untersuchten Merkmale eine höhere Widerstandskraft gegenüber Trockenheit bei einer ausgeprägten Regenerationsfähigkeit zu besitzen. Ein Zusammenhang mit der geographischen Lage der Plusbäume scheint vordergründig nicht zu bestehen.

Entscheidend werden vermutlich die standörtlichen Verhältnisse am Herkunftsort der Plusbäume sein. Inwieweit sich diese vorläufigen Ergebnisse als belastbar erweisen, wird die abschließende Auswertung im Rahmen einer Bachelorarbeit ergeben.

Tabelle 2: Erste Einschätzung der untersuchten Klone anhand unterschiedlicher physiologischer und morphologischer Merkmale mittels Vergabe von Rangplätzen

	PIABS		CHL		ANTH		5BG	Höhe	WHD	TS-Schäd.	Befall MT	Gesamtrang
	alle	tro vs feu	alle	tro vs feu	alle	tro vs feu	tro vs feu	TroGr	TroGr	TroGr	TroGr	
MP06	2	13	15	17	18	14	6	12	5	3	4	8
MP13	8	6	8	6	14	7	1	14	2	2	10	4
MP63	19	2	7	4	2	6	4	19	19	17	14	11
SF13	15	4	14	10	7	11	2	7	3	17	13	6
SF14	4	16	1	3	3	9	11	6	10	8	19	5
SF19	7	18	12	5	9	4	9	18	9	16	5	9
SF38	11	19	6	15	11	13	17	15	16	14	11	18
SF39	17	9	9	13	12	19	18	17	8	19	5	17
SF45	13	3	13	1	17	5	5	16	18	13	9	11
SF49	14	7	11	11	16	16	14	2	12	11	3	13
SF52	9	5	5	7	6	3	3	7	13	3	8	3
SF64	6	12	4	16	5	12	19	9	14	7	1	7
SF66	1	17	2	14	4	8	10	13	15	12	16	9
SF80	18	8	16	8	15	10	12	4	7	15	12	14
SF87	16	11	19	19	19	17	7	10	17	10	18	19
SF92	3	1	10	2	10	1	8	11	1	1	1	1
SF117	10	15	17	12	13	15	16	3	11	3	17	16
T55	5	10	3	9	1	2	13	1	6	3	14	2
T94	12	14	18	18	8	18	15	5	4	9	7	15

PIABS = Photosynthetische Vitalität **CHL** = Chlorophyllgehalt **ANTH** = Anthocyankonzentration

alle = Einbeziehung der Testpflanzen der Trockengruppe (*TroGr*) und der Bewässerungsgruppe (*BewäGr*)

tro vs feu = Bezug des Mittelwertes der *TroGr* zum entsprechenden Mittelwert der *BewäGr*

TroGr = nur Testpflanzen der Trockengruppe miteinbezogen

Höhe = Bewertung des Höhenzuwachses (nur *TroGr*) im Zeitraum 24.08.-30.09.21

WHD = Bewertung des Wurzelhalsdurchmesserzuwachses (nur *TroGr*) im Zeitraum 24.08.-30.09.21

TS-Schäd. = Bewertung der infolge von Trockenheit auftretenden Blattschädigungen (nur *TroGr*), die zu geringen PIABS-Werten führten bzw. physiologische Messungen sogar unmöglich werden ließen

Befall MT = Bewertung der Befallsintensität mit Echtem Mehltau (*Erysiphe prunastri*) an neu gebildeten Blättern (nur *TroGr*)

Unabhängig davon befindet sich eine Reihe der im Gewächshaus-Experiment untersuchten Klone bereits auf Versuchsflächen im Wald. Es wird interessant sein zu sehen, wie sich die als besonders widerstandsfähig beschriebenen Klone, zum Beispiel SF92, unter den realen Bedingungen des jeweiligen Wuchsortes bewähren.

Referenzen

- BLAYA-ROS PJ, BLANCO V, TORRES-SÁNCHEZ R, DOMINGO R (2021): Drought-Adaptive Mechanisms of Young Sweet Cherry Trees in Response to Withholding and Resuming Irrigation Cycles. *Agronomy* 11: 1812, 18 S. <https://doi.org/10.3390/agronomy11091812>
- BRAUN S, HOPF SE, MAINIERO R (2019): Einfluss des Klimawandels auf Wasserbeziehungen verschiedener Waldbaumarten. Schlussbericht eines Projekts im Forschungsprogramm "Wald und Klimawandel" von BAFU und WSL. Witterswil, Institut für Angewandte Pflanzenbiologie AG. 37 S. (www.wsl.ch/wald_klima)
- CENTRITTO M, MAGNANI F, LEE HSJ, JARVIS PG (1999a): Interactive Effects of Elevated [CO₂] and Drought on Cherry (*Prunus avium*) Seedlings. I. Growth, Whole Plant Water Use Efficiency and Water Loss. *The New Phytologist* 141: 129-140.
- CENTRITTO M, MAGNANI F, LEE HSJ, JARVIS PG (1999b): Interactive Effects of Elevated [CO₂] and Drought on Cherry (*Prunus avium*) Seedlings. II. Photosynthetic Capacity and Water Relations. *The New Phytologist* 141: 141-153.
- CHOAT B, JANSEN S, BRODRIBB TJ, COCHARD H, DELZON S, BHASKAR R, BUCCI SJ, FEILD TS, GLEASON SM, HACKE UG, JACOBSEN AL, LENS F, MAHERALI H, MARTINEZ-VILALTA J, MAYR S, MENCUCCINI M, MITCHELL PJ, NARDINI A, PITTERMANN J, PRATT RB, SPERRY JS, WESTOBY M, WRIGHT IJ, ZANNE A. E. (2012): Global convergence in the vulnerability of forests to drought. *Nature* 491: 752-755.
- COCHARD H, BARIGAH ST, KLEINHENTZ M, ESHEL A (2008): Is xylem cavitation resistance a relevant criterion for screening drought resistance among *Prunus* species? *Journal of Plant Physiology* 165: 976-982.
- HAJAGOS A, VÉGVÁRI G (2013): Investigation of tissue structure and xylem anatomy of eight rootstocks of sweet cherry (*Prunus avium* L.). *Trees* 27: 53–60.
- GEBHARDT K, BOHNENS J (2002): Wuchseleistungen mikrovermehrter hessischer Wildkirschen-Selektionen. *Forst und Holz* 57: 582-584.
- JIMÉNEZ S, DRIDI J, GUTIÉRREZ D, MORET D, IRIGOYEN JJ, MORENO MA, GOGORCENA Y (2013): Physiological, biochemical and molecular responses in four *Prunus* rootstocks submitted to drought stress. *Tree Physiology* 33: 1061–1075.
- KAHLERT K (2020): Mündl. Mitteilung über Plusbäume der Samenplantage Greifenstein (Thüringen). Forstliches Forschungs- und Kompetenzzentrum Gotha, ThüringenForst AöR.
- KLEINSCHMIT J, MEIER-DINKEL A, JORBAHN M (2015): Entwicklung von Kulturen mit silva-SELECT-Vogel-Kirsche. *AFZ/Der Wald* 70: 44-46.
- MATSCHULLA F (2021): Befundmitteilung mit E-Mail vom 26.10.2021. Kompetenzzentrum für Wald und Forstwirtschaft im Staatsbetrieb Sachsenforst Pirna, Referat Waldentwicklung/Waldschutz.
- MEIER-DINKEL A, SVOLBA J, KLEINSCHMIT J (1997): Selektierte, mikrovermehrte Vogel-Kirschen-Klone. *AFZ/Der Wald* 52: 963-964.
- RIEGER M, DUEMMEL MJ (1992): Comparison of drought resistance among *Prunus* species from divergent habitats. *Tree Physiology* 11: 369-380.
- ROLOFF A (2021): Aktualisierte KlimaArtenMatrix 2021 (KLAM 2.0). S. 201-230. In: ROLOFF A (Hrsg.): *Trockenstress bei Bäumen*. Quelle & Meyer Verlag Wiebelsheim.
- VOTH W (2021): Mündl. Mitteilung über Plusbäume der Samenplantage Poggendorf (Mecklenburg-Vorpommern). Forstliches Versuchswesen, BTFVI Schwerin, Landesforst Mecklenburg-Vorpommern.
- WOLF H (2012): Antrag auf vorläufige Zulassung von Klonen der Vogel-Kirsche (*Prunus avium* L.) als Ausgangsmaterial für die Gewinnung von geprüfem Vogel-Kirschen-Vermehrungsgut nach FoVG. Staatsbetrieb Sachsenforst Pirna, 13 S., unveröffentlicht.
- WOLF H, Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ (2020): Netzwerk Wildobst: Möglichkeiten und Grenzen der *In-situ*-Erhaltung von verwandten Wildarten am Beispiel von Wildobstarten in Wald und Forstwirtschaft. *Julius-Kühn-Archiv* 466: 57-67. DOI 10.5073/jka.2020.466.005

Autoren

HEINO WOLF

Staatsbetrieb Sachsenforst, Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft,
Referat Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna
Kontakt: Heino.Wolf@smekul.sachsen.de

CHRISTIAN LANGE

Forschungsinstitut für Bergbaufolgelandschaften e.V. (FIB e.V.), Brauhausweg 2, 03238 Finsterwalde

BENJAMIN OTT

Fachrichtung Forstwissenschaften, TU Dresden, 01737 Tharandt

Ergebnisse aus dem Internationalen Buchenherkunftsversuch 1996/98 von den Versuchsflächen in Deutschland

MIRKO LIESEBACH, KATHARINA J. LIEPE, MUHIDIN ŠEHO, RALF KÄTZEL, FRANK BECKER, SONJA LÖFFLER

Zusammenfassung

Die Rot-Buche (*Fagus sylvatica* L.) ist eine der wichtigsten Laubbaumarten in Mitteleuropa. Mit Ihrem großen natürlichen Verbreitungsgebiet wächst sie unter verschiedenen Standortbedingungen und hat sich diesen angepasst. In den letzten Jahren kam es wiederholt zu Trockenschäden und damit verbunden zu gravierenden Wachstums- und Vitalitätseinbußen.

Vielerorts gerieten die örtlichen Populationen so unter Stress, dass es zu Absterbeerscheinungen kam. Daher ist zu überlegen, ob die Populationen durch die Pflanzung mit einer dürrerotoleranteren Herkunft angereichert oder ersetzt werden sollten. Die durch den Klimawandel bedingten Änderungen laufen häufig so schnell ab, dass sich die vorhandenen Populationen durch natürliche Prozesse nicht anpassen können. Maßnahmen wie „*assisted gene flow*“ oder „*assisted migration*“ stellen eine Option dar dies zu unterstützen. Internationale Herkunftsversuche liefern hierfür wichtige Erkenntnisse.

Im folgenden Beitrag werden Ergebnisse von drei Untersuchungen vorgestellt, die auf den deutschen Flächen des Internationalen Buchenherkunftsversuchs 1996/98 erfolgt sind: (1) Wachstumsanalysen auf 6 Flächen in Nord-, West und Ostdeutschland, (2) Wachstumsanalysen in Süddeutschland und (3) physiologische Untersuchungen auf einer Fläche im Fläming an 9 Herkünften.

Abstract

Results of the International Beech Provenance Trial 1996/98 from the sites in Germany

European beech (*Fagus sylvatica* L.) is one of the most important deciduous tree species in Central Europe. Across its large natural distribution, it grows under different environmental conditions to which populations are adapted. In recent years, drought damage has repeatedly occurred, resulting in serious losses of tree growth and vitality.

In many places, the local populations came under such stress that dieback occurred. Therefore, it should be considered to enrich or even replace populations by planting a more drought-tolerant provenance. Climate change is occurring so rapidly that existing populations cannot adapt through natural processes. Measures such as "assisted gene flow" or "assisted migration" appear to be a suitable option. International provenance experiments provide important results to develop management prescriptions.

This article presents results of three investigations carried out on German sites of the International Beech Provenance Trial 1996/98: (1) growth analyses on 6 sites in northern, western and eastern Germany, (2) growth analyses in southern Germany, and (3) physiological studies with 9 provenances at one site in the Fläming.

1 Einleitung

Die Rotbuche (*Fagus sylvatica* L.) ist eine wichtige Waldbaumart in West- und Mitteleuropa und bedeckt etwa 12 Millionen ha Waldfläche. Das natürliche Verbreitungsgebiet ist in Abbildung 1 dargestellt. Es ist überraschend, dass es zu der häufigsten Laubbaumart Mitteleuropas bis in die 1980er Jahre nur wenige Herkunftsversuche gab, obwohl das weiträumige natürliche Verbreitungsgebiet große standörtliche Unterschiede (hinsichtlich Klima,

Höhenlage, Exposition, Grundgestein, Bodenart usw.) aufweist. Ein wesentlicher Grund ist, dass Buchenholz einen verhältnismäßig geringen wirtschaftlichen Wert besaß (KRAHL-URBAN 1958; HOFFMANN 1961).

Erst mit dem Aufkommen der Furnierindustrie und der Verwendung der Buche als Faserholz nahm ihre wirtschaftliche Bedeutung zu. Trotz einer zunehmenden Bedeutung wurden noch in der Mitte des letzten Jahrhunderts vor allem ertragsschwächere Buchenwälder abgeholzt und mit Nadelbäumen, vor allem Fichten, aufgeforstet, da die Umtriebszeiten kürzer sind und das Holz früher Geld einbringt.

Seit mehreren Jahrzehnten ist die Buche nun nicht nur aus wirtschaftlichen, sondern auch aus ökologischen Gründen von Interesse. Sie ist eine waldbaulich sehr wertvolle Baumart mit vielen positiven Eigenschaften, die zur Stabilisierung der Waldökosysteme beitragen. Aufgrund von Veränderungen in der Waldbewirtschaftung nimmt ihr Flächenanteil zu.

Der Klimawandel und insbesondere die zunehmende Trockenheit und Hitze der Jahre 2018-2022 bereiten auch der Buche regional Probleme, was Vitalitätseinschränkungen bis hin zum gruppenweisen Absterben von Altbuchen führte. Vor diesem Hintergrund können Herkunftsversuche Informationen zum Anpassungs- und Ertragspotenzial der Baumart liefern.

2 Herkunftsversuche mit Rot-Buche – Grundlage für die Untersuchung intra-spezifischer Variation

2.1 Herkunftsversuche vom Beginn bis in die 1980er Jahre

Bereits im Jahr 1878 legte KIENITZ (1879) im Mündener Botanischen Garten (Niedersachsen) den ersten Aussaatversuch mit 107 Buchenherkünften an, der in den darauffolgenden Jahren jedoch nicht weitergeführt wurde (HOFFMANN 1962). Es folgte ein Herkunftsversuch mit 3 Herkünften an einem Standort in Dänemark (HAUCH 1915). Im Tharandter Wald wurde von MÜNCH im Jahre 1927 eine Versuchsfläche mit 2-jährigen Pflanzen von 8 Buchenherkünften aus Mitteleuropa angelegt (MÜNCH 1948) – der älteste dokumentierte Buchenherkunftsversuch in Deutschland. Ergebnisse dieses Versuchs wurden u. a. von HOFFMANN (1961, 1962) sowie THOMASIIUS und GÄRTNER (1991) veröffentlicht.

Tabelle 1: In den 1950er bis Mitte der 1980er angelegte Herkunftsversuche (* ausschließlich nationale Herkünfte).

Anlagejahr	Land	Flächen	Herkünfte	Quelle
1951-59	Deutschland	19	133*	KRAHL-URBAN 1958
1956-57	Dänemark	6	27*	MADSEN 1985
1963	Dänemark	1	9	LARSEN 1985
1964	Polen	6	7*	RZEZNIK 1988
1974	Italien	1	5*	BORGHETTI und GIANNINI 1982
1976	Polen	2	20	RZEZNIK 1988
1977-79	Frankreich	5	11-30*	TEISSIER DU CROS 1993
1978	Deutschland	6	16	SITTLER 1981
1980	Frankreich	2	6*	TEISSIER DU CROS 1993
1980-84	Frankreich	7	22-49	TEISSIER DU CROS 1993
1985	Tschechoslowakei	8	20	SINDELAR und STRNADY 1988

In den 1950er bis 1980er Jahren wurden weitere Herkunftsversuche als Serien bzw. Einzelflächen in Dänemark, Polen, Frankreich und der Tschechoslowakei überwiegend mit heimischen Herkünften der Rot-Buche angelegt

(Tabelle 1). Einige der Flächen, so die von KRAHL-URBAN (1958) in Grafrath (Bayern) und im Bramwald (Niedersachsen) angelegte Versuche, wurden wegen Frostschäden und Wildverbiss bzw. wegen starken Schäden durch Scher- und Erdmäuse kurz nach der Anlage wieder aufgegeben. Ergebnisse von den Versuchen der 1950er bis 1980er Jahre sind in MUHS und VON WÜHLISCH 1992 zusammengefasst.

Die Angaben zu den Herkünften variieren in den Veröffentlichungen, da zum einen nicht immer zwischen eingesammelten und auf Versuchsflächen ausgebrachten Absaaten und zum andern nicht immer zwischen Baumschul- und Feldversuchen unterschieden wurde. Nicht aufgeführt sind Versuche, bei denen aus den Quellen nicht hervorgeht, ob es sich um Bestandes- (Herkünfte) oder Einzelbaumabsaaten handelt.

2.2 Internationale Serien von Herkunftsversuchen der 1980er Jahre

Zwischenzeitlich wuchs das Interesse an Wiederaufforstungen von Buchenwäldern und an Erstaufforstungen von landwirtschaftlich stillgelegten Flächen. Aus wissenschaftlicher Sicht bestand die Notwendigkeit einer Bewertung der genetischen Ressourcen der Buche.

In den 1980er Jahren wurden drei internationale Serien 1983/1986 (Aussaats-/Anlagejahr), 1984/1987 und 1985/1988 angelegt (VON WÜHLISCH et al. 1998; LIESEBACH 2015). Sie umfassen insgesamt 15 Flächen (Tabelle 2) mit einer Gesamtzahl von 187 Herkünften. Aufgrund der damaligen politischen Situation ist die Stichprobe der einbezogenen Herkünfte nicht repräsentativ für das Verbreitungsgebiet der Rot-Buche. Auch die Versuchsstandorte repräsentieren nicht die Bandbreite der von der Buche besiedelten Standorte. In der Serie 1983/86 sind auch Herkünfte der Orientalischen Buche (*Fagus orientalis*) aus der Nordtürkei enthalten.

Tabelle 2: Flächen der internationalen Serien von Herkunftsversuchen mit Rot-Buche der 1980er Jahre.

Serie	Land	Flächen	Herkünfte
1983/86	Dänemark	1	49
	Deutschland	2	48 bzw. 54
1984/87	Deutschland	3	28-48
	Frankreich	1	24
	Niederlande	1	36
1985/88	Belgien	1	73
	Deutschland	4	31-69
	Frankreich	1	58
	Niederlande	1	79

2.3 Internationale Serien von Herkunftsversuchen der 1990er Jahre

Anfang der 1990er Jahre wurde die Situation der politischen Entspannung in Europa genutzt, um eine weitere Versuchsreihe zu initiieren, die den östlichen Teil des Verbreitungsgebiets der Buche besser repräsentieren sollte. Es erfolgte eine weitere vom Thünen-Institut für Forstgenetik (damals noch Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft) koordinierte Saatguteinsammlung.

Das im Winter zentral in Großhansdorf stratifizierte Saatgut wurde im Frühjahr 1993 ausgesät. Im Frühjahr 1995 wurden die 2-jährigen Pflanzen an die Partnerinstitutionen im In- und Ausland zur Anlage der Flächen verschickt. Insgesamt wurden 23 Flächen in 17 Ländern mit überwiegend 49 (11 Flächen) bzw. 100 Herkünften (5 Flächen) Herkünften etabliert (Tabelle 3). Die restlichen 7 Flächen hatten zwischen 26 und 48 Herkünfte. Das Versuchslayout wurde im Thünen-Institut für alle Standorte entworfen und wurde weitestgehend einheitlich umgesetzt. Einige Institutionen haben zusätzlich noch nationale Herkünfte auf ihren Flächen in den Versuch integriert.

Durch die unterschiedlichen Saatgutqualitäten und das im Laufe der Anzucht steigende Interesse an der Anlage weiterer Flächen konnte eine mehr oder weniger einheitliche Herkunftsverteilung auf die Flächen nicht umgesetzt werden. Insgesamt sind 128 Herkünfte auf den Flächen der Serie 1993/95 im Vergleich, davon stehen 15 Herkünfte auf allen Flächen. Ein parallel zur Anzucht angelegter Baumschulversuch hatte 158 Herkünfte.

In der Serie 1993/95 fehlten Herkünfte aus dem südöstlichen Teil des Verbreitungsgebiets nahezu vollständig, da die Buche dort nicht fruktifiziert hatte. Es wurde ein weiterer Buchenversuch geplant, bei dem der Schwerpunkt auf Herkünften aus dem Südosten liegt. Zusätzlich sollte eine begrenzte Anzahl an Herkünften aus dem restlichen Verbreitungsgebiet, die bereits in der Serie 1993/95 enthalten waren, aufgenommen werden.

Wie bei der Serie 1993/95 erfolgte auch für die Serie 1996/98 die Stratifizierung und Anzucht der 2-jährigen Pflanzen am Thünen-Institut. Im kalten, aber schneearmen Winter (1996/97) gingen viele der verschulten Pflanzen verloren. Anders als bei der vorangegangenen Serie wurde die Bereitschaft zur Anlage von Flächen mit Forderungen verbunden. So wollten zahlreiche Partnerinstitutionen insb. Herkünfte aus ihrer geografischen Region und nicht mehr aus dem gesamten Verbreitungsgebiet. Als der Versand der Pflanzen anstand, meldeten mehrere Partnerinstitutionen Interesse an der Anlage weiterer Flächen an. Von Seiten der Institutsleitung sollten diese Flächen ebenfalls berücksichtigt werden. Im Frühjahr 1998 wurde das Gros der Pflanzen an die Partnerinstitute zur Anlage der Flächen verschickt. Einige Flächen wurden erst ein oder zwei Jahre später angelegt. Das Versuchsdesign wurde wie bei der vorangegangenen Serie vom Thünen-Institut erstellt. Insgesamt umfasst die Serie 1996/98 26 Flächen in 17 Ländern mit insgesamt 61 Herkünften (Tabelle 3), von denen 2 auf allen Flächen wachsen. Die Folgen des strengen Winters 1996/97 und die Aufgabe, möglichst viele Flächen gleichzeitig anzulegen, machten die Pläne einer Serie mit auf allen Flächen einheitlich vertretenen Herkünften zunichte.

Tabelle 3: Internationale Serien von Herkunftsversuchen mit Rot-Buche der 1990er Jahre.

Serie	Länder	Flächen	Herkünfte
1993/95	17	23	26-100
1998/98	17	26	13-45

2.4 Internationale Serie 2004/07

Der Vollständigkeit halber sei erwähnt, dass aufgrund des Mangels an Herkünften aus Südosteuropa zwischen 2001 und 2003 weitere 26 Saatgutpartien eingesammelt und im Frühjahr 2004 in der Baumschule des Instituts in Großhansdorf ausgesät wurden. Von der Ernte 2004 konnte im Herbst zusätzlich Saatgut aus 12 Beständen bezogen und im Frühjahr 2005 ausgesät werden. Im Frühjahr 2007 wurden mit 3 bzw. 2 Jahre alten Pflanzen die Versuchsflächen einer sechsten internationalen Serie 2004/07 angelegt. Diese Versuchsserie umfasst 10 Flächen in 5 Ländern (in Südosteuropa und Deutschland), in denen insgesamt 38 Herkünfte getestet werden.

2.5 Experimentelles Design der Feldversuche der internationalen Serien

Die Versuchsflächen der internationalen Serien sind als randomisierte Blockanlagen mit drei Wiederholungen angelegt. Die Pflanzung erfolgte in Reihen mit einem Abstand von 2 m x 0,5 m (Serien 1983/86, 1984/87 und 1985/88) bzw. 2 m x 1 m (Serien 1993/95, 1996/98 und 2004/07). Jede Parzelle wurde mit 100 Pflanzen (Serien 1983/86, 1984/87 und 1985/88) bzw. 50 Pflanzen (Serien 1993/95, 1996/98 und 2004/07) angelegt, was eine Parzellengröße von 10 m x 10 m ergibt (LIESEBACH et al. 2017). Ein Versuch mit 33 Herkünften nimmt somit etwa 1 ha ein. Die Parzellen werden als groß genug angesehen, um die Entwicklung der Bäume 40 bis 60 Jahre lang beobachten und auswerten zu können. In der Regel wurden zwei Reihen mit Buche als Rand um die Flächen gepflanzt.

3 Die deutschen Versuchsflächen der Serie 1996/98

In Deutschland wurden acht Flächen der Serie 1996/98 angelegt (Abb. 1). Von denen sechs (20-01, 20-02, 20-07, 20-11, 20-25, 20-28) vom Thünen-Institut und je eine von der FVA Freiburg (20-22) bzw. vom AWG in Teisendorf (20-23) betreut werden.

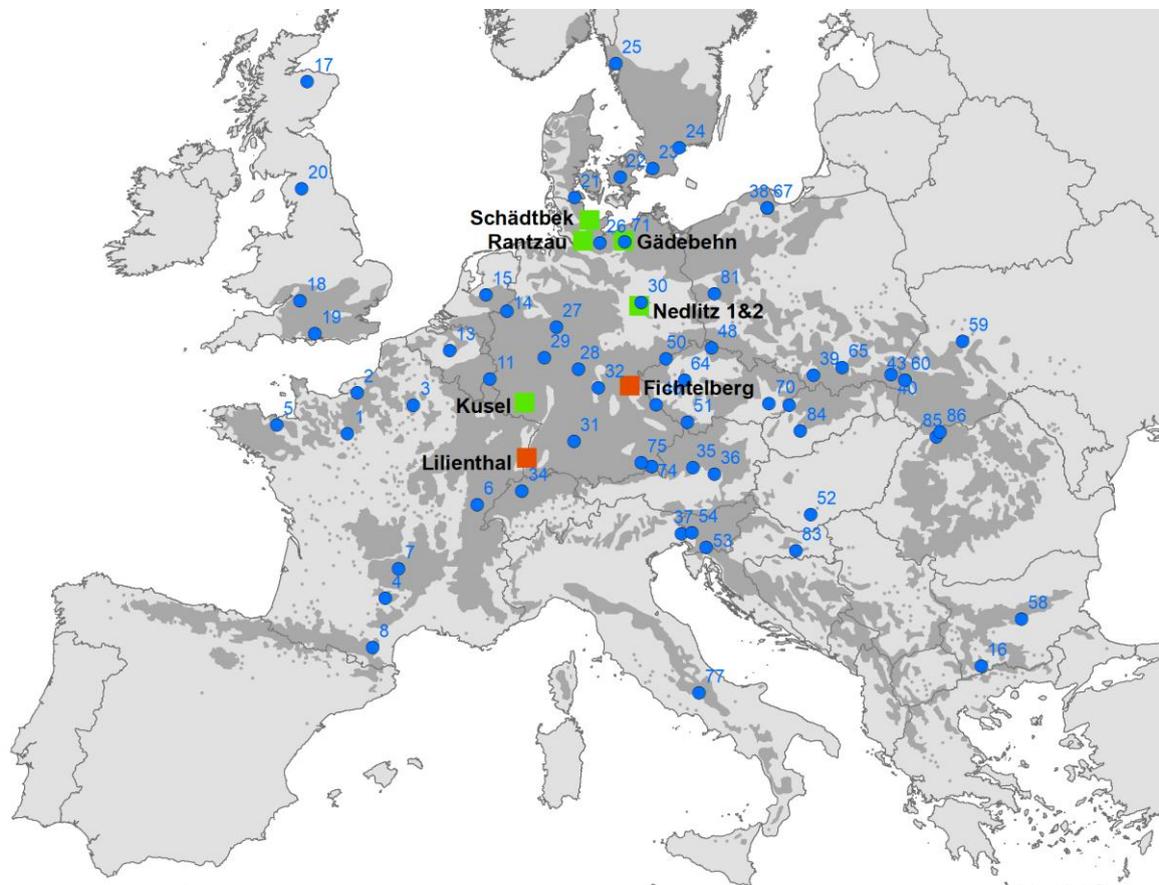


Abb. 1: Geographische Lage der deutschen Flächen (Quadrate) und darauf gepflanzter Herkünfte (Punkte) der Serie 1996/98 vor dem Hintergrund des natürlichen Verbreitungsgebiets der Rotbuche (EUFORGEN 2009). In grün gekennzeichnete Flächen werden in Kapitel 3 ausgewertet, in rot gekennzeichnete Flächen in Kapitel 4. Die physiologischen Untersuchungen in Kapitel 5 wurden auf der Fläche Nedlitz 1 durchgeführt.

Drei der Flächen (20-01, 20-02 und 20-11) sind, wie das Gros der Flächen der Serie, mit 2-jährigen Pflanzen angelegt worden (Tabelle 4). Zwei Flächen (20-07 und 20-25) waren erst ein Jahr später für die Anlage vorbereitet, so dass die Pflanzen ein Jahr länger in der Baumschule des Instituts aufgeschult waren. Die Pflanzen für die Fläche in Baden-Württemberg (20-22) wurden 2-jährig übergeben und von der FVA in Weichwand-Container verschult, bis sie 3-jährig auf die Fläche kamen. Für die Fläche in Bayern (20-23) wurden die Pflanzen 2-jährig abgegeben und in der Baumschule Bindlach der Bayerischen Staatsforsten aufgeschult. Nach zwei weiteren Jahren wurde die Fläche mit 4-jährigen Pflanzen angelegt.

Auf drei Flächen (20-02, 20-11, 20-25) wurde ein lockerer Schirm der Vorbestandsbaumart belassen. Der zum Zeitpunkt der letzten Aufnahmen im Alter von 25 Jahren noch vollständig vorhanden war. Für die Fläche 20-28 wurde eine Lärchen-Nachkommenschaftsprüfung als Schirm genutzt. Für die Pflanzung der mittlerweile 6-jährigen Buchen wurden mit dem Pflanzfuchs Löcher gebohrt. Aufgrund der Lage der Fläche und der Größe der Pflanzen wurde die Fläche nicht gezäunt.

Auf den Flächen Kusel (20-07) und Fichtenberg (20-23) sind 4 bzw. 8 zusätzliche Herkünfte integriert. In Tabelle 5 ist die Verteilung der Herkünfte der Versuchseinsammlung auf die Flächen zusammengestellt.

Tabelle 4: Zusammenstellung und Beschreibung der Flächen in Deutschland der Serie 1996/98.

Name	Schädbek	Gädebehn	Kusel	Nedlitz 1	Nedlitz 2	Rantzau	Liliental	Fichtenberg
Nr.	20-01	20-02	20-07	20-11	20-25	20-28	20-22	20-23
Land	SH	MV	RP	ST	ST	SH	BW	BY
Geo. Br.	54°18'N	53°40'N	49°32'N	52°03'N	52°03'N	53°46'N	48°04'N	49°56'N
Geo. Lg.	10°18'E	11°42'E	7°32'E	12°20'E	12°21'E	9°59'E	7°40'E	11°48'E
Höhe ü.NN	40	40	410	135	130	40	380	785
Schirm	-	Strobe	-	Kiefer	Kiefer	Lärche	-	-
Alter	2-j.	2-j.	3-j.	2-j.	3-j.	6-j.	3-j.	4-j.
Pflanzung	3/98	4/98	2/99	4/98	3/99	4/02	2/99	11/99
Verband	2 x 1 m	2 x 1 m	2 x 1 m	2 x 1 m	2 x 1 m	2 x 2 m	1,5 x 1,5	2 x 1 m
Nährst.	1	2	1	2	2	2	3	2
Wasser	1	2	1	3	3	1	3	1
Pflanzen	3x50	3x50	3x50	3x50	3x50	3x25	3x25	3x50
Herkünfte	33 + (12)	17	21	33	13	11 + (7)	20	21 + (1)
Zusätzl. Herkünfte			4					8

In den folgenden Abschnitten werden Ergebnisse von drei Untersuchungen vorgestellt, die auf den deutschen Flächen der Serie 1996/98 erfolgt sind:

- Wachstumsanalysen auf 6 Flächen in Nord-, West und Ostdeutschland (Flächen-Nr. 20-01, 20-02, 20-07, 20-11, 20-25, 20-28) (Bearbeitung: Thünen-Institut)
- Wachstumsanalysen in Süddeutschland (Flächen-Nr. 20-22, 20-23) (Bearbeitung: AWG)
- Physiologische Untersuchungen auf einer Fläche im Fläming an 9 Herkünften, die in Tabelle 4 mit * gekennzeichnet sind (Fläche-Nr. 20-11) (Bearbeitung: LFE)

Tabelle 5: Verteilung der Herkünfte auf die Flächen in Deutschland der Serie 1996/98 (eingeklammerte Herkünfte nicht in allen Wiederholungen ausgepflanzt; *= Herkünfte für physiologische Untersuchungen verwendet).
Detailinformationen zu den Herkünften sind in ROBSON et al. (2018) publiziert.

Hk-Nr.	SbNr.	Land	Herkunft	01 SH	02 MV	07 RP	11 ST	25 ST2	28 SH	22 BW	23 BY
1	9235	FR	Perche	X		X	X				X
2	9236	FR	Bordure Man.	X		X	X			X	
3	9237	FR	Picardie	(X)		X	X				
4	9239	FR	Sud Massif	(X)		X				X	
5	9240	FR	Bretagne			X		X	X		
6	9241	FR	Plateaux du Jura	X	X	X	X*	X		X	X
7	9242	FR	15-Ouest Massif						(X)		
8	9243	FR	Pyrenees Or.	X	X		X*				
13	9191	BE	Soignes	X	X		X	X	X	X	X
11	9194	LU	Heinerscheid	X			X				
14	9170	NL	Aarnink	X	X		X		(X)	X	X
15	9171	NL	Elspeet	(X)					X		
17	9172	GB	Westfield (2002)	X	X		X	X		X	X
18	9192	GB	BE 95 (4003)	X							
19	9193	GB	BE 95 (4010)			X		X			
20	9207	GB	BE 95 (3001)	(X)		X					
21	9184	DK	Grasten, F.413	X	X		X			X	
22	9185	DK	Alsted, F.603	X							X
23	9183	SE	Torup	X	X	X	X	X	X	X	X
24	9186	SE	Trolle Ljungby	(X)							
25	9187	SE	Gullmarsberg	X		X		X			
26	9181	DE	Farchau (SH)	X	X	X	X*			X	
27	9209	DE	Graf v. Westf. (NW)	(X)			X		(X)		
28	9233	DE	Schluechtern (HE)	X					(X)		
29	9234	DE	Dillenburg (HE)				X				
30	9208	DE	Belzig (ST)	(X)		X	X*	X			
31	9182	DE	Urach (BW)	X	X	X	X	X	X	X	X
32	9245	DE	Ebrach (BY)	(X)							X
74	9247	DE	Marquarts. (BY)						(X)		
75	9246	DE	Rosenheim (BY)						X		
71	9313	DE	Sternberg (MV)	X	X						
67	9215	PL	Bilowo 115,116	X	X		X			X	X
39	9217	PL	Jaworze	X			X				
40	9221	PL	Tarnawa	(X)			X				X
43	9226	PL	Jawornik, 92b			X	X*				
60	9222	PL	Sekowiec, 160b	X	X					X	
38	9214	PL	Bilowo, 124a,123c	X		X		X	X		
65	9219	PL	Koino, 105f			X		X			X
81	9216	PL	Swiebodzin 30AB						(X)		
46	9180	CZ	Domazlice-Vyhl.	X			X				X
48	9200	CZ	Jablonec N.N.	X	X		X*			X	
64	9201	CZ	Nizbor	X	X		X			X	X
49	9202	CZ	Brumov-Sidonie	X		X	X	X			
50	9204	CZ	Janov-Nacetin	(X)							
51	9212	CZ	Horni Plana-Ce.	X	X	X	X	X		X	X
70	9197	CZ	Buchlovice	(X)			X				X
34	9112	CH	Oberwil	X			X			X	
35	9205	AT	Hinterstoder	X	X		X			X	X
36	9206	AT	Eisenerz	X		X	X*				X
53	9190	SL	Postojna Masun.	X	X		X			X	X
54	9188	SL	Idrija-II/2, 14				X				X
83	9071	CR	Pozega						X		
37	9114	IT	Val di Sella	X		X					
77	9120	IT	Val Fondillo						X		
84	9153	SK	Topolcianky						X		
52	9083	HU	Magyaregregy	X						X	
59	9077	UA	Pidkamin	X			X*				
85	9229	RO	Maramures-Baia						(X)		
86	9230	RO	Stanga Iziei						X		
16	9092	BG	Gotze Delchev	(X)			X*			X	(X)
57	9196	BG	Gramaticovo								X
58	9101	BG	Maglij			X					

4 Wachstumsanalysen auf 6 Flächen in Nord-, West und Ostdeutschland

Das Versuchsdesign sah vor, dass auf alle Flächen der Serie 1996/1998 in regelmäßigen Zeit-abständen Wuchsmerkmale erhoben werden. Nach Pflanzung, Grundmessung und Anwuchskontrolle ein Jahr nach Pflanzung der jeweiligen Fläche sollte im Pflanzenalter von 7 (2002) und 10 Jahren (2005) die Höhe, anschließend im Alter 15 (2010) und 20 (2015) der Durchmesser (BHD) gemessen werden. Im Alter 20 wurden darüber hinaus Stammform, Wipfelschäftigkeit und Zwiesel bonitiert. Wie in Abbildung 2 ersichtlich, musste auf den sechs Flächen des Thünen Instituts in Ausnahmefällen um ein Jahr von den gesetzten Intervallen abgewichen werden.

Die folgenden, auf Einzelflächen bezogenen Ergebnisse illustrieren Überleben und Höhe im Alter 10 sowie den Durchmesser im Alter 20 (mit Ausnahme von Nedlitz). Die als randomisierte Blockanlage angelegten Versuche wurden varianzanalytisch ausgewertet, wobei die auf Individualebene erfassten Werte zunächst auf Parzellenebene gemittelt wurden. Für die Höhe wurden dabei alle verbleibenden Individuen berücksichtigt, beim Durchmesser flossen nur die 10 stärksten Bäume je Parzelle in den Mittelwert ein. Der Versuch ist für eine Beobachtungszeit von 60 Jahren angelegt. Nach der Ertragstafel von SCHÖBER 1971, würden in diesem Alter noch etwa 360 Bäume/ha (I. Ekl., mäßige Durchforstung) bis 2.000 Bäume/ha (III. Ekl., mäßige Dfg.) stehen, das entspricht 10 bzw. 20 Bäumen/Parzelle. Vor diesem Hintergrund wurden nur die stärksten Individuen in das Parzellenmittel einbezogen (vgl. LIESEBACH et al. 2011), unterständige Individuen fallen noch durch natürliche Selektion aus. Aufgrund der hohen Schattentoleranz der Buche sind diese bisher am Leben geblieben, verzeichneten aber teilweise keinen Zuwachs zwischen den Messungen von 2010 und 2015.

Wiederholungseffekte waren in der Regel signifikant, entsprechend wurden die adjustierten Mittelwerte der Herkünfte aus dem Model extrahiert. Grafisch dargestellt werden im Folgenden das Überleben (%) und die Wuchsleistung (als %-Abweichung vom Flächenmittel, wobei das Flächenmittel jeweils auf 100% gesetzt ist) einzelner Herkünfte mit Bezug auf ihren geographischen Einsammlungsort. Die großräumige Struktur genetischer Anpassung wird hierbei durch Interpolation verdeutlicht.

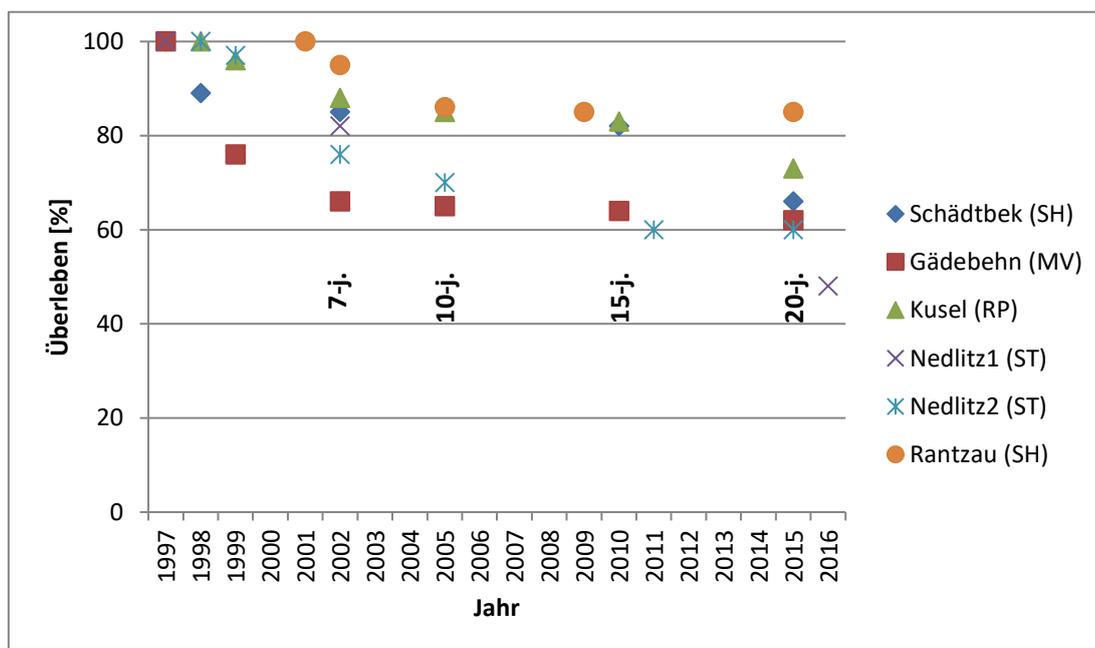


Abb. 2: Überleben [%] auf den 6 Flächen des Thünen Instituts nach Erhebungsjahr.

4.1 Allgemeine Betrachtungen auf Flächenebene

Der Anwuchs ist flächenübergreifend positiv zu beurteilen. Nach anfänglicher Differenzierung bis zum Alter 10 sind die Stammzahlen relativ konstant (Abb. 2). Zu diesem Zeitpunkt lag das **Überleben** in Schädtebek, Rantzau und Kusel bei noch bei ca. 85 %, in Gädebehn bei 65 % und auf der Fläche Nedlitz 2 bei 70 %. Erst im Alter von 20 wird die weitere Differenzierung deutlich, Rantzau steht weiterhin mit 85 % sehr gut da, Kusel sinkt auf 72 %, Nedlitz 2, Gädebehn und Schädtebek liegen bei 60 bzw. 66 %. Die Fläche Nedlitz 1 konnte erst 2016 wieder erfolgreich rekonstruiert werden, weshalb die Stammzahlentwicklung auf dieser Fläche hier nicht kontinuierlich abgebildet werden kann. Mit 48 % hat sie die geringste Überlebensrate.

Die relative Häufigkeit der Boniturstufen für **Stammform** (Abb. 3) und **Zwiesel** (Abb. 4) zeigt deutliche Unterschiede zwischen den sechs Versuchsflächen. Aufgrund der großen Variation in der Prüfgliedausstattung, den unterschiedlichen waldbaulichen Voraussetzungen (mit bzw. ohne Schirm), und unterschiedlicher Personen bei der Bonitierung können hier jedoch nur Tendenzen abgeleitet werden. Zur Vereinfachung der Betrachtung wurden die Stammformnoten 1 und 2 als waldbaulich akzeptable Stammform zusammengefasst.

Die Fläche Schädtebek wies den geringsten Anteil guter Stammformen auf, gefolgt von Nedlitz 2, Rantzau und Kusel. Den höchsten Anteil akzeptabler Stammformen wies mit ca. 50 % die Fläche Nedlitz 1 auf. In Gädebehn wurden ebenfalls über 40 % positive Stammformnoten vergeben. Diese Fläche besticht durch einen sehr geringen Zwieselanteil. Auch die Fläche in Rantzau weist nur sehr wenige Zwiesel auf. Die beiden als Freiflächen begründeten Flächen Schädtebek und Kusel weisen den größten Anteil an Tiefzwiseln auf. Mögliche Ursache dafür können Spätfrostschäden sein.

Auffällig sind die Unterschiede zwischen den direkt benachbart liegenden Flächen Nedlitz 1 und Nedlitz 2, wobei auf Nedlitz 1 bessere Stammformqualitäten und weniger Zwiesel bonitiert wurden. Erklären lässt sich dies mit der Lage der Flächen im Gelände, wobei Nedlitz 1 auf einer Kuppe sowie einem leichten Hang liegt, wohingegen die benachbarte Nedlitz 2 teilweise in einer Senke liegt. In diese fließt die auftretende Kaltluft ab, welche explizit in der Senke vermehrt zu Frostschäden und damit zur Zwieselbildung geführt hat.

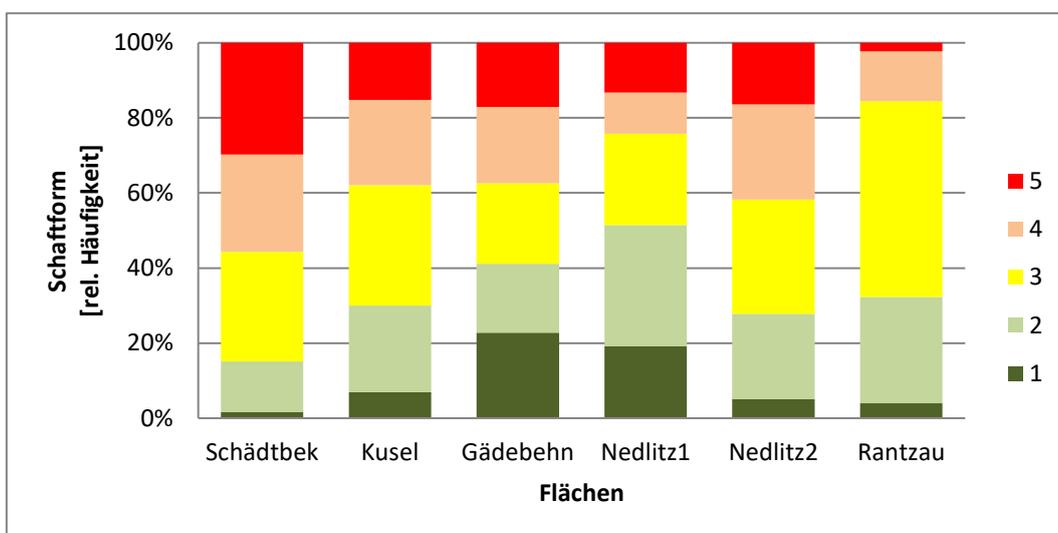


Abb. 3: Relative Häufigkeiten der Boniturstufen zum Merkmal Schaftform: 1= gerade, 2= leichte Krümmung, 3= mittlere Krümmung, 4= krumm, 5= sehr krumm.

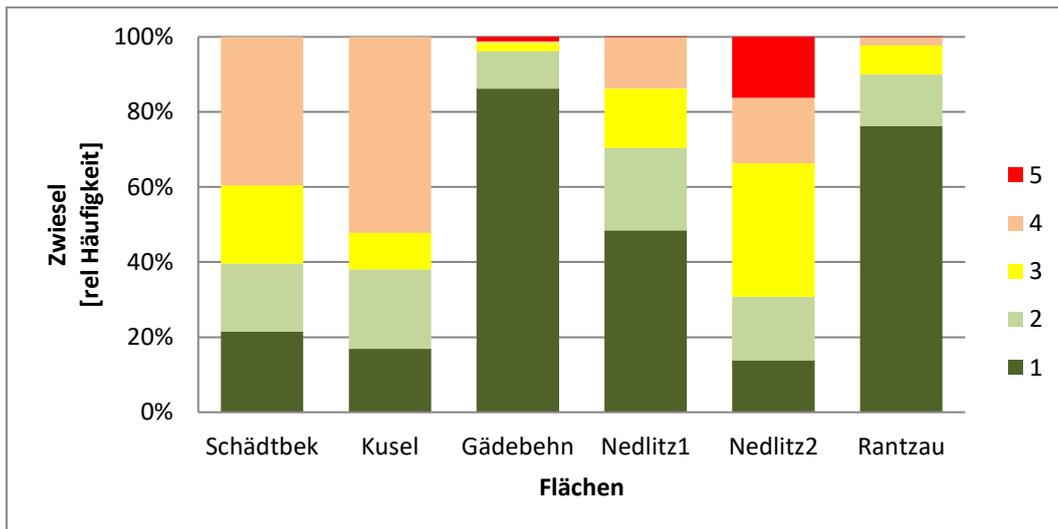


Abb. 4: Relative Häufigkeiten der Boniturstufen zum Merkmal Zwiesel: 1= ohne Zwiesel, 2= Zwiesel im oberen Teil, 3= Hochzwiesel über Baummitte, 4= Tiefzwiesel unter Baummitte, 5= sowohl als auch.

4.2 Differenzierung auf Herkunftsebene

Mit 45 Herkünften weist **Schädtkbek** die breiteste Abdeckung des natürlichen Verbreitungsgebietes aller Flächen auf. Abbildung 5 zeigt die Überlebensrate der Herkünfte mit 10 Jahren, sowie die Höhe im Alter 10 und den Durchmesser im Alter 20.

Das Gros der Herkünfte steht noch ohne nennenswerte Ausfälle da. Lediglich sechs Herkünfte fallen durch ein geringeres Überleben auf, dazu zählen die französischen Herkünfte *Borduere Man*. (Herkunft Nr. 2: 65 %), *Sud Massif* (4: 60 %) und *Plateaux du Jura* (6: 58 %), die belgische *Soignes* (13: 69 %), die niederländische *Aarnink* sowie die polnischen Herkünfte *Tarnawa* (40: 62 %) und *Bilowo 115, 116* (67: 56 %). Bei letzterer ist allerdings zu berücksichtigen, dass die in direkter Nachbarschaft geerntete Herkunft *Bilowo 124a,123c* (38) eine Überlebensrate von 91 % aufweist.

Höhe und Durchmesser sind in Relation zum Versuchsflächenmittel dargestellt, wobei Herkünfte mit besserem Wachstum eine grüne Färbung und Herkünfte mit schlechterem Wachstum eine rote Färbung erhalten. Die lokale Herkunft *Farchau* (26) und die Herkunft *Bad Urach* (31) sind als deutsche Herkünfte in der Höhe signifikant besser als das Versuchsmittel. Darüber hinaus sind auch *Val die Sella* (37, IT) und *Pidkamin* (59, UA) signifikant besser. Im Durchmesser zeigen diese teilweise weiterhin bessere Werte als das Versuchsmittel, aber hier lassen sich nur die signifikant schlechter abschneidenden Herkünfte statistisch nachweisen (25, SE; 38, PL; 51, CZ). Generell lässt sich feststellen, dass Herkünfte, die in jungem Alter vorwüchsig sind, diesen Vorteil nutzen und auch zu späterem Zeitpunkt stärkere Durchmesser aufweisen.

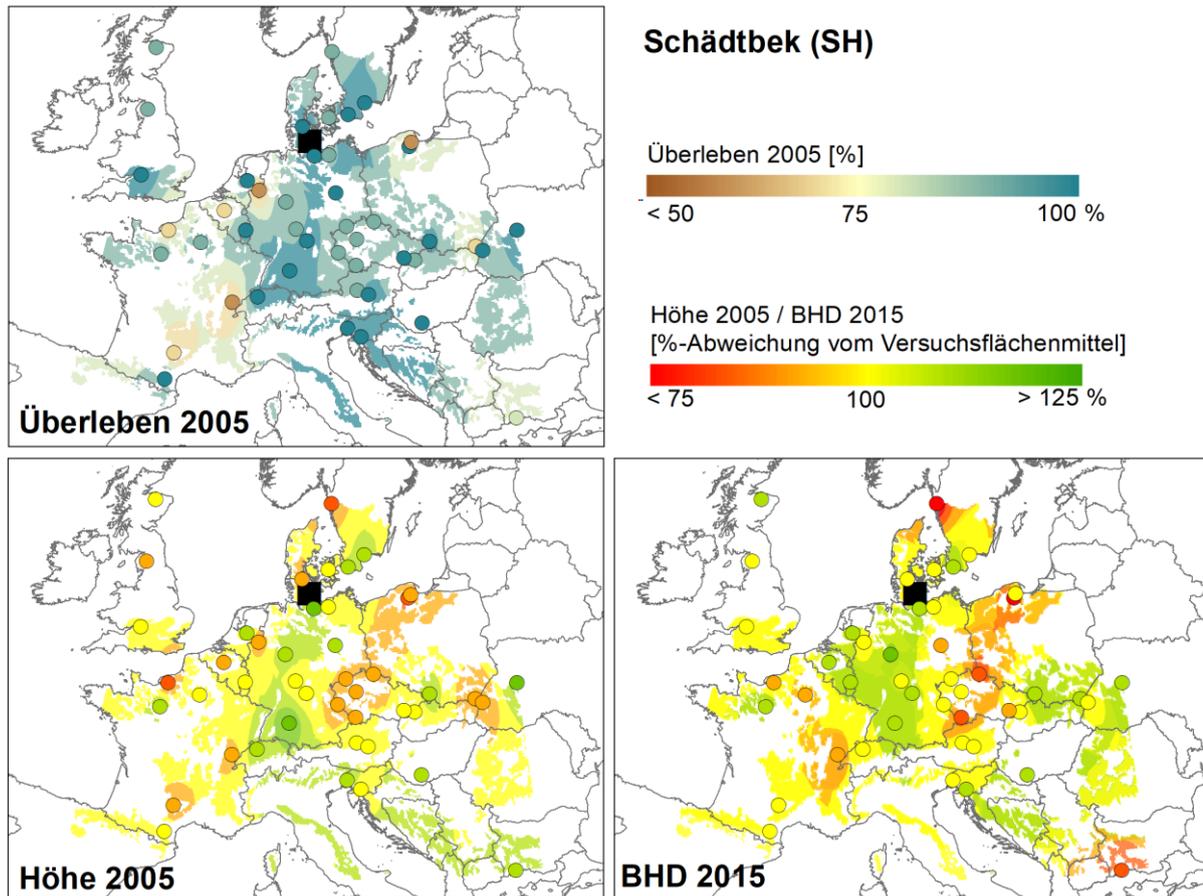


Abb. 5: Differenzierung zwischen Herkünften auf der Fläche Schädtbek. Die Herkünfte (Punkte) sind ihrem Einsammlungsortes entsprechend geographisch verortet, die Farbgebung spiegelt die Merkmalsausprägung wider. Die Lage der Fläche ist durch ein Quadrat gekennzeichnet. Das im Hintergrund liegende natürliche Verbreitungsgebiet der Rotbuche wurde mithilfe einer Interpolation eingefärbt, um räumliche Tendenzen in der Merkmalsausprägung zu verdeutlichen.

Auf der mecklenburgischen Fläche in **Gädebehn** (Abb. 6) waren die Ausfälle zu Beginn etwas stärker als auf den anderen Flächen. Die höchste Überlebensrate wies die Herkunft *Bad Urach* (31: 91 %) auf, gefolgt von der slowenischen *Postojna Masun* (53: 88 %). Die geringste Überlebensrate hatte mit nur 34 % die polnische *Bilowo 115, 116* (67).

Im Wachstum lassen sich auf dieser Fläche keine Unterschiede zum Versuchsflächenmittel statistisch absichern. Die Herkünfte aus Deutschland liegen in beiden Merkmalen, Höhe und BHD, über dem Versuchsflächenmittel, wohingegen die ausländischen Herkünfte überwiegend schlechter abschnitten. Hervorzuheben ist die positive Performance der lokalen Herkunft *Sternberg* (71).

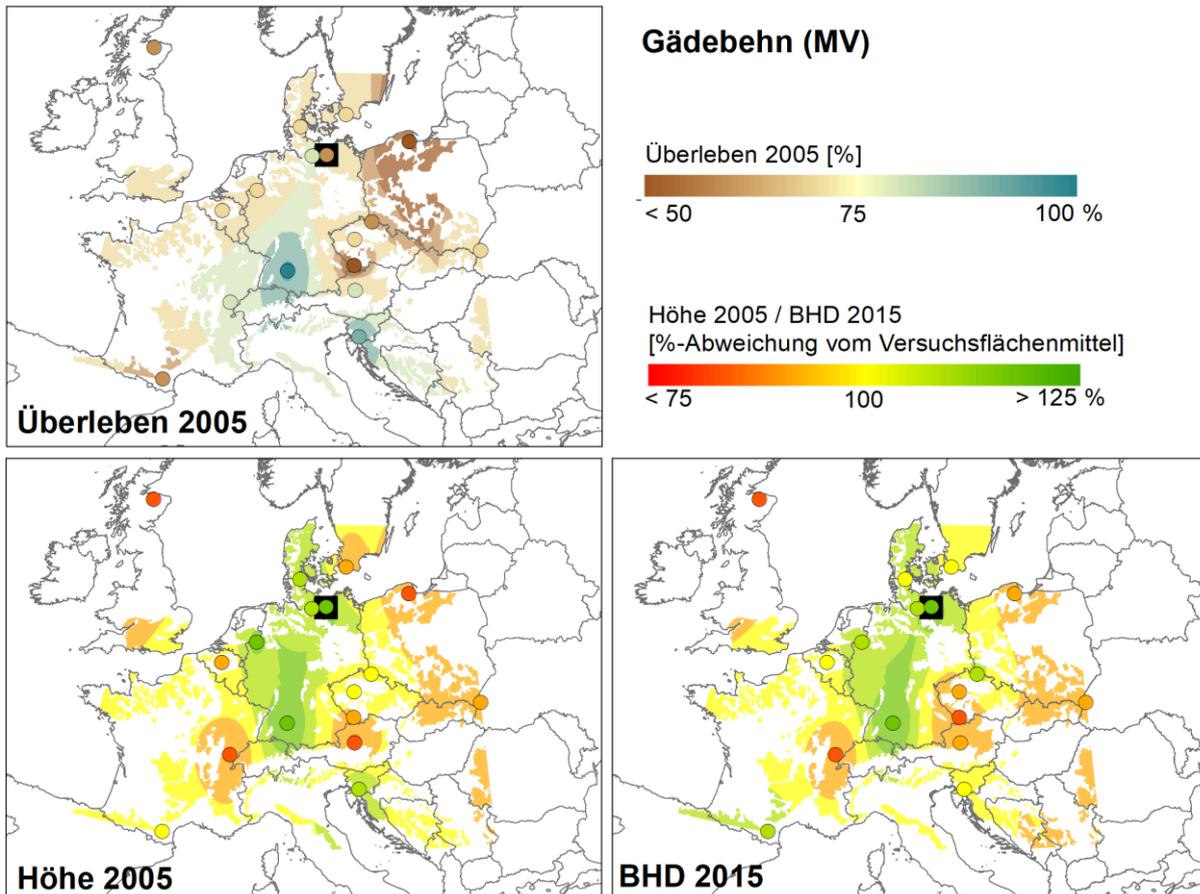


Abb. 6: Differenzierung zwischen Herkünften auf der Fläche Gädebehn. (Details in Abb. 5).

In **Kusel**, im Südwesten Deutschlands, ist das Überleben generell hoch (Abb. 7). Lediglich die Herkünfte *Bad Urach* (31: 65 %), drei französische (1, 4, 6) und eine britische (20) weisen Überlebensraten unter 80 % auf. Im Höhenwachstum fällt die in Süd-Frankreich eingesammelte Herkunft *Sud Massif* (4) negativ auf. Sie ist als einzige Herkunft auf dieser Fläche signifikant schlechter als das Versuchsflächenmittel. Tendenziell weisen Herkünfte aus Osteuropa an diesem Standort ein besseres Höhenwachstum auf. Die Variation des Durchmessers zwischen den Herkünften, und damit die Abweichung vom Versuchsflächenmittel, ist auf dieser Fläche geringer als auf den anderen.

Auf dieser Fläche wurden vier zusätzliche örtliche Herkünfte gepflanzt. Diese wiesen allerdings ein sehr heterogenes Wuchsverhalten auf und konnten mangels konkreter Angaben zum Einsammlungsort nicht berücksichtigt werden.

In **Nedlitz** wurden in direkter Nachbarschaft zwei Flächen angelegt, wobei Nedlitz 2 mit 13 Herkünften einen vergleichsweise geringen Prüfgliedsatz aufweist. Die Daten der beiden Flächen wurden deshalb gemeinsam ausgewertet. Da auf der Fläche Nedlitz 1 zeitweise keine Daten erhoben wurden, sind in Abbildung 8 Überleben und Höhe von 2002 (Alter 7) und der Durchmesser von 2016 dargestellt. Im jungen Alter signifikant wüchsiger als das Flächenmittel sind die Herkünfte *Bretagne* (5, FR) und *Pyrenees Oriental* (8, FR) sowie *Oberwill* (34, CH) und *Jaowrze* (39, PL), signifikant schlechter ist die Herkunft *Torup* (23, SE). Beim Durchmesser lässt sich allein das schlechte Abschneiden der Herkunft *Torup* erneut nachweisen. Dennoch auffällig ist das negative Abschneiden der Herkünfte aus den im Westen anschließenden Nachbarländern: *Heinerscheid* (11, LU), *Soignes* (13, BE) *Aarnink* (14, NL) und *Elspeet* (15, NL) weisen geringe Überlebensraten und ein unterdurchschnittliches Wachstum auf.

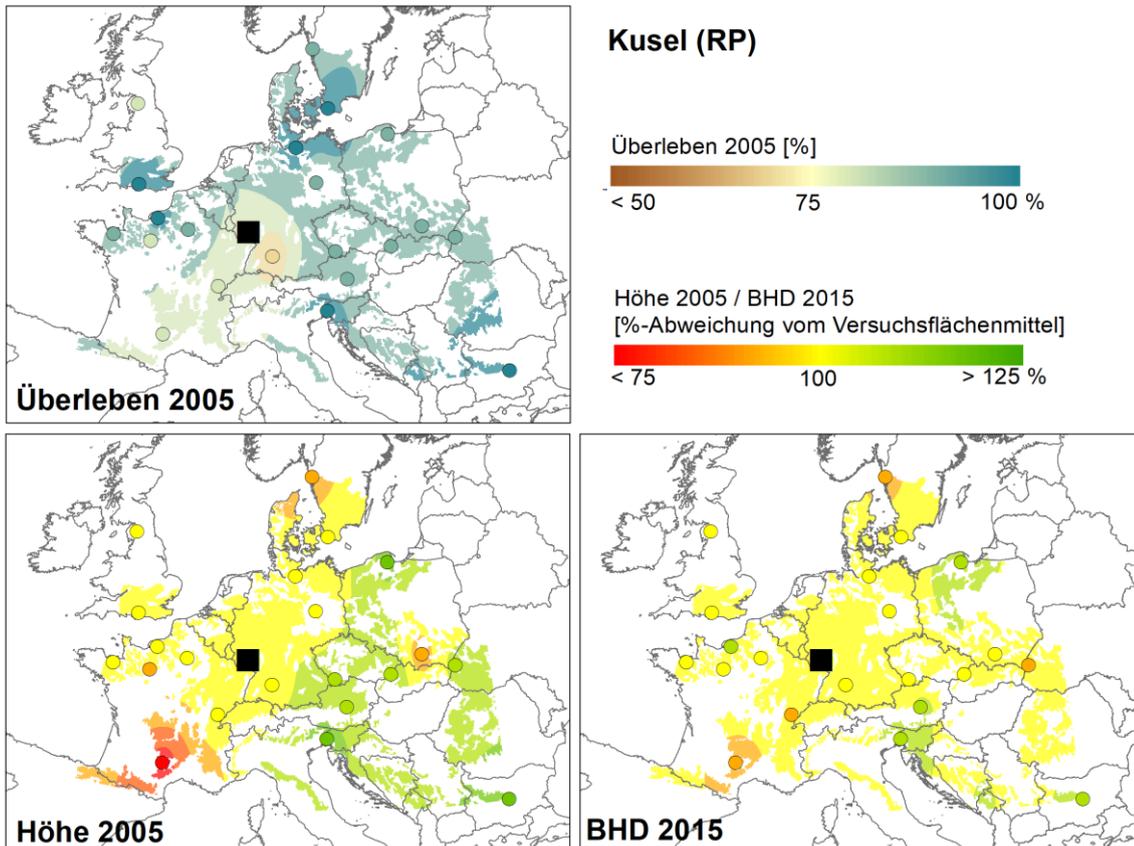


Abb. 7: Differenzierung zwischen Herkünften auf der Fläche Kusel. (Details in Abb. 5).

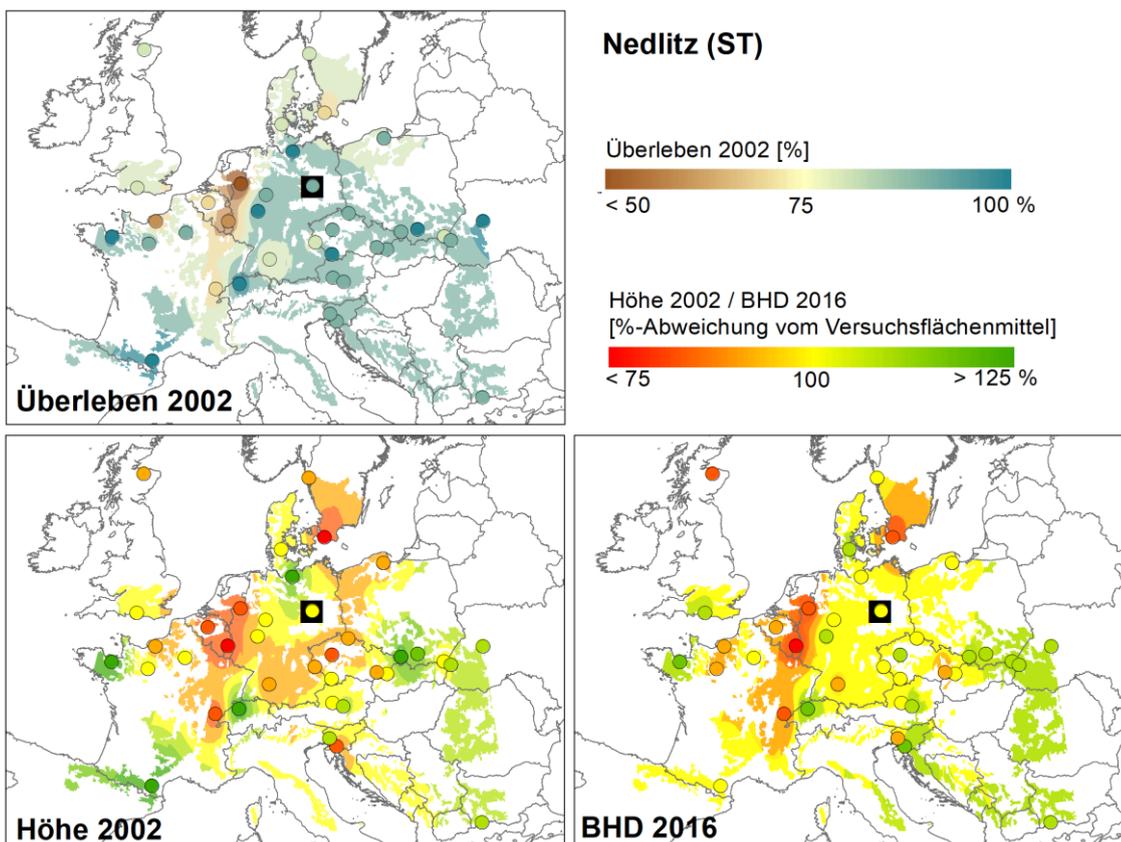


Abb. 8: Differenzierung zwischen Herkünften auf der Fläche Nedlitz. (Details in Abb. 5).

Die Fläche **Rantzau** wurde erst 2002 und damit als letzte Fläche der Serie mit 6-jährigen Pflanzen angelegt. Dennoch war der Anwuchs sehr erfolgreich, drei Jahre später wies die Fläche noch 86 % der ursprünglichen Stammzahl auf. In Überleben und Wachstum ist hier ein West-Ost-Gradient zu beobachten, mit der Tendenz geringerer Werte im Westen und höherer im Osten (Abb. 9). Signifikant ist allein das positive Abschneiden der polnischen Herkunft *Swiebodzin* (81) bei der Höhe sowie das negative Durchmesserwachstum der französischen *Ouest Massif* (7) und der belgischen *Soignes* (13).

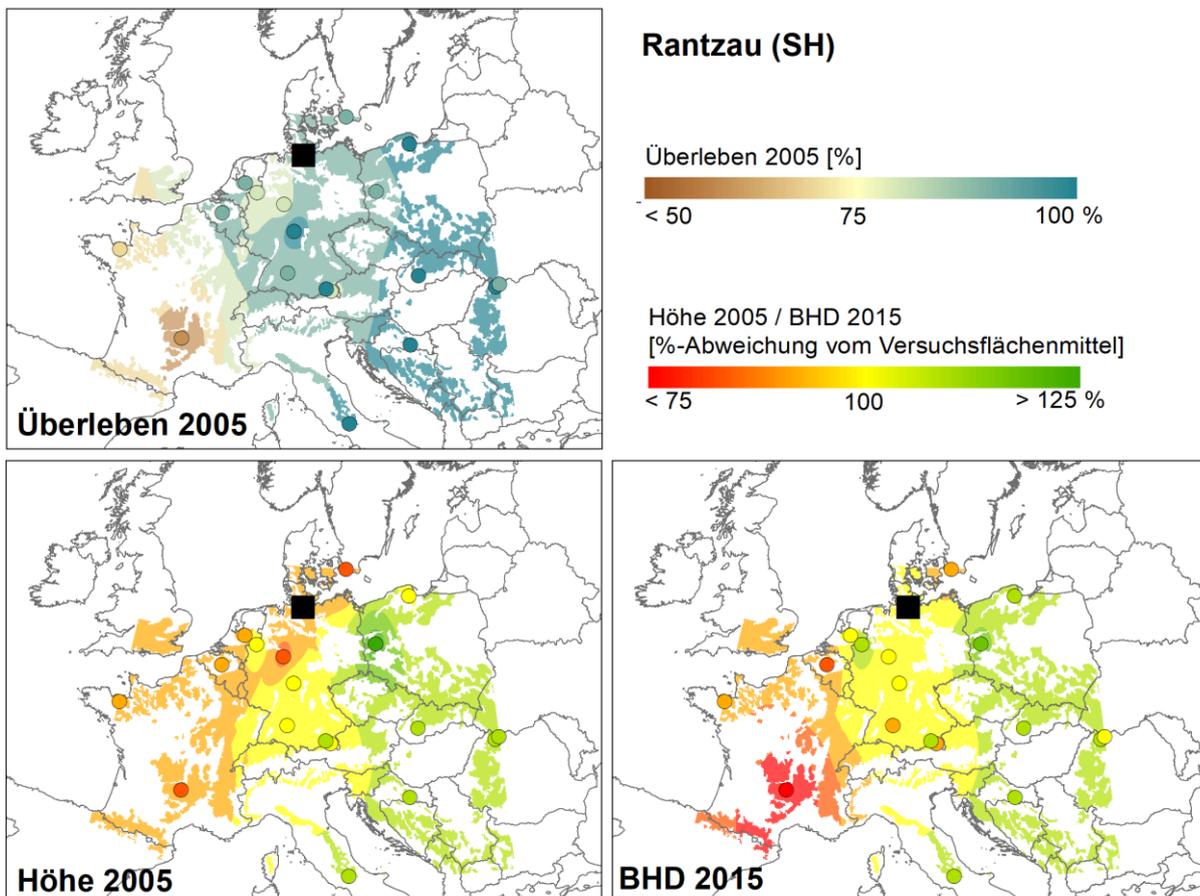


Abb. 9: Differenzierung zwischen Herkünften auf der Fläche Rantzau. (Details in Abb. 5).

4.3 Fazit

Von den sechs vom Thünen Institut betreuten Versuchsflächen des Internationalen Buchenherkunftsversuchs 1996/98 wurden vier unter Schirm und zwei auf der Freifläche begründet. Mit Ausnahme der Fläche Nedlitz 2 scheint der Schirm eine positive Wirkung auf das Auftreten von Zwieseln zu haben. Gädebehn, Nedlitz 1 und Rantzau weisen vergleichsweise wenige Zwiesel auf. Wohingegen auf den beiden auf Freiflächen begründeten Versuchen Schädtebek und Kusel deutlich mehr Zwiesel zu beobachten sind. Betrachtet man das vermehrte Auftreten von Zwieseln als Resultat von Frostschäden, kann dies auch die höhere Zahl an Zwieseln auf Nedlitz 2 erklären. Diese Fläche liegt in einer Senke, in welche auftretende Kaltluft abfließt und verstärkt zu Frostschäden geführt hat. Das Wachstum ist durch den Schirm generell schwächer, so liegen Schädtebek und Kusel im Flächendurchschnitt bei beiden Merkmalen über den anderen Flächen.

Die Konzentration auf die wüchsigsten Bäume je Parzelle anstelle aller lebenden Individuen (LIESEBACH et al. 2011), zur Berechnung der Parzellenmittel als Eingangsgröße der Varianzanalyse hat sich als gut geeignete

Methode zur Auswertung der Buchenversuche herausgestellt. Zum einen zeigen die Merkmale Höhe und Durchmesser eine positive Korrelation (Korrelationskoeffizienten > 0.7 für alle Flächen), und zum anderen besteht eine relativ konsistente Entwicklung der Differenzierung zwischen den Herkünften auf den einzelnen Flächen.

Die sechs Flächen weisen eine stark variierende Zahl und Zusammenstellung an Herkünften auf, weshalb eine vergleichende Analyse aller Flächen nicht zielführend ist. Entsprechend wurde die Differenzierung hier einzelflächenweise aufgezeigt. Die beschriebenen geographischen Tendenzen in der Merkmalsausprägung sind standortsbezogen zu betrachten. Auf der Fläche Schädtebek (SH) mit 45 Herkünften zeigt sich eine Tendenz besseren Wachstums westdeutscher Herkünfte, wohingegen Herkünfte aus dem Westen der angrenzenden Nachbarländer Polen und Tschechien ein in Nord-Süd Richtung ausgerichtetes Band schlechteren Wachstum bilden. Einzelne Herkünfte aus dem Osten bzw. Südosten des Verbreitungsgebiets schneiden ebenfalls positiv ab. Gädebehn (MV) weist mit 17 Herkünften die geringste Anzahl auf. Herkünfte aus dem Zentrum der Verbreitung wachsen tendenziell besser. Hier bestätigt sich die Eignung der lokalen Herkunft. Auf der Fläche Kusel (RP) sind Herkünfte aus dem Südwesten in ihrem Überleben und Wachstum schlechter, das Zentrum der Verbreitung, einschließlich der deutschen Herkünfte bildet das Mittelfeld, wohingegen Herkünfte aus dem Osten tendenziell besser abschneiden. Obwohl Rantzaun in räumlicher Nähe zu Schädtebek liegt, zeigt sich dort eher eine ähnliche Tendenz der Herkunftsdifferenzierung wie in Kusel, westeuropäische Herkünfte schneiden in Überleben und Wachstum schlechter ab, osteuropäische hingegen besser. Im kontinental geprägten Nedlitz (ST) zeigt sich ein anderes Bild. Im Höhenwachstum stechen punktuell einzelne Herkünfte in Süd- und Westfrankreich, der Schweiz und Polen positiv hervor, während sich von den Niederlanden bis in den mittleren Osten Frankreichs ein Band aus Herkünften mit schlechtem Wachstum zieht. Herkünfte aus den Westkarpaten schneiden wiederum tendenziell besser ab.

5 Wachstumsanalysen in Baden-Württemberg und Bayern

Auf der Versuchsfläche „Fichtelberg“ (20-23) wurden im Frühjahr 1999 insgesamt 28 Herkünfte ausgepflanzt worden. 21 davon sind Bestandteil der Serie 1996/98 (Tab. 5). Ergänzt wurde der Versuch mit sieben Prüfgliedern aus Bayern, wobei es sich bei zweien um Mischungen aus 2 bzw. 3 Beständen eines Herkunftsgebietes handelt (By_1 bis By_7) (Tab. 6). Jede Herkunft wurde dreimal wiederholt. Die Parzellen wurden mit 5 Reihen à 10 Pflanzen im 2,0 m x 1,0 m Verband angelegt. Am Standort „Liliental“ (20-22) wurden im Frühjahr 1999 20 Herkünfte aus derselben Serie mit 5 Reihen à 5 Pflanzen je Parzelle im Verband 1,5 m x 1,5 m ausgepflanzt (Tab. 5). Die Flächen in Bayern und Baden-Württemberg verfügen über 12 gemeinsame Prüfglieder. Dadurch lässt sich das Wuchsverhalten der Herkünfte auf zwei Standorten vergleichen, die sich insbesondere in klimatischer Hinsicht stark unterscheiden: eher kontinental geprägte, kühlere Lagen mit Spätfrosteeinfluss (Fichtelberg) im Vergleich zu atlantisch getöntem Klima mit Neigung zu sommerlichen Trockenperioden (Liliental). Um quantitative Aussagen hinsichtlich der Standorts- und Anbaueignung einzelner Herkünfte treffen zu können, wurden Messungen von Höhe und Durchmesser sowie der Qualitätsentwicklung herangezogen. In den folgenden Ergebnisdarstellungen wurde eine Sortierung der Herkünfte nach der geografischen Länge vorgenommen (von West nach Ost), um einen möglichen Einfluss sichtbar zu machen (Abb. 10-12). Die detaillierte Beschreibung der Flächenanlage sowie der einzelnen Bewertungsschemas können bei ŠEHO et al. 2021 nachgelesen werden. Für die statistische Auswertung wurden die Mittelwerte der Stichprobe (\bar{x}) und die Standardabweichung (s) Überprüfung der Grundgesamtheit verwendet. Das genaue Vorgehen bei Mittelwertvergleichen sowie paarweisen Vergleichstests zwischen den Herkünften können unter ŠEHO et al. 2021 nachgelesen werden.

Tabelle 6: Angaben zu den zusätzlichen Herkünften auf der Fläche Fichtelberg (Bayern).

Abk.	Herkunft	Geo Br.	Geo Lg.	Höhe ü. NN
By-1	Füssen	47°43'N	10°42'E	984
By-2	Betzenstein	49°69'N	11°25'E	452
By-3	Fichtelberg	50°06'N	11°15'E	873
By-4	Selb	50°15'N	12°08'E	590
By-5	Mischung aus 2 Beständen, HkG 810 26	-	-	950-1300
By-6	Bad Kissingen	50°20'N	10°46'E	646
By-7	Mischung aus 3 Beständen, HkG 810 24	-	-	530-820

5.1 Wuchsrelevante Merkmale

Ein wichtiger Parameter, der in Herkunftsversuchen bewertet wird, ist der **Ausfall**. Er ist der erste Weiser dafür, ob sich die Herkunft an den neuen Standort etablieren kann. Dieser kann von verschiedenen Faktoren (z.B. Pflanzenqualität, Pflanzung, Witterung bei der Versuchsfächenanlage, Extreme Trockenheit und Frost) abhängen. Die Unterschiede beim Ausfall zwischen den beiden hier vorgestellten Versuchsfächen waren signifikant. Auf der Versuchsfäche Fichtelberg (20-23) in Bayern war tendenziell ein höherer Ausfall der Herkünfte aus dem westlichen Teil des Verbreitungsgebiets zu beobachten. Hohe Ausfälle (ca. 60%) waren bei der Herkunft *Gotze Delchev* (16) zu beobachten. Diese Herkunft stammt aus dem südlichsten Bereich des Untersuchungsgebietes und zeichnet sich durch einen frühen Austrieb aus. Auf der Versuchsfäche Liliental (20-22) in Baden-Württemberg zeigten die Herkünfte *Westfield* (17) und *Plateau du la Faye* (6) einen deutlich höheren Ausfall.

Auf der Versuchsfäche Fichtelberg wurde in den Jahren 2007, 2008, 2009 und 2015 verschiedene Beobachtungen zur **Phänologie** durchgeführt, um festzustellen, ob es Unterschiede zwischen den angebauten Herkünften gibt und ob diese relevant für das Wachstum und evtl. Spätfrostschäden sind. 2008 wurden drei Austriebsbonituren (24.04., 05.05, 14.05.2008) durchgeführt. Entsprechend einem sechsstufigem Boniturschlüssel begannen sich am 24.04. die Knospen zu strecken. Es zeigen sich deutliche Unterschiede zwischen den Herkünften. Als Frühaustreiber können danach die Herkünfte *Domazlice-Vyhl* (46), *Horni Plana-Ce* (51), *Postojna Masun* (53) und *Gotze Delchev* (16) gelten. Alle Herkünfte stammen aus Höhenlagen über 760 m ü. NN. Etwas später setzt der Austrieb der Knospen bei den Herkünften, die tendenziell aus tieferen Lagen stammen, *Perche* (1), *Plateau du Jura* (6), *Aarnik* (14), *By-7* (eine Mischung aus 3 Beständen) und *Betzenstein* (By-2) ein. Ein sehr ähnliches Bild zeigt sich auch bei den Aufnahmen in den anderen Jahren.

Für die Länge der Vegetationsperiode ist neben dem Austrieb auch von Bedeutung, wann der Blattfall bzw. die -verfärbung einsetzt. Dafür erfolgte eine Blattfallbonitur mit einem fünfstufigem Boniturschlüssel. Es fanden insgesamt drei Aufnahmen statt. Die Ergebnisse haben derzeit nur einen orientierenden Charakter: Der Laubfall und die -verfärbung bei den deutschen Herkünften *Betzenstein* (BY-2), *Selb* (By-4) und der österreichischen Herkunft *Eisenerz* (36) setzten früher ein. Später erfolgten diese bei den Herkünften *Soignes* (13), *Plateau du la Faye* (6), *Bad Urach* (31), *Füssen* (By-1) und *Alsted* (22).

Neben dem Ausfall ist das **Höhenwachstum** ein wichtiger Parameter, um die Entwicklung der Herkünfte an dem neuen Standort zu bewerten. In den nach Abschluss der Vegetationsperiode 2015 (Pflanzenalter 20 Jahre) erhobenen Höhenmesswerten, zeigten sich die Buchenherkünfte auf der Versuchsfäche Liliental deutlich raschwüchsiger (mittlere Höhe aller Versuchsglieder: 554 cm) als auf der Fläche Fichtelberg (379 cm). Es wird deutlich, dass die Versuchsfäche Liliental bewertet anhand der Beziehung Höhe/Alter eine höhere Standortsleistungskraft als Fichtelberg aufweist. Von den 12 auf beiden Flächen vertretenen Prüfgliedern entwickelte sich die Herkunft *Hinterstoder* (35) in der Höhe an beiden Standorten (Fichtelberg +22 %; Liliental +25 %) besser und unterscheidet sich signifikant von den weiteren Prüfgliedern, die auf beiden Flächen angebaut

wurden. Die Herkünfte *Westerfield* (17) und *Aarnik* (14), die sowohl in Fichtelberg als auch in Liliental signifikant am schlechtesten abschnitten, liegen im Durchschnitt mindestens 13 % unter dem Versuchsflächenmittel. Das Höhenwachstum der Herkünfte *Selb* (By-4), *Horni Plana-Ce.* (51), *Hinterstoder* (35), *Füssen/Siegsdorf* (By-5) und *Idrija-II/2, 14* (54) lag auf der Versuchsfläche Fichtelberg deutlich über dem Versuchsflächenmittel (Abb. 10). Der allgemeine Entwicklungstrend blieb bei diesen Herkünften an diesem Versuchsort jedoch annähernd konstant. Die absoluten Unterschiede in der Höhenentwicklung zwischen den Herkünften waren recht beträchtlich. So hatte bei der letzten Aufnahme die Herkunft *Tarnawa* (40) aus Polen eine mittlere Höhe von 240 cm erreicht. Im Gegensatz dazu hatte die Herkunft *Horni Plana-Ce.* (51) aus Tschechien als wüchsigste Herkunft eine Höhe von fast fünf Metern (474 cm) erreicht und war damit knapp doppelt so hoch wie die polnische Herkunft. Die Herkünfte *Tarnawa* (40), *Perche* (1), *Plateaux du la Faye* (6) und *Alsted* (22) zeigten mit geringen Abweichungen durchgängig signifikant unterdurchschnittliche Höhenentwicklungen.

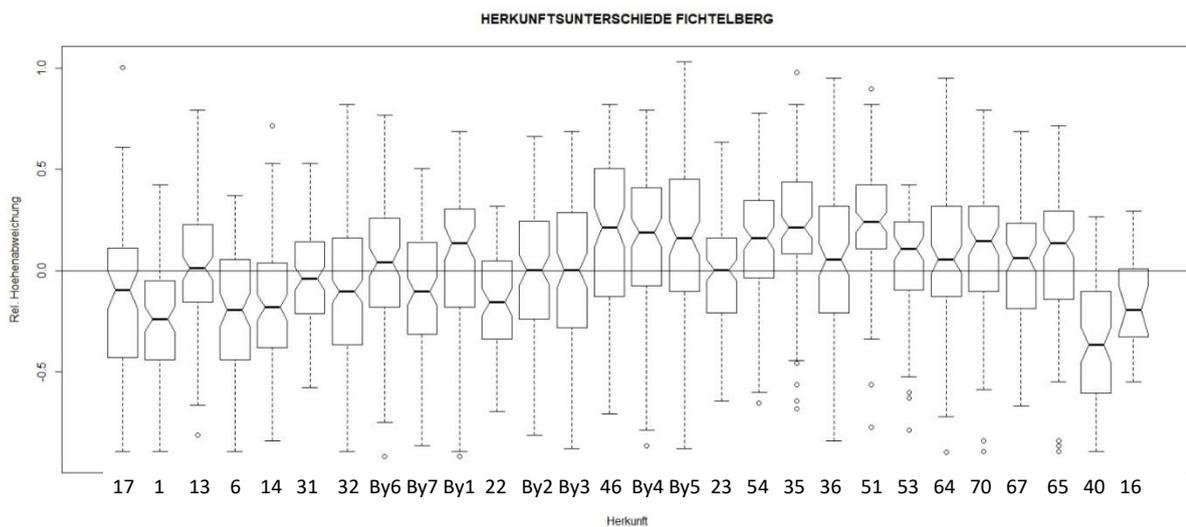


Abb. 10: Relative Höhenabweichung der Buchenherkünfte vom Versuchsflächenmittel im Alter 20 auf der Versuchsfläche Fichtelberg gereiht von West nach Ost der Einsammlungsorte.

Bei der Versuchsfläche Liliental traten ebenfalls beträchtliche absolute Unterschiede hinsichtlich der Höhe nach 20 Jahren auf. Allerdings ergibt sich hier eine nahezu vollständig andere Reihenfolge der Herkünfte nach der erreichten Höhe: Hier liegt die österreichische Herkunft *Hinterstoder* (35) mit durchschnittlich 693 cm im Höhenwachstum an der Spitze (Abb. 11). Ebenfalls signifikant besser als das Versuchsflächenmittel wuchsen die Herkünfte *Bad Urach* (31), *Oberwill* (34) und *Magyaregregy* (52). Die Herkunft *Gotze Delchev* (16) liegt über dem Versuchsflächenmittel. Umgekehrt zeigten im Liliental die Herkünfte *Westfield* (17), *Torup* (23), *Horni Plana-Ce.* (51), *Bordure Man* (2) und *Postojna Masun* (53) ein signifikant unterdurchschnittliches Höhenwachstum. Letztere bildete im Liliental das Schlusslicht mit lediglich 475 cm Höhe.

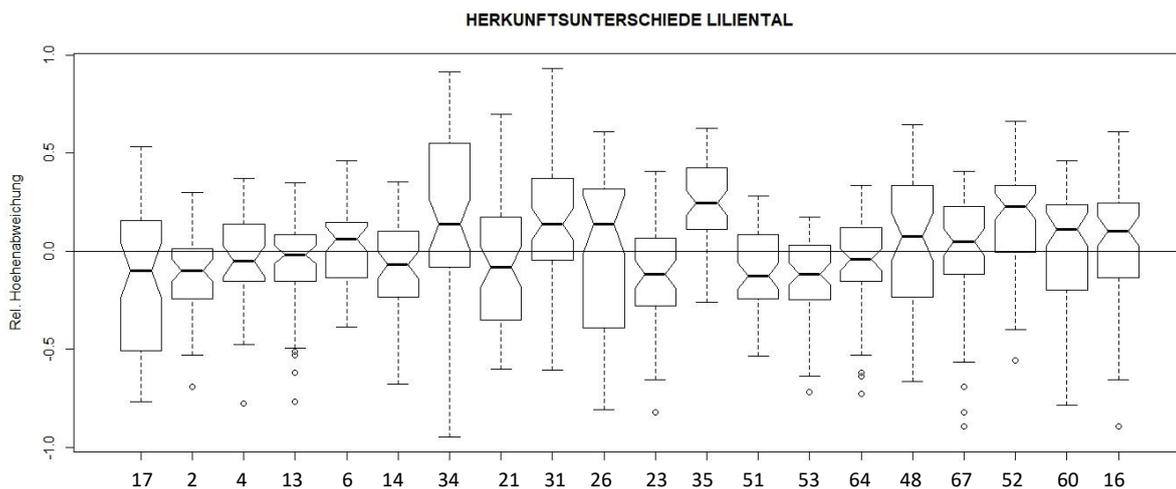


Abb. 11: Relative Höhenabweichung der Buchenherkünfte vom Versuchsflächenmittel im Alter 20 auf der Versuchsfläche Liliental gereiht von West nach Ost der Einsamlungsorte.

Die Vergleiche der standardisierten Mittelwerte des **Durchmessers** zeigen analog zu den Höhenentwicklungen deutliche unterschiedliche Rangfolgen der Herkünfte an den beiden Anbauorten. Dabei korrespondieren die BHD-Reihungen grob mit denen der Höhe. Auffällig ist, dass die Herkunft *Hinterstoder* (35) an beiden Anbauorten signifikant über dem jeweiligen Versuchsflächenmittel des BHD liegt.

Für die Versuchsfläche Liliental entwickeln sich die Durchmesserwerte von *Oberwill* (34), *Bad Urach* (31), *Hinterstoder* (35), *Magyaregregy* (52) signifikant über allen anderen Herkünften. Die Herkunft *Gotze Delchev* (16) liegt im Flächendurchschnitt und unterscheidet sich von einzelnen Herkünften signifikant.

5.2 Qualitätsrelevante Merkmale

Die Ergebnisse der **Stammformbonitur** zeigen, dass sich am Versuchsort Liliental deutlich bessere Stammformen ausgebildet haben (Abb. 12). Der mittlere Anteil der Herkünfte in den Stufen 1 bis 3 - also der durchschnittlichen bis besseren Individuen - liegt hier bei 45 %. In Fichtelberg hingegen beträgt dieser Wert lediglich 4 %, wobei hier die Herkünfte *Hinterstoder* (35) bzw. *Füssen* (By-1) mit 16 % bzw. 10 % in den Formstufen 1 bis 3 noch die besten Stammformen aufweisen. Interessanterweise weist die Herkunft *Hinterstoder* (35) auch auf der Versuchsfläche Liliental mit einem Anteil der Pflanzen von rund 70 % in den Stufe 1 bis 3 die besten Formen auf. Erheblich schlechtere Stammformen zeigen die Herkunft *Bad Urach* (31) und die englische Herkunft *Westfield* (17), deren Anteil an geraden bis durchschnittlichen Buchen im Liliental nur bei 23 % liegt. Auch nach den Ergebnissen der **Zwieselbonitur** fällt in Liliental der Anteil von Buchen mit verwendungstechnisch guten Schaftformen (kein Zwiesel bis maximal 1 Zwiesel) mit 18 % der Bäume in diesen beiden Kategorien deutlich höher aus als in Fichtelberg. Dabei gibt es zwischen den Herkünften aber eine breite Spanne von 7 % (Herkunft *Magyaregregy* (52) bis hin zu 40 % (Herkunft *Plateau du la Faye* (6) aus Frankreich). Auf der Versuchsfläche Fichtelberg fiel der Anteil verwendungstechnisch günstig einzustufender Schaftformen (im Mittel 3 % in Zwieselstufen 1-2) insgesamt deutlich geringer aus.

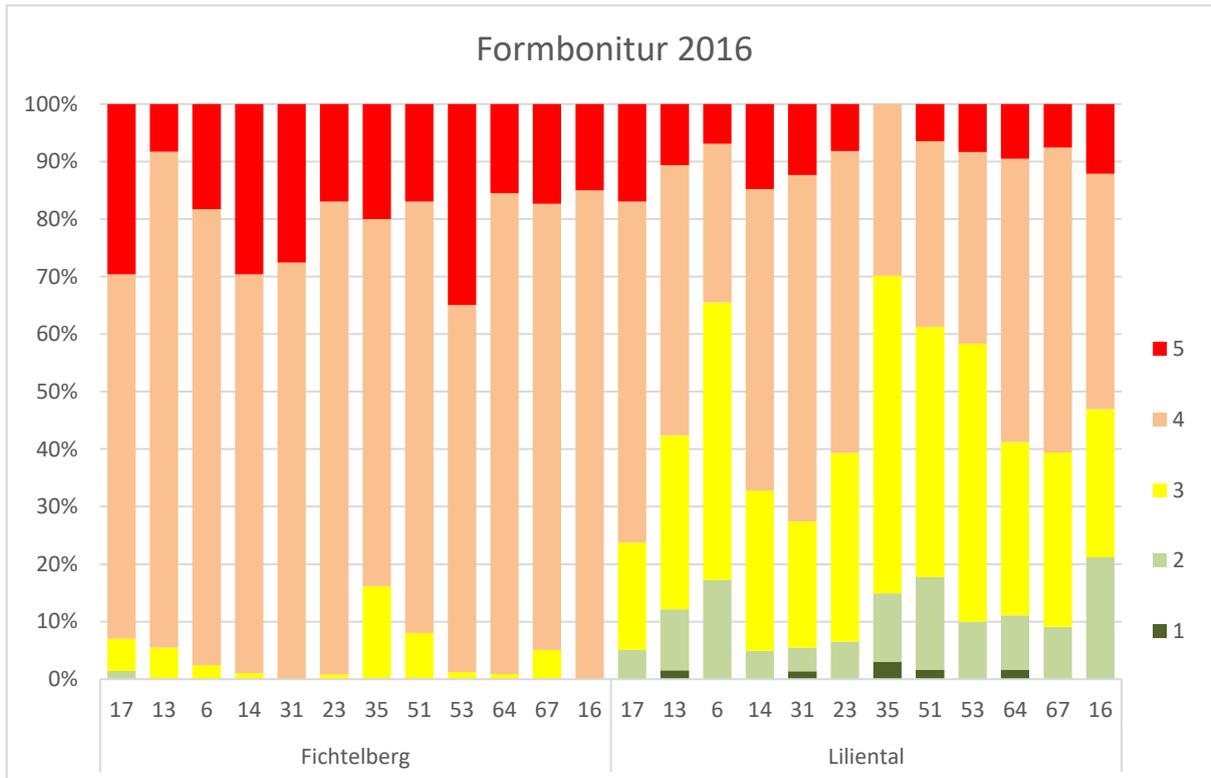


Abb. 12: Prozentuale Verteilung der 5-stufigen Formbonitur nach Herkünften auf den Versuchsflächen Fichtelberg und Liliental (zwölf gemeinsame Prüfglieder; Boniturstufen: 1= gerade, 2= besser als Durchschnitt, 3= durchschnittlich, 4= schlechter als Durchschnitt, 5= sehr schlecht).

5.3 Fazit

Im Rahmen dieser Untersuchung wurden 36 Buchenherkünfte an zwei Standorten in Süddeutschland verglichen, die im Rahmen des internationalen Buchenherkunftsversuchs 1996/98 angebaut wurden. Ziel der vorliegenden Arbeit ist der Vergleich verschiedener Herkünfte unter kalt-trockenen klimatischen Bedingungen (Fichtelberg/Fichtelgebirge) und warm-trockenen Klimabedingungen (Liliental/Kaiserstuhl bei Freiburg). Die Studie vergleicht Wachstum, phänologische und qualitätsrelevante Eigenschaften der verschiedenen Herkünfte im Alter von 20 Jahren.

Herkünfte aus Österreich, Tschechien, Deutschland, Ungarn, Slowenien und Bulgarien zeigen gute Wachstumseigenschaften (Höhe und Durchmesser). Es zeigt sich, dass bei der Entwicklung der Herkünfte je nach Standort der Gradient (Ost-West oder Nord-Süd) in Verbindung mit der Höhenlage des Herkunftsortes berücksichtigt werden sollten. Auf der Versuchsfläche Fichtelberg war tendenziell ein höherer Ausfall der Herkünfte aus dem westlichen Teil des Verbreitungsgebiets zu beobachten. Ein besonders hoher Ausfall wurde bei der südlichsten Herkunft *Gotze Delchev* (16) beobachtet. Diese Herkunft könnte ein mögliches Beispiel für eine Transfergrenze südlicher Herkünfte ins raue Fichtelgebirge darstellen.

Auf der Versuchsfläche Fichtelberg schneiden im Höhen- und Durchmesserwachstum die östlichen Herkünfte auf höheren Lagen tendenziell besser ab. Im Liliental schneiden die Herkünfte aus dem Westen oder Südosten und einer tieferen Lage besser ab. Durchmesser und Höhenwachstum der Herkunft *Hinterstoder* (35, Österreich) waren auf beiden Versuchsflächen im Vergleich zu allen anderen Herkünften signifikant besser. Diese Herkunft kann daher als „Generalist“ eingestuft werden. Trotz der deutlich unterschiedlichen Umweltbedingungen der beiden Versuchsstandorte zeigt diese Herkunft ein überdurchschnittliches Höhenwachstum. Bei den Unterschieden im Austrieb konnte ein Einfluss der Höhenlage beobachtet werden.

Die Ergebnisse der Bewertung von qualitätsrelevanten Merkmalen sollte als ein erster Hinweis dienen. Es wird deutlich, dass die Differenzierung im Alter von 20 Jahren auf den beiden in Süddeutschland gelegenen Versuchsflächen sehr unterschiedlich ist und zum späteren Zeitpunkt erneut bewertet werden sollte. Als positives Beispiel kann die Herkunft *Hinterstoder* (35) gewertet werden. Die Herkunft wies auf der Versuchsfläche Liliental mit einem Anteil der Pflanzen von rund 70 % in den Stufe 1 bis 3 die besten Formen auf. Basierend auf den Ergebnissen dieser Herkunftsversuche sollte die Anlage weiterer Versuche diskutiert werden.

6 Physiologischen Differenzierung am Beispiel einer Fläche im Fläming des internationalen Herkunftsversuches von 1996/98

Neben den phänologischen und waldwachstumskundlichen Merkmalen der einzelnen Buchenherkünfte stellte sich die Frage, inwieweit auch Unterschiede in physiologischen Merkmalen bestehen. Von besonderem Interesse waren dabei unterschiedliche anpassungsrelevante Merkmale des Sekundärstoffwechsels (insbesondere Phenolstoffwechsel) und der Trockenstresstoleranz.

Diesen Fragen wurden am Beispiel des 20-jährigen Herkunftsversuches auf der Herkunftsversuchsfläche Nedlitz im Fläming, Revier Golmenglin (heute Forstbetrieb Anhalt, Revier Hoher Fläming) an der Grenze zwischen Sachsen-Anhalt und Brandenburg nachgegangen.

In den Jahren 2016 und 2018 wurde untersucht, inwieweit sich Buchen aus dem europäischen Verbreitungsgebiet auch unter optimalen Wuchsbedingungen phänotypisch hinsichtlich der Ausstattung mit stoffwechselphysiologisch relevanten Blattinhaltsstoffen auf dem mitteldeutschen Standort unterscheiden.

6.1 Probengewinnung und Untersuchungsparameter

Für die Analysen wurden in beiden Versuchsjahren neun der 33 Herkünfte aus dem gesamten Verbreitungsgebiet der Rot-Buche von klimatisch sehr unterschiedlichen Standorten (Details s. Tabellen 4 bis 6) ausgewählt. Im niederschlagsreichen Sommer 2016 und im Trockenjahr 2018 wurden jeweils 15 vorherrschende Buchen je Herkunft (je 5 Bäume aus 3 Parzellen) beprobt. Für die physiologischen/ biochemischen Untersuchungen wurde das Blattmaterial hinsichtlich seiner Gehalte an Chlorophyllen a+b, Carotinoiden, Kohlenhydraten, Stärke, phenolischen Inhaltsstoffen, Aminosäuren, Ascorbinsäure und Proteinen analysiert und die Osmolalität des Blattpresssaftes bestimmt (Methodenübersicht siehe KÄTZEL et al. 2021).

6.2 Herkunftsbedingte Unterschiede im Phenolstoffwechsel

Phenole sind im Pflanzenreich weit verbreitet und die am häufigsten vorkommenden Sekundärmetaboliten von Pflanzen. Polyphenole haben z.B. aufgrund ihrer starken antioxidativen Eigenschaften wichtige Funktionen in der Stressanpassung (HARBORNE 1980).

Untersucht wurden die Gehalte an *Folin-positiven Verbindungen* (als gesamtphenolische Inhaltsstoffe), *Vanillin-positiven Verbindungen* und *Procyanidinen* (als kondensierte Phenole/Tannine und deren Vorstufen) sowie *ortho-Dihydroxyphenole* als niedermolekulare Verbindungen. Die Synthese dieser Substanzen unterliegt i. d. R. einer starken genetischen Kontrolle. Es ist daher nicht überraschend, dass sich das Gesamtkollektiv der Buchen in herkunftsspezifisch distinkt verschiedene Gruppen differenziert.

Insgesamt lassen sich für alle phenolische Verbindungen grob drei „Phenolgruppen“ unterscheiden:

- Gruppe 1: geringe Phenolgehalten: *Gotze Delchev* (BG), *Eisenerz* (AT), *Belzig* (DE)
- Gruppe 2: mittlere Phenolgehalte: *Pyrénées* (FR), *Pidkamin* (UA), *Plateaux* (FR)
- Gruppe 3: hohe Phenolgehalte: *Jablonec* (CZ), *Jawornik* (PL), *Farchau* (DE)

Für die Blattgehalte an Folin-positiven Verbindungen sind die differenzierten Phenolgruppen in den Abbildung 13 und der Tabelle 7 dargestellt.

Unter den Trockenbedingungen des Jahres 2018 nahmen die Phenolgehalte bei allen Herkünften ab. Dabei ist der Abfall insbesondere bei der Gruppe 3 mit den ursprünglich höchsten Gehalten am größten. Die Gruppenzugehörigkeiten blieben jedoch mit Ausnahme der französischen Herkunft aus *Pyrénées* erhalten. Hier nahmen die Gehalte an Folin-positiven Verbindungen nur geringfügig ab, so dass die Rangposition innerhalb des Gesamtkollektivs relativ steigt (Abb. 13).

Tabelle 7: Mittelwerte der Blattgehalte an Folin-positiven Verbindungen differenziert nach Herkünften und Rangfolgen und statistisch signifikante Gruppenzugehörigkeit.

Jahr Herkunft	2016			2018		
	Mittelwert $\mu\text{mol/mg TM}$	Rang	Signifikanz- gruppe	Mittelwert $\mu\text{mol/mg TM}$	Rang	Signifikanz- gruppe
Belzig	335,7	7	a, b	276,9	8	a, b
Farchau	408,8	1	e	338,9	2	d
Pyrénées	351,9	6	b, c, d	325,7	3	d
Plateaux	380,3	4	c,d,e	319,8	5	c, d
Gotze Delchev	286,8	9	a	255,5	9	a
Pidkamin	369,9	5	c,d,e	312,2	6	b, c, d
Jablonec	385,0	3	c, d,e	320,5	4	c, d
Eisenerz	314,3	8	a, b	284,1	7	a, b, c
Jawornik	392,9	2	d, e	339,0	1	d

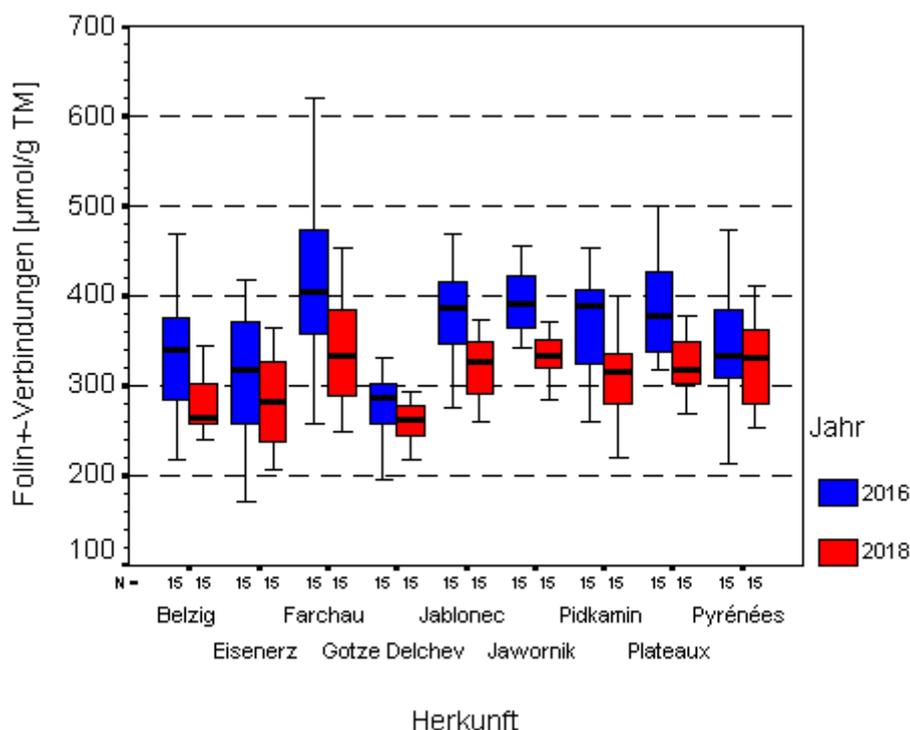


Abb. 13: Gehalte an Folin-positiven Verbindungen in den Buchenblättern in den Untersuchungsjahren 2016 und 2018 differenziert nach Herkünften.

6.3 Reaktionen auf Trockenstress

Durch die extreme Trockenheit des Jahres 2018 bot sich die Möglichkeit, die Buchen zum zweiten Mal zu beproben und hinsichtlich ihrer Trockenstressreaktionen unter Freilandbedingungen im Vergleich zum niederschlagsreichen Jahr 2016 zu bewerten.

Entsprechend der bekannten Stresskaskade unter Wassermangelbedingungen (KÄTZEL und LÖFFLER 2014) waren insbesondere Veränderungen in Blattgehalten an Kohlenhydraten, Aminosäuren und photosynthetisch aktiven Pigmenten zu erwarten.

Unter den Trockenbedingungen des Jahres 2018 nahmen die **Chlorophyllgehalte** generell ab, mit den geringsten Werten bei den Buchenblättern der ukrainischen Herkunft *Pidkamin* (MW=6,66 mg/g TM). Die signifikant höchsten Chlorophyllgehalte enthielten die Blätter der Buchen der Herkünfte aus *Belzig* (DE: MW=7,45 mg/g TM), *Eisenerz* (AT: MW=7,36 mg/g TM) und *Pyrénées* (FR: MW=7,17 mg/g TM) (Abb. 14). Dabei ist zu berücksichtigen, das auch unter den optimalen Wuchsbedingungen des Jahres 2016 die geringen Werte der ukrainischen Herkunft *Pidkamin* (6,66 mg/g TM) und den höchsten Gehalten in den beiden französischen Herkünften *Plateaux* (MW=7,99 mg/g TM) und *Pyrénées* (MW=8,16 mg/g TM) sowie der österreichischen Herkunft *Eisenerz* (MW=8,34 mg/g TM) bei einer generell hohen Streuung der Werte, auffiel (Abb. 14).

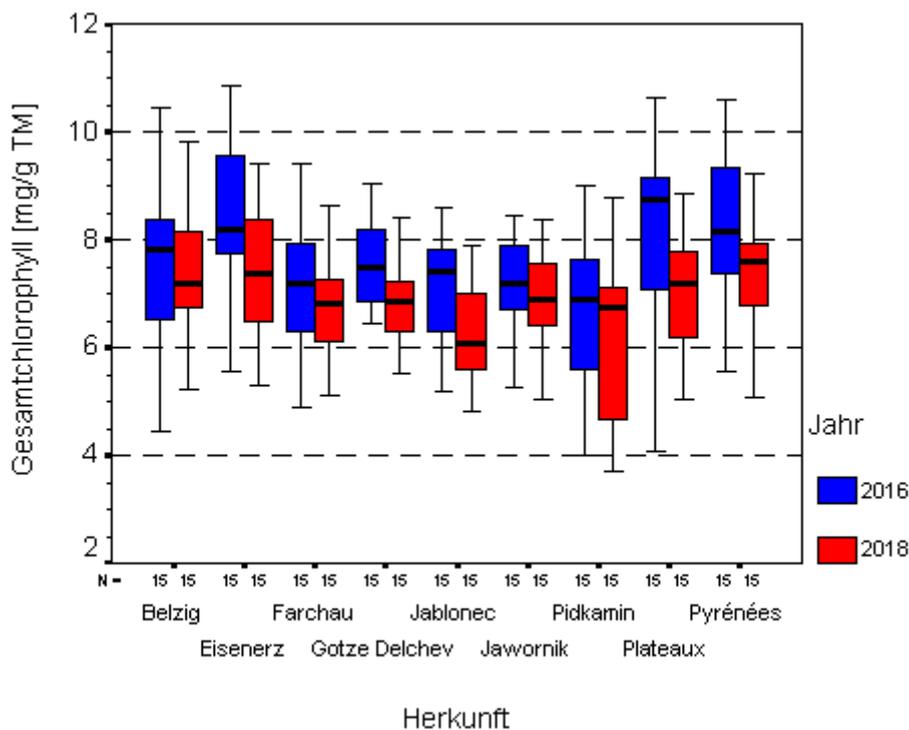


Abb. 14: Gehalte an Gesamtchlorophyll in den Buchenblättern in den Untersuchungsjahren 2016 und 2018 differenziert nach Herkünften.

Innerhalb der osmotisch wirksamen Substanzen nimmt die freie, ungebundene **Aminosäure Prolin** eine Sonderstellung ein, da sie bei einer Vielzahl von Organismen unter Stressbedingungen akkumuliert wird (z. B. ASPINALL und PALEG 1981; STEWART 1981; TESCHE 1987). Hier dargestellt werden die prozentuale Prolinanteile (gemessen an dem Gesamtgehalt löslicher Aminosäuren). Erwartungsgemäß waren die Prolingehalte unter den günstigen Wuchsbedingungen des Jahres 2016 gering. Unter den Trockenstressbedingungen des Jahres stiegen die Prolingehalte teilweise um ein Mehrfaches an. Aufgrund der hohen baumindividuellen Streuungen erreichten

die Unterschiede zwischen den Herkünften jedoch nicht das geforderte Signifikanzniveau. Die höchsten Mittelwerte der Prolingehalte wurde in den Herkünften aus *Belzig* (DE: MW=14,51 %) und *Jablonec* (CZ: MW=14,39 %) gemessen. Aber auch die beiden französischen Herkünfte akkumulierten hohe Prolinanteile (*Plateaux*: MW=13,70 %; *Pyrénées*: MW=13,48 %). Die höchste Streuung bestand zwischen den Buchen innerhalb der ukrainischen Herkunft aus *Pidkamin* (Abb. 15).

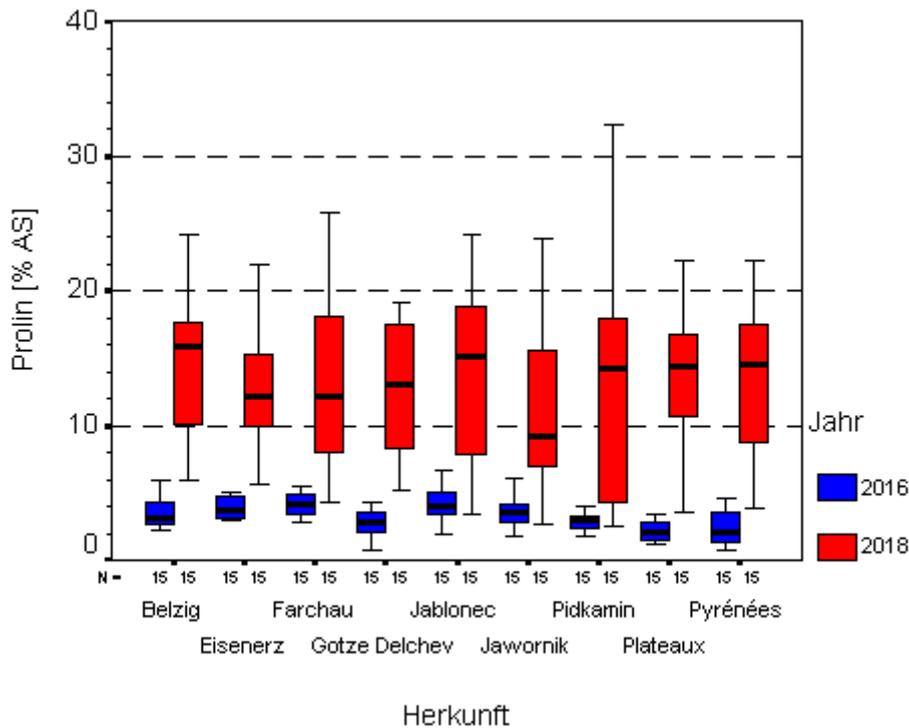


Abb. 15: Prozentuale Anteile der Aminosäure Prolin an den Gesamtgehalten an freien Aminosäuren in den Buchenblättern in den Untersuchungsjahren 2016 und 2018 differenziert nach Herkünften.

Ob die Anpassungsreaktionen während der Alarmphase der Stressreaktion erfolgreich waren, zeigt sich u. a. am **Wassergehalt der Blätter**. Bei guter Wasserversorgung im Jahr 2016 enthielten die Buchenblätter einen relativen Wassergehalt von 51,9 % (*Jawornik*, PL) und 54,7 % (*Pyrénées*, FR). Die geringeren Mittelwerte der Herkünfte aus *Jawornik* (PL) und *Farchau* (DE) unterschieden sich signifikant von den höheren Blattwassergehalten aller anderen Herkünfte.

Im Trockenjahr 2018 sanken die Mittelwerte der Wassergehalte mit Ausnahme der polnischen Herkunft bei allen anderen Buchen leicht ab, mit Mittelwerten zwischen 52,7 % (*Farchau*, DE) und 54,7 % (*Pyrénées*, FR). Die geringen Unterschiede waren weder zwischen den Herkünften noch zwischen den Untersuchungsjahren signifikant (Abb. 16).

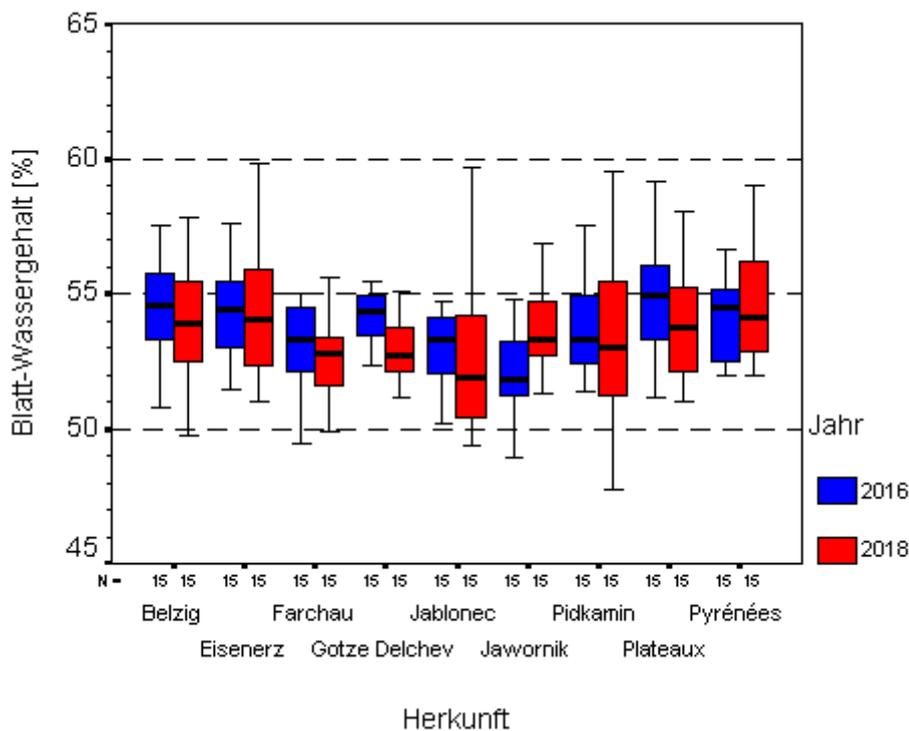


Abb. 16: Prozentualer Wassergehalt im Bezug zum Frischgewicht in den Buchenblättern in den Untersuchungsjahren 2016 und 2018 differenziert nach Herkünften.

Insgesamt belegen die untersuchten Biomarker erfolgreiche Anpassungsprozesse an den osmotischen Stress des Jahres 2018 mit großen baumindividuellen Unterschieden innerhalb der untersuchten Herkünfte. Es ließen sich auf der Grundlage der Einzelparameter jedoch kaum eindeutige Unterschiede auf der Ebene der Herkünfte finden. Unterschiede bestanden jedoch in der Intensität der Reaktionen.

Daher wurden die Einzelbäume unabhängig von ihrer Herkunft sogenannten *biochemischen Mustern* zugeordnet werden, die eine spezifische physiologischen Vitalitätsgruppe repräsentieren. Da die untersuchten biochemischen Inhaltsstoffe auch einige interkorrelative Beziehungen zeigten, wurden mit Hilfe einer Faktorenanalyse die wechselseitig korrelierten Variablen auf wenige, voneinander unabhängige Variablengruppen (Faktoren) reduziert. Trotz der Parameterreduktion sollte der Informationsverlust möglichst geringgehalten werden. Durch die Hauptkomponentenanalyse wurde das Spektrum auf jene Biomarker eingegrenzt, die den größten Beitrag zur Beschreibung des physiologischen Zustandes leisten. Unter Berücksichtigung des Kaiserkriteriums (Eigenwerte > 1) und Unterdrückung der Absolutwerte < 0,4 wurden aus den 13 Biomarkern der beiden Untersuchungsjahre drei Faktoren extrahiert, die 72 % der Gesamtvarianz erklären (Tabelle 8).

Die Bezeichnung der einzelnen Faktoren entspricht in der Regel dem biochemischen Parameter, der mit höchster Faktorladung in den entsprechenden Faktor eingeht bzw. einem äußeren Einflussfaktor, der diese Parameterkonstellation ausgelöst hat (z. B. Trockenstress, oxidativer Stress) (Tabelle 8).

Tabelle 8: Bezeichnung der drei extrahierten Faktoren auf Grundlage der physiologischen Interpretation (in Klammern: erklärte Varianz der Einzelfaktoren) zusammen mit den in den Faktoren enthaltenen Biomarkern mit den größten Korrelationskoeffizienten.

Faktor 1 (34,5 %) Oxidativer Stress-Faktor	Faktor 2 (28,7 %) Phenol-Faktor	Faktor 3 (8,8 %) Wasser(-stress)-Faktor
Chlorophyll-Carotinoid-Verhältnis (-0,81)	Folin-pos. Verb. (0,93)	Stärke (-0,85)
Ges. Chlorophyll (-0,80)	o-Dihydroxyphenole (0,91)	∑ löslicher AS (0,75)
Ges. Ascorbat (0,73)	Procyanidine (0,81)	Prolin % (0,75)
Kohlenhydrate (0,73)	Proteine (-0,59)	Freie Aminosäuren (0,75)
Blatt-Wassergehalt (-0,65)		Osmolalität (0,55)

Unter Einbeziehung der drei Faktoren aus der Faktoranalyse wurde eine Clusteranalyse durchgeführt und sechs verschiedene Cluster identifiziert, denen sich alle Buchen der beiden Untersuchungsjahre einzeln zuordnen lassen (Tabelle 8).

In 67 Fällen wurden die Buchen dem **Cluster 1** zugeordnet. Die Werte für den Faktor 1 als Indikator für oxidativen Stress sind in dieser Gruppe leicht erhöht. Diese Bäume zeichnen sich durch den signifikant geringsten Gehalt an phenolischen Inhaltsstoffen aus (Faktor 2). Bei diesen Bäumen traten keine Trockenstressreaktionen (Faktor 3) auf (Tabelle 8 gelb-grüne Einfärbung in den Abb. 17 und 18).

Dem **Cluster 2** wurden 34 Fälle zugeordnet, die nur im Jahr 2016 auftraten und durch eine signifikant hohe Ausprägung des Faktors 2 (phenolische Inhaltsstoffe) charakterisiert sind. Die stressphysiologisch relevanten Faktoren 1 und 3 sind mit geringen Werten unauffällig (Tabelle 8; blaue Einfärbung in den Abb. 17 und 18).

Dem **Cluster 3** wurden 49 Fälle zugeordnet, bei denen der Wert für den oxidativen Stress (Faktor 1) am höchsten und für die Faktor 2 am zweithöchsten ist. Der Wert für den Faktor 3 ist ähnlich gering wie bei den Bäumen des Clusters 1 (Tabelle 8; gelbe Einfärbung in den Abb. 17 und 18).

Nur 17 Fälle wurden dem **Cluster 4** zugeordnet. Es repräsentiert die Buchen mit den besten Vitalitätszuständen, die nur im Untersuchungsjahr 2016 vorgefunden wurden. Sie sind durch einen hohen Chlorophyllgehalt (geringer Wert für Faktor 1), einen mittleren Phenolgehalt (Faktor 2) und einen unauffälligen Wert für den trockenstressrelevanten Faktor 3, der auch dem des Clusters 2 entspricht, ausgestattet (Tabelle 8; dunkelgrüne Einfärbung in den Abb. 17 und 18).

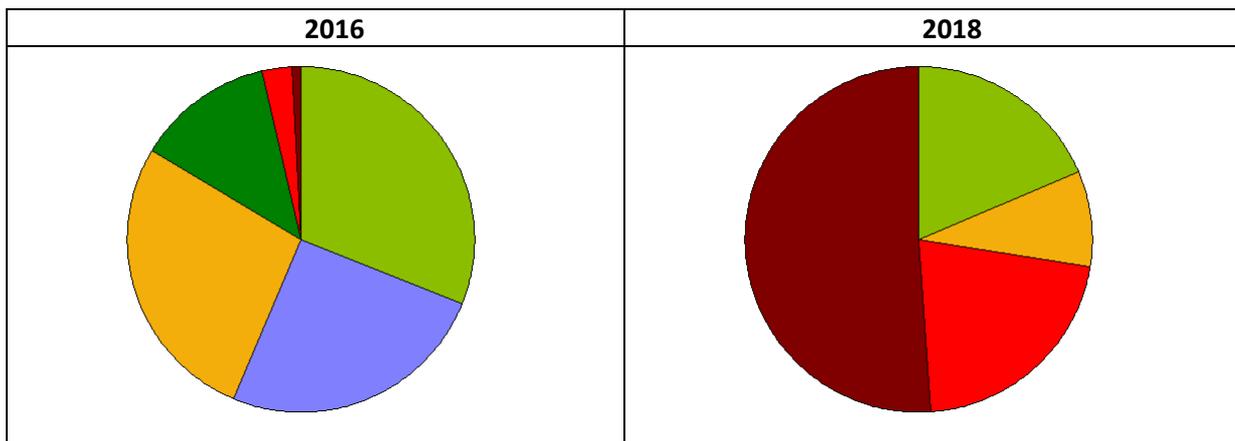
Dem **Cluster 5** wurden 33 Fälle mit der stärksten Trockenstressreaktion (Faktor 3) zugeordnet. Die Faktoren für den oxidativen Stress und die Ausstattung mit phenolischen Inhaltsstoffen nehmen mittlere bzw. geringere Werte ein (Tabelle 8; rote Einfärbung in den Abb. 17 und 18).

Die 70 Fälle, die dem **Cluster 6** zugeordnet wurden, repräsentieren Buchen mit den stärksten Anzeichen für oxidativen Stress (z.B. überdurchschnittlich hohe Gehalte an Carotinoiden und Ascorbat, Faktor 1) und gleichzeitig den zweithöchsten Wert für den trockenstressanzeigenden Faktor 3. Der verminderte Phenolgehalt entspricht dem des Clusters 5 (Tabelle 8; dunkelrote Einfärbung in den Abb. 17 und 18).

Vergleicht man die beiden Untersuchungsjahre unabhängig von der Herkunft der Buchen, so zeigt sich, dass unter den optimalen Wuchsbedingungen des Jahres 2016 die Buchen den sechs Clustern resp. biochemischen Mustern mit unterschiedlichen Anteilen zugeordnet wurden. Der überwiegende Teil der Buchen differenziert sich in den Clustern 1, 2, 3 und 4. Nur sehr wenige Bäume wurden den stressanzeigenden Clustern 5 und 6 zugeordnet.

Im Trockenjahr 2018 überwiegt dagegen der Anteil der Buchen, der ein stressphysiologisches Muster der Inhaltsstoffe aufweist (Cluster 5 und 6). Die Cluster 2 und 4, die sich u.a. durch hohe Chlorophyll- und Phenolgehalte auszeichnen, kommen nicht mehr vor. Nur wenige Buchen werden den Clustern 1 und 3 zugeordnet, die sich durch geringe und mittlere stressphysiologische Zustände auszeichnen (Abb. 17).

Abb. 17: Zuordnung aller untersuchten Buchen in die sechs ermittelten Cluster in Abhängigkeit der Untersuchungs-jahre; Darstellung der Anzahl der Bäume pro Cluster als Häufigkeitskreisdiagramm (hellgrün - Cluster 1, blau – Cluster 2, orange - Cluster 3, dunkelgrün – Cluster 4, rot – Cluster 5, dunkelrot- Cluster 6).



Differenziert man die Clusterzuordnungen der Einzelbäume nach ihrer Herkunft so wurden auf der Versuchsfläche im Fläming im Jahr 2016 die meisten Buchen der beiden französischen Herkünfte *Plateaux* und *Pyrénées*, gefolgt von den Bäumen der österreichischen Herkunft *Eisenerz* dem Cluster 4 (dunkelgrün) mit dem optimalen Biomarkermuster zugeordnet. Buchen mit einer ebenfalls günstigen Konstellation von Blatthaltstoffen und sehr geringen Phenolgehalten (Cluster 1, gelb-grün) gehören überwiegend zu den Herkunftsn *Gotze Delchev* (BG), *Belzig* (DE) und *Eisenerz* (AT) (Abb. 18).

Wie bei keiner anderen Herkunft zeigten sich im Untersuchungskollektiv der österreichischen Herkunft *Eisenerz* die größten Gegensätze in den biochemischen Mustern. Zum einen wurden die meisten Buchen den physiologisch günstigen Clustern 1 und 4 zugeordnet, zum anderen war hier auch der Anteil der Buchen mit den stressanzeigenden Clustern 5 und 6 am höchsten. Mit Zuordnungen zu sechs unterschiedlichen Clustern zeigte diese Herkunft die höchsten biochemischen Varianzen innerhalb des Untersuchungskollektivs (Abb. 18).

Im Gegensatz dazu wurden die Buchen der polnische Herkunft *Jawornik* nur zwei Clustern (2 und 3) zugeordnet, die sich nur durch die unterschiedliche hohen Phenolgehalte unterschieden. Eine ähnliche günstige Konstellation wies die deutsche Herkunft aus *Farchau* auf, wo zusätzlich Buchen des Clusters 1 mit geringsten Phenolgehalten hinzukamen.

Aufgrund der hohen Anzahl von Buchen mit hohen Phenolgehalten wurden dem Cluster 2 besonders viele Bäume der Herkunftsn *Jablonec* (CZ), *Jawornik* (PL) und *Farchau* (DE) zugeordnet (Abb. 18).

Unter den Trockenstressbedingungen des Jahres 2018 nahm die Vielfalt der biochemischen Muster deutlich ab und die Herkunftsn zeigten ähnliche Anteile in den Verteilungen der stressanzeigenden Cluster 5 und 6. Der höchste Anteil mit Buchen des günstigen Clusters 1 wurde in der bulgarischen Herkunft *Gotze Delchev* nachgewiesen, während im Baumkollektiv der französischen Herkunft aus *Plateaux* keine einzige Buche stressarme biochemische Muster aufwies. Interessanterweise wurden aus der deutschen Herkunft *Farchau* mehr Bäume diesem relativ stressarmen Cluster geordnet wie der heimischen Herkunft aus *Belzig* (Abb. 18).

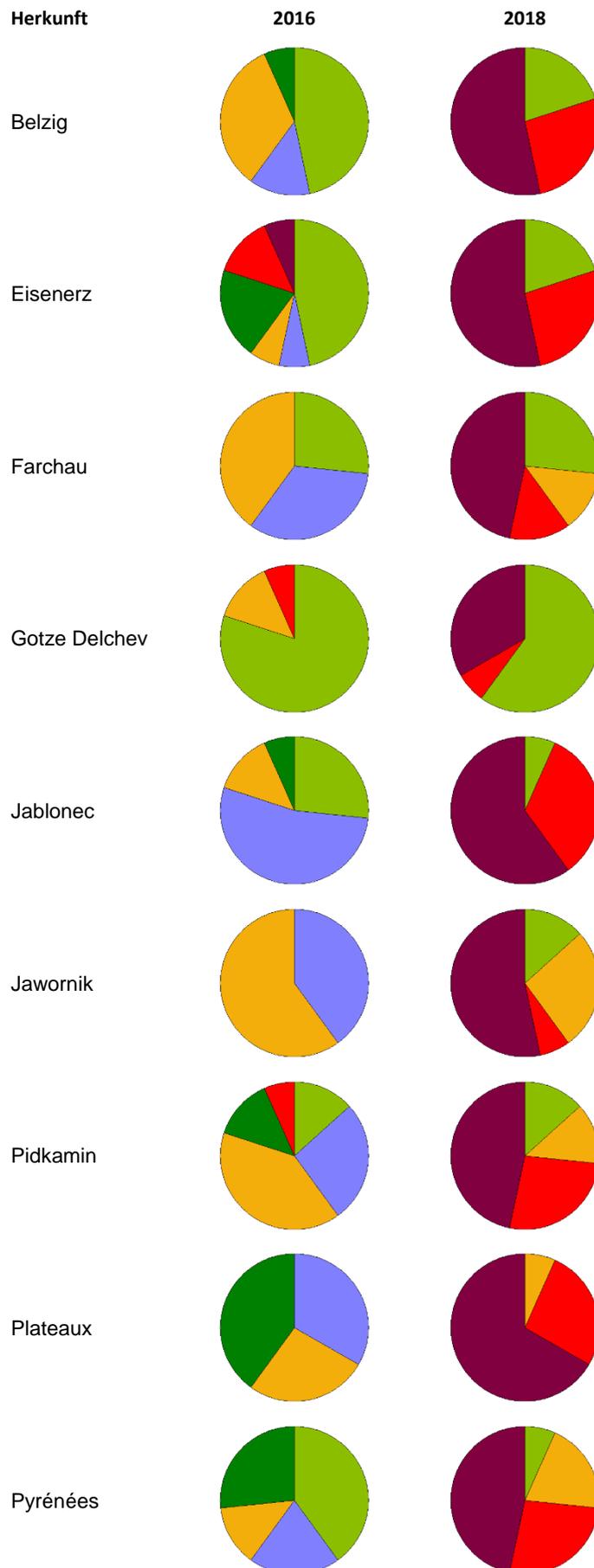


Abb. 18: Zuordnung aller untersuchten Buchen in die sechs ermittelten Cluster in Abhängigkeit der Untersuchungsjahre und Herkünfte; Darstellung der Anzahl der Bäume pro Cluster als Häufigkeitskreisdiagramm (gelbgrün - Cluster 1, lila – Cluster 2, orange - Cluster 3, dunkelgrün – Cluster 4, rot – Cluster 5, dunkelrot- Cluster 6).

6.4 Fazit

Innerhalb des Verbreitungsgebiets der Buche haben sich unterschiedliche physiologische Ökotypen entwickelt, die sich insbesondere in der Ausstattung mit phenolischen Inhaltsstoffen widerspiegelt. Hier wurden drei unterschiedliche Gruppierungen gefunden, die sich jedoch nicht in geografische Zonen abgrenzen lassen. Übereinstimmungen bestehen bei den beiden französischen Herkünften, die der Gruppe „mittlerer Phenolgehalte“ und bei der polnischen und tschechischen Herkunft, die der Gruppe „hoher Phenolgehalte“ zugeordnet wurden. Die Ursachen für die signifikant unterschiedlichen Phenolgruppen der beiden deutschen Herkünften *Belzig* (Gruppe 1) und *Farchau* (Gruppe 3) sind derzeit nicht zu klären.

Die Trockenheit im Jahre 2018 löste unabhängig von der Herkunft Trockenstressreaktionen aus, die zu einer Vereinheitlichung der biochemischen Muster führte. Alle untersuchten Buchen folgen bei Wassermangel einer klassischen Stresskaskade, die durch charakteristische Konzentrationsänderungen einer Reihe von Inhaltsstoffen gekennzeichnet ist, und bereits bei anderen Baumarten beschrieben wurde (KÄTZEL und LÖFFLER 2014).

Die insgesamt erfolgreiche Osmoregulation der Blätter im Sommer 2018 wird letztlich an den Blattwassergehalten deutlich, die trotz der Trockenheit auch kaum abfielen. Diese überlebenswichtigen Anpassungs- und Stressreaktionen überlagerten die biochemische Vielfalt der biochemischen Muster des Jahres 2016.

Im Rahmen des europäischen Forschungsnetzwerkes STREeSS (*Studying Tree Response to Extreme Events*) zeigte sich, dass junge Buchen aus trockeneren Herkunftsgebieten bei extremer Trockenheit eine höhere Toleranz aufwiesen (<http://streess-cost.eu>). Dabei bestand eine deutliche Altersabhängigkeit. Bei älteren Buchen traten Cavitationen (Luft Eintritt in die Leitungsbahnen) deutlich häufiger auf als bei Jungpflanzen. SCHRAMML und RENNENBERG (2002) berichten ebenfalls, dass sich europäische Buchenprovenienzen aus trockeneren Regionen besser an Wassermangel anpassen können als Herkünften auf feuchten Habitaten. Dass sich diese Aussage auf der Herkunftsebene nicht verallgemeinern lässt, zeigt sowohl die hohe Sensitivität als auch der reduzierte Wachstumserfolg der französischen Herkunft *Plateaux*.

Die heimischen Buchen aus *Belzig* nahmen hinsichtlich ihrer Wuchseistung vordere (BHD) und mittlere Ränge (Baumhöhe) ein. Die Trockenstressreaktion 2018 leiteten sie mit einem starken Anstieg der Osmolalität ein, wobei sowohl die Stärke-, Blattwasser- als auch die Chlorophyllgehalte noch immer auf einem vergleichsweise hohen Niveau verblieben. Angesichts dieser positiv zu bewertenden Anpassungsreaktionen überraschten die überdurchschnittlich hohen Gehalte an freien Aminosäuren und Prolin, die eine starke Stressreaktion belegen. In der Gesamtschau der Biomarkermuster rangiert die heimische Herkunft mit einem relativ hohen Anteil an Buchen, die den Clustergruppen 5 und 6 zugeordnet wurden, auf dem Niveau der österreichischen Herkunft *Eisenerz* und hinter den Herkünften aus *Farchau* und *Gotze Delchev*.

Die Betrachtung der einzelbaumbasierten physiologischen Muster jeder Herkunft zeigt, dass die Selektion von trockenstresstoleranten Individuen bzw. Beständen erfolversprechender ist als die Empfehlung von Herkunftsgebieten. Bei der Darstellung der Ergebnisse wurde bewusst die Namen der Erntepopulationen in den einzelnen Ländern genannt, da aus den Ergebnissen der jeweils 15 untersuchten Bäume einer Population nicht auf Herkunftsgebiete (oder Herkunftsländer) geschlossen werden kann. Die Unterschiede zwischen den beiden französischen Herkünften belegen dies eindrucksvoll. Die größten baumindividuellen biochemischen Unterschiede bestehen innerhalb der Herkunft *Eisenerz* und die größten Übereinstimmungen innerhalb der Herkunft *Jawornik*. Die Untersuchungsergebnisse zeigen enge Parallelen zu Ergebnissen aus einem Eichenherkunftsversuch in Brandenburg (KÄTZEL et al. 2019, 2020), nach denen innerhalb einzelner Herkünfte sowohl Bäume mit einer erhöhten als auch mit einer verminderten Trocken- (und Spätfrost-) Toleranz vorkamen.

Die Buchen zeigen insbesondere unter günstigen Wuchsbedingungen eine hohe physiologische Plastizität mit teilweise unterschiedlichen, individuellen biochemischen Mustern. Hier ergeben sich Selektionsmöglichkeiten von Einzelbäumen mit einer erhöhten Stresstoleranz zur Anlage von Samenplantagen, die derzeit

erfolgsversprechender (leider auch zeitaufwendiger) zu sein scheint, als die Empfehlung von Herkünften auf der Grundlage von Herkunftsgebieten.

Dank

Die Anzucht und Anlage der Buchenversuche der 1990er Serien wurden von der Konzertierte Aktion der Kommission der Europäischen Gemeinschaften (AAAIR3-Programm, Zuschuss-Nr. CT94-2091) finanziert.

Referenzen

- ASPINALL D, PALEG LG (1981): Prolin accumulation: physiological aspects. S. 205–241. In: PALEG LG, ASPINALL D (eds.): The Physiology and Biochemistry of Drought Resistance in Plants. Academic Press, New York.
- BOLTE A, CZAJKOWSK, T, KOMPA T (2007): The north-eastern distribution range of European beech - A review. *Forestry: An International Journal of Forest Research*, Volume 80, Issue 4, October 2007: 413–429. doi.org/10.1093/forestry/cpm028.
- BORGHETTI M, GIANNINI R (1981): Indagini preliminari sulla variazione di alcuni caratteri in piantine di faggio di provenienza diversa. *Estratto dagli Annali del Accademia Italiana die Scienze Forestali* 31: 119-134.
- BURGER H (1926): Untersuchungen über das Höhenwachstum verschiedener Holzarten. *Mitt. d. Schweiz. Centralanst. F.d.forstl. Versuchswes. Bd. XIV*: 29-158.
- BURGER H (1933): Dänische und schweizerische Buchen. *Schweiz. Zeitschr. F. Forstwes.* 372-375.
- HANDA S, HANDA AK, HASEGAWA PM, BRESSAN RA (1986): Prolin accumulation and the adaptation of cultured plant cells to water stress. *Plant Physiol.* 80: 935–945.
- HAUCH LA (1915): Om Proveniensen Indflyelse paa Sommerskud hos Eg og Bog [Zum Einfluss der Herkunft auf den Sommertrieb von Eiche und Buche]. *Bot. Tidsskr. Bd. 32*: 285-307.
- HOFFMANN J (1961): Ergebnisse eines Anbauversuchs mit Buchen verschiedener Herkunft im Tharandter Wald. *Forstw. Cbl* 80 (7-8): 240-252.
- HOFFMANN J (1962): Die bisherigen Ergebnisse von Buchenprovenienzversuchen. *AFZ* 17 (8): 121-123.
- JONES MM, OSMOND CB, TURNER NC (1977): Accumulation of solutes in leaves of sorghum and sunflower in response to water deficits. *Aust. J. Plant Physiol.* 7: 193–205.
- KÄTZEL R, LÖFFLER S (2014): Physiologische Indikatoren zur Bewertung von Trockenstress bei Bäumen. S. 152-157. In: Generaldirektion der Stiftung Preußische Schlösser und Gärten Berlin-Brandenburg (Hrsg.): *Wasserhaushalt und Pflanzen - Historische Gärten im Klimawandel – Empfehlungen zur Bewahrung.*
- KÄTZEL R, LÖFFLER S (2016): 20 Jahre Biomarker als Vitalitätsindikatoren im Forstlichen Umweltmonitoring - Ergebnisse und Erfahrungen. *Eberswalder Forstliche Schriftenreihe, Band 63*: 174-189.
- KÄTZEL R, BECKER F, KANTER G, HLAWATI N, LÖFFLER S (2019): Herkunftsversuche als Bewährungsprobe bei Witterungsextremen: Südosteuropäische Herkünfte der Trauben-Eiche (*Quercus petraea*) in Brandenburg - Eine erste Auswertung. *Eberswalder Forstliche Schriftenreihe, Band 67*: 81-98.
- KÄTZEL R, LIESEBACH M, BECKER F, LÖFFLER S (2011): Zur physiologischen Differenzierung der Rot-Buche am Beispiel einer Fläche des „Internationalen Herkunftsversuches 1996/98 im Fläming. *Eberswalder Forstliche Schriftenreihe, Band 71*: 68-85.
- KÄTZEL R, LÖFFLER S, BECKER F (2020): Untersuchungen zur Klimaanpassung südosteuropäischer Herkünfte der Trauben-Eiche (*Q. petraea*) in Brandenburg - Eine erste Auswertung. *Thünen-Report* 76: 23-36.
- KÄTZEL R, ZANDER M, LÖFFLER S (2015): Wenn der Durst kommt – Eiche, Buche, Kiefer, Douglasie im Trockenstresstest. *Eberswalder Forstliche Schriftenreihe, Band 55*: 40-54.
- KIENITZ M (1879): Über Formen und Abarten heimischer Waldbäume. *Forstl. Zeitschr.*: 241-260, 297-327
- KLEINSCHMIT J, SVOLBA J (1996): Ergebnisse der Buchenherkunftsversuche von Krahl-Urbach. *AFZ/DerWald* (14): 780-782.
- KÖNIG AO (2005): Provenance research: evaluating the spatial pattern of genetic variation. S. 275-333. In GEBUREK T, TUROK J (eds): *Conservation and management of forest genetic resources in Europe*. Zvolen. Arbora Publishers.

- KRAHL-URBAN J (1953): Rassenfragen bei Eichen und Buchen. AFZ Wald (13): 478-480.
- KRAHL-URBAN J (1958): Vorläufige Ergebnisse der Buchenprovenienzversuche. Allg. Forst- u. J.-Ztg. 129: 242-251.
- LARSEN BJ (1985): Beech provenances in Denmark. Mitt. d. BFH 150: 85-91.
- LICHTENTHALER HK, BUSCHMANN C (1984): Photooxidative changes in pigment composition and photosynthetic activity of air-polluted spruce needles (*Picea abies* L.). Advances in Photosynthetic Research, Vol IV (3): 245-250.
- LIESEBACH M (2012): Der Internationale Herkunftsversuch mit Rot-Buche von 1993/95 – Beschreibung der ausgewählten sechs Herkünfte und zwei Versuchsflächen. Landbauforsch 62 (4): 159-168.
- LIESEBACH M (2015): The international network of European beech trials – the base to study intra-specific variation. S. 169-187. In LUKACIK I, SARVASOVA I (eds) Dendroflora strednej Europy - vyuzitie poznatkov vo vyskume, vzdelavani a praxi: Zbornik bol vydany pri prilezitosti 50. vyrocia zalozenia Arboreta Borova hora; Zvolen, 10.-11 jun 2015. Zvolen: Technicka Univerzita vo Zvolene.
- LIESEBACH M, SCHÜLER S, WOLF H (2011): Klima-Wachstums-Beziehungen von Rotbuchen-Herkünften (*Fagus sylvatica* L.) im Vergleich. Mitteilungen aus der Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz 69/11: 79-91.
- LIESEBACH M, ARENHÖVEL W, JANßEN A, KAROPKA M, RAU H-M, SCHIRMER R, SCHNECK D, SCHNECK V, STEINER W, SCHÜLER S, WOLF H (2017): Planung, Anlage und Betreuung von Versuchsflächen der Forstpflanzenzüchtung. Handbuch für die Versuchsanstellung. Thünen Report 49, 80 S.
- MADSEN SF (1985): Progeny trials with approved Danish beech seed stands. Mitt. d. BFH 150: 92-98.
- MÜNCH E (1948): Vergleichender Anbauversuch mit Buchen verschiedener Herkunft. Beiträge zur Forstpflanzenzüchtung. Bayer. Landwirtschaftsverlag.
- MUHS H-J, VON WÜHLISCH G (1992): Research on the Improvement of Beech in the Last Decade. In: ELENA ROSSELLO R (ed.) Proceedings. Congreso Internacional del Haya. Pamplona 1992: 63-89
- OREN R, WERK KS, BUCHMANN N, ZIMMERMANN R (1993): Chlorophyll-nutrient relationships identify nutritionally caused decline in *Picea abies* stands. Can. J. For. Res. 23: 1187-1195.
- ROBSON TM, BENITO GARZON M, ALIA MIRANDA R et al. (2018): Phenotypic trait variation measured on European genetic trials of *Fagus sylvatica* L. Sci. Data 5: 180149 doi: 10.1038/sdata.2018.149
- RZEZNIK Z (1988): Ergebnisse der 20-jährigen Rotbuchenprovenienzuntersuchungen in Polen. 3. IUFRO-Buchensymposium (Proc.). Zvolen 3.-6.6.1988: 65-76
- SANGÜESA-BARRERA G, DI FILIPPO A, PIOVESAN G, ROZAS V, FIORE L, GARCÍA-HIDALGO M, GARCÍA-CERVIGÓN A, MUÑOZ G D, BALIVA M, OLANO J (2021): Warmer springs have increased the frequency and extension of late-frost defoliations in southern European beech forests. Science of the Total Environment 775. DOI:10.1016/j.scitotenv.2021.145860.
- SCHMEINK B, WILD A (1990): Studies on the Content of Free Amino Acids in Needles of Undamaged and damaged Spruce Trees at a Natural Habitat. J. Plant Physiol. 136: 66-71.
- SCHOBER R (1971): Die Rotbuche. Sauerländer's Verlag, Frankfurt a.M.
- SCHRAML C, RENNENBERG H (2002): Ökotypen der Rotbuche (*Fagus sylvatica* L.) zeigen unterschiedliche Reaktionen auf Trockenstress. Forstwiss. Centralblatt 121: 59-72.
- ŠEHO M, SOMMER C, KOHNLE U (2021): Der internationale Buchenherkunftsversuch von 1996/1998: Wachstums- und qualitätsrelevante Merkmale unter unterschiedlichen Standorts- und Klimabedingungen in Süddeutschland. Allg. Forst- u. J.-Ztg. 191 (11/12): 243-281.
- SINDELAR J, STRNADY VJ (1988): Ergebnisse einiger phänologischer Untersuchungen in den Provenienzflächen der Rotbuche (*Fagus sylvatica* L.). 3. IUFRO-Buchensymposium (Proc.). Zvolen 3.-6.6.1988: 47-56.
- SITTLER B (1981): Experimentell ökologische Untersuchungen an 15 slovenischen Buchenprovenienzen zur Beurteilung ihrer Anbaufähigkeit in der Bundesrepublik Deutschland. Diss. Forstw. Fak. Albert-Ludwigs-Universität zu Freiburg/Br.
- STEWART CR (1981): Proline Accumulation: Biochemical Aspects. In PALEG LG, ASPINALL D (eds): The Physiology and Biochemistry of Drought Resistance in Plants. Academic Press, New York: 243-259.
- VON SUMRE CF (1989): Phenols and Phenolic Acids. In HARBORNE JB (ed): Methods in Plant Biochemistry: Plant Phenolics. Academic Press London, San Diego: 20-32.
- TEISSIER DU CROS E (1993): Study of beech variability in France. S. 131-143. In: MUHS H-J, VON WÜHLISCH G (eds) The scientific basis for the evaluation of the genetic resources of beech (Proc.).
- TESCHE M (1987): Proline in Bäumen. I. Proline in gesunden Bäumen. Flora 179: 335-343.

THOMASIU H, GÄRTNER H (1991): Auswertung eines Buchenprovenienzversuches von Münch hinsichtlich Wachstum, Qualität und Phänologie. 3. IUFRO-Buchensymposium (Proc.). Zvolen 3.-6.6.1988: 31-45

TYREE MT, JARVIS PG (1982): Water in tissues and cells. S. 36–77. In: LANGE OL, NOBEL PS, OSMOND CB, ZIEGLER H (eds.): Encyclopedia of plant physiology. New series. Vol. 12B. Physiological plant ecology II. Water relations and carbon assimilation. Springer-Verlag, Berlin.

VON WÜHLISCH G, LIESEBACH M, MUHS H-J, STEPHAN BR (1998): A network of international beech provenance trials. S. 164-172. In: TUROK J, KREMER A, DE VRIES SGM (eds.): First EUFOERGEN Meeting on Social Broadleaves, 23.-15. October 1997, Bordeaux. IPPGRI, France.

Autorinnen und Autoren

MIRKO LIESEBACH, KATHARINA J. LIEPE

Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf

Kontakt: mirko.liesebach@thuenen.de

MUHIDIN ŠEHO

Bayerisches Amt für Waldgenetik, Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf

RALF KÄTZEL, FRANK BECKER, SONJA LÖFFLER

Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde, Alfred-Möller-Str. 1, 16225 Eberswalde

Produktion von höherwertigem Saatgut in Buchenbeständen mit Hilfe von Genomanalysen

BERND DEGEN, NIELS MÜLLER

Zusammenfassung

Die Buche ist die wichtigste heimische Laubbaumart und auch zukünftig ein wichtiges Element in klimastabilen Wäldern. Für den Waldumbau wird in großen Mengen Buchensaatgut benötigt. In Simulationsstudien mit dem Computerprogramm SNPscan verglichen wir den erwarteten genetischen Gewinn und die inzuchteffektive Populationsgröße (N_e) von Nachkommen einer putativen Buchen-Samenplantage mit den Werten von Nachkommen eines Saatgutbestandes. Der Saatgutbestand umfasste hierbei 3000 reproduzierende Bäume. Bei der selektiven Saatguternte wurden nach verschiedenen Kriterien jeweils 30 Mutterbäume für die Saatgutgewinnung ausgewählt und alle 3000 Bäume beteiligten sich als Pollenspender an der Reproduktion. Die Samenplantage umfasste 150 Plusbäume, die in demselben Bestand ausgewählt wurden. Das Zielmerkmal hatte eine Heritabilität von 0,5 und wurde durch 200 variable Einzelnukleotid-Polymorphismen (SNPs) kodiert. In verschiedenen Szenarien verglichen wir die Auswahl der Plusbäume bzw. der Saatgutmutterbäume nach a) dem Phänotyp, b) genomischer Selektion und c) markergestützter Selektion. Je nach Selektionskriterium variierte der genetische Gewinn bei der selektiven Saatguternte zwischen 16,4 % und 24,4 % und bei der Samenplantage zwischen 19,8 % und 32,7 %. Die markergestützte Selektion und die genomische Selektion lieferten höhere genetische Gewinne als die Auswahl nach dem Phänotyp. Für die effektive Populationsgröße lagen die Werte bei den Nachkommen der Samenplantage mit 52 bis 107 deutlich niedriger als bei der selektiven Ernte im Saatgutbestand (572-1093). In der Diskussion betrachteten wir die Realitätsnähe der Annahmen in den Simulationen und die Relevanz der Ergebnisse für die Praxis.

Abstract

Production of high value seeds in beech stands by use of genome analysis

Beech is the most important native broadleaf species in Germany and also a relevant element of future climate adapted forests. For the silvicultural transformation, large amounts of beech seeds are needed. Using the simulation program SNPscan we compared the expected genetic gain and the inbreeding effective population size (N_e) between offspring from a seed orchard and offspring harvested from selected seed trees in a seed stand. The stand was comprised of 3000 reproductive trees, of which 150 were selected as plus trees for the seed orchard and 30 as mother trees (with all 3000 trees functioning as fathers) for selective seed sourcing. The target trait had a heritability of 0.5 and exhibited a moderately polygenic architecture with 200 causal single nucleotide polymorphisms (SNPs). In different scenarios we compared the selection of plus trees and seed trees by using a) the phenotype, b) genomic selection, and c) marker-assisted selection. The genetic gain in the offspring of selected seed trees varied between 16.4 % and 24.4 % depending on the selection criteria. In the offspring of the seed orchard genetic gain ranged from 19.8 % to 32.7 %. Marker-assisted selection and genomic selection led to higher genetic gains compared to the selection of phenotypes. The effective population size for the seed orchard was between 52 and 107 which was only a fraction compared to the values of the selective seed harvest in the seed stand ($N_e=572-1093$). We discuss the applicability of our simulations and the relevance of the results for the forestry practise.

1 Einleitung

Die Buche ist mit einem Flächenanteil von knapp 20 % die wichtigste Laubbaumart in Deutschland (<https://bwi.info>). In den Waldumbauprogrammen spielt sie eine wichtige Rolle und ihr Anteil soll erhöht werden. Hierfür sind neben der Naturverjüngung in Beständen, die bereits einen Mindestanteil von Buchen haben, Kunstverjüngungen erforderlich. Bei der Buche wird der ganz überwiegende Teil des Saatguts für

Kunstverjüngungen in zugelassenen Saatgutbeständen gewonnen. Nur ein kleiner Teil des Saatguts wird bei der Buche in Samenplantagen gewonnen. Laut Statistik der Bundesanstalt für Ernährung und Landwirtschaft (BLE) gab es im Jahr 2013 in Deutschland 3864 zugelassene Buchenbestände der Kategorie „Ausgewählt“, 14 Bestände der höheren Kategorie „Geprüft“ und insgesamt 10 Samenplantagen der Kategorie „Qualifiziert“ (DEGEN 2020). Als Maßnahme zur Klimaanpassung wird auch für die Buche darüber nachgedacht, Plusbäume zu selektieren und damit Samenplantagen aufzubauen.

Die Anlage von Samenplantagen ist sehr zeit- und arbeitsaufwendig. Es müssen Reiser von Plusbäumen gewonnen und, soweit dies bei der Baumart gelingt, vegetativ vermehrt werden, dann erfolgt die Anlage der Samenplantage in der Regel mit 100 bis 300 verschiedenen Klonen (Eriksson und EKBERG 2001). Bei der Buche vergehen dann bis zur möglichen Ernte von Saatgut mindestens 20 Jahre. Eine interessante Alternative könnte die selektive Ernte von Saatgut in Saatgutbeständen sein.

Mit den rasanten Entwicklungen im Bereich der DNA-Sequenzierung und der steigenden Anzahl an Baumarten mit Referenzgenomen gewinnt auch im Forst der Einsatz von Genomanalysen etwa bei der Forstpflanzenzüchtung (GRATTAPAGLIA et al. 2018) oder bei der Identifizierung von Genen, die für die Ausprägung von Merkmalen verantwortlich sind (PFENNINGER et al. 2021), an Bedeutung. Wir haben inzwischen mit dem Simulationsprogramm SNPscan (DEGEN und MÜLLER 2023) ein Instrument, mit dem sich einige Potentiale dieser genomischen Ansätze besser abschätzen lassen. In der vorliegenden Simulationsstudie verglichen wir den erwarteten genetischen Gewinn und die genetische Diversität gemessen als inzuchteffektive Populationsgröße (N_e) für Nachkommen einer Samenplantage mit der von Nachkommen einer selektiven Ernte von Saatgut in einem Buchensaatgutbestand.

2 Methoden

In den Simulationsstudien mit dem Programm SNPscan (DEGEN und MÜLLER 2023) galt die generelle Annahme, dass das Zielmerkmal eine Heritabilität von 0,5 haben sollte und von Allelen an 200 kausalen SNPs kodiert wird. Die Genome der einzelnen Individuen wurden anhand einer Stichprobe von 20.000 SNPs simuliert, die gleichmäßig auf 10 Chromosomen verteilt waren. Der Ausgangsbestand sowohl für die Selektion der Saatgutmutterbäume als auch der Plusbäume für die Samenplantage umfasste 3000 reproduzierende Bäume. Die Bäume des Ausgangsbestandes durchliefen zuvor 10 Generationen von Zufallspaarung mit eingeschränkter Anzahl an Mutterbäumen, um in Anlehnung an echte Bestände eine geringe Verwandtschaft der Individuen untereinander (mittlere Inzucht 1 %) zu erreichen.

Die Auswahl der Plusbäume bzw. Saatgutmutterbäume erfolgte nach den folgenden alternativen Kriterien:

1. Phänotyp
2. Genetisches Screening an den Top 100 SNPs, deren Alleleffekte auf das Zielmerkmal mit Hilfe einer genomweiten Assoziationsstudie an 10.000 Individuen geschätzt wurden (GWAS 10000)
3. Genetisches Screening an den Top 100 SNPs, deren Alleleffekte auf das Zielmerkmal mit Hilfe einer genomweiten Assoziationsstudie an 3000 Individuen geschätzt wurden (GWAS 3000)
4. Genetisches Screening an 5000 SNPs, die für genomische Selektion zur Bestimmung von Erbwerten genutzt wurden (gBLUP). In der Stichprobe der 5000 SNPs wurden die 200 kausalen SNPs explizit ausgeschlossen.

Für die GWAS wurden 3000 bzw. 10000 Individuen und deren Phänotypen mit SNPscan generiert und mit der Software TASSEL (BRADBURY et al. 2007) anhand des GLM-Algorithmus analysiert. Für die Berechnung der genomischen Zuchtwerte in der genomischen Selektion nutzt SNPscan das R-Paket „rrBLUP“ und den gBLUP Algorithmus (ENDELMAN 2011).

Nach den oben genannten vier Kriterien wurden für das Szenario „Samenplantage“ die besten 150 Individuen von den 3000 Bäumen ausgewählt und Nachkommen als Zufallspaarung zwischen diesen 150 Bäumen generiert. Die Differenz der Mittelwerte der Phänotypen dieser Nachkommen zu den Mittelwerten der Phänotypen der 3000 Ausgangsindividuen wurde genutzt, um den genetischen Gewinn zu ermitteln. Bei dem Szenario „Saatguternte“ wurden nach den obigen Kriterien die besten 30 Mutterbäume für die Saatguternte ausgewählt. An der Reproduktion waren jedoch alle 3000 Individuen zufallsmäßig als Pollenspender beteiligt. Der genetische Gewinn errechnete sich dann aus der Differenz der Mittelwerte der Phänotypen der Nachkommen aus den 30 Saatgutbäumen und dem Mittelwert aller 3000 Ausgangsindividuen. Zur Berechnung der inzuchteffektiven Populationsgröße (N_e) bekam jedes der 3000 Individuen der Gründerpopulation an 100 zusätzlichen Genorten individuelle Allele. Die durchschnittliche Häufigkeit der Homozygoten dieser Allele war ein Maß für individuelle Inzucht (I). Die Steigerung der Inzucht von der Elterngeneration zur Generation der Nachkommen (δI) ging dann in die Berechnung von N_e ein: $N_e = 1 / (2 \times \delta I)$ (FALCONER und MACKAY 1996).

Jedes Szenarium wurde 10 Mal wiederholt.

3 Ergebnisse und Diskussion

Der genetische Gewinn lag bei der selektiven Ernte von 30 Bäumen im Saatgutbestand zwischen 16,4 % und 24,4 % (Abb. 1). Die Auswahl der Samenbäume anhand eines genetischen Screenings lieferte bei den Kriterien GWAS 3000, GWAS 10000 und gBLUP höhere genetische Gewinne als die Auswahl nur anhand der Phänotypen. Die Nachkommen der Samenplantage hatten genetische Gewinne zwischen 19,8 % und 32,7 %. Auch hier schnitten die Subsznarien GWAS 3000, GWAS 10000 und gBLUP besser ab als die reine phänotypische Selektion der Plusbäume. Die inzuchteffektive Populationsgröße (N_e) war bei der Ernte im Saatgutbestand (Abb. 2) mit mittleren Werten von 572-1093 fünf- bis zehnmal so hoch wie die Werte in der Samenplantage (52-107). Es fiel auf, dass die Selektion anhand genetischer Methoden (gBLUP, GWAS 3000, GWAS 10000) insbesondere bei der Plusbaumauswahl für die Samenplantage zu deutlich geringeren N_e -Werten führte. Es gab eine große Variation bei den N_e -Werten innerhalb jedes Szenarios bei den Simulationen zur Saatguternte. Das lag daran, dass Inzucht in diesen Fällen ein seltenes Ereignis war und daher besonders starken stochastischen Schwankungen unterlag.

Die simulierten genetischen Gewinne in einer Samenplantage und dem Saatgut einzelner Familien bewegen sich in einem Bereich, der auch bei echten Samenplantagen erreicht wurde. In einem anderen Simulationsansatz kamen SERRANO-LEON et al. (2021) für *Pinus sylvestris* und *Pinus pinaster* beim Wachstum zu genetischen Gewinnen in Samenplantagen von 7 % bis 40 %.

Vergleichbar mit unserem Ansatz der selektiven Ernte von Mutterbäumen sind Studien zu Familiennachkommenschaften mit Halbgeschwistern. In einer solchen Untersuchung fanden (YANG et al. 2020) für die chinesische Kiefernart *Pinus massoniana* genetische Gewinne für das Merkmal Brusthöhendurchmesser (BHD) je nach Auswahl der Familien zwischen 1,2 % und 47 %. Die selektive Ernte von Saatgut der Japan-Lärche (*Larix kaempferi*) ergab in einer anderen langjährigen Untersuchung einen genetischen Gewinn beim Wachstum der besten Familien gegenüber dem Populationsmittel von 11 %-17 % (PAN et al. 2019).

Auffällig waren in unseren Simulationsstudien die guten Ergebnisse bei der Auswahl von Plusbäumen und Samenmutterbäumen mit einem genetischen Screening. Der Vorteil der genomischen Selektion wurde bereits vor über 10 Jahren durch deterministische Modellberechnungen ermittelt (GRATTAPAGLIA und RESENDE 2011), anschließend ist die genomische Selektion so wie im Agrarbereich in vielen forstlichen Zuchtprogrammen im Ausland ein fester Bestandteil geworden (GRATTAPAGLIA et al. 2018; GRATTAPAGLIA 2022; FREEMAN et al. 2022; LI und DUNGEY 2018). Bei der Marker-gestützten Selektion waren die Ergebnisse in der Praxis bisher nicht so vielversprechend. Hier ist sicherlich zunächst noch eine deutliche Erhöhung der Stichprobengrößen erforderlich, um eine gute Schätzung von Alleleffekten in den genom-weiten Assoziationen zu erreichen. In unseren

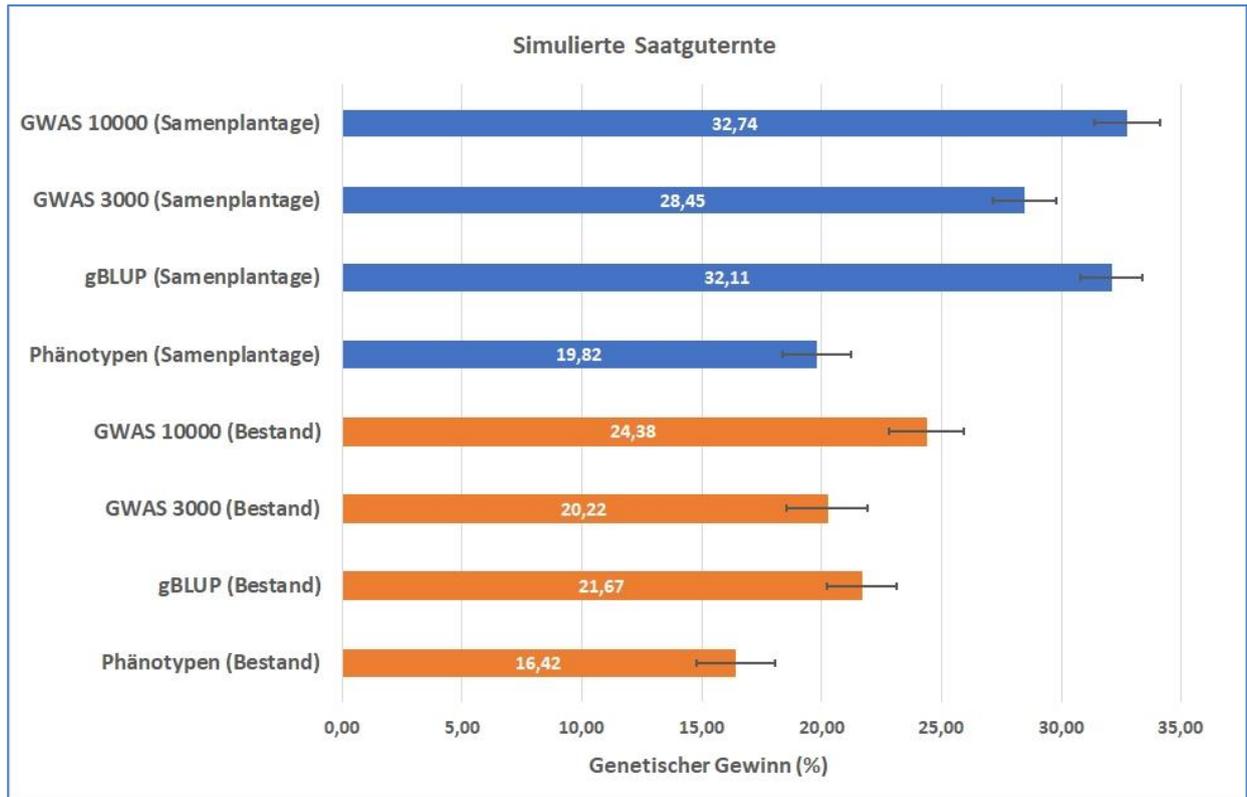


Abb. 1: Genetischer Gewinn der Nachkommen bei simulierten Szenarien zur Saatguternte in einer Samenplantage mit 150 Klonen und bei einer selektiven Beerntung von 30 Elternbäumen in einem Saatgutbestand mit 3000 reproduzierenden Buchen.

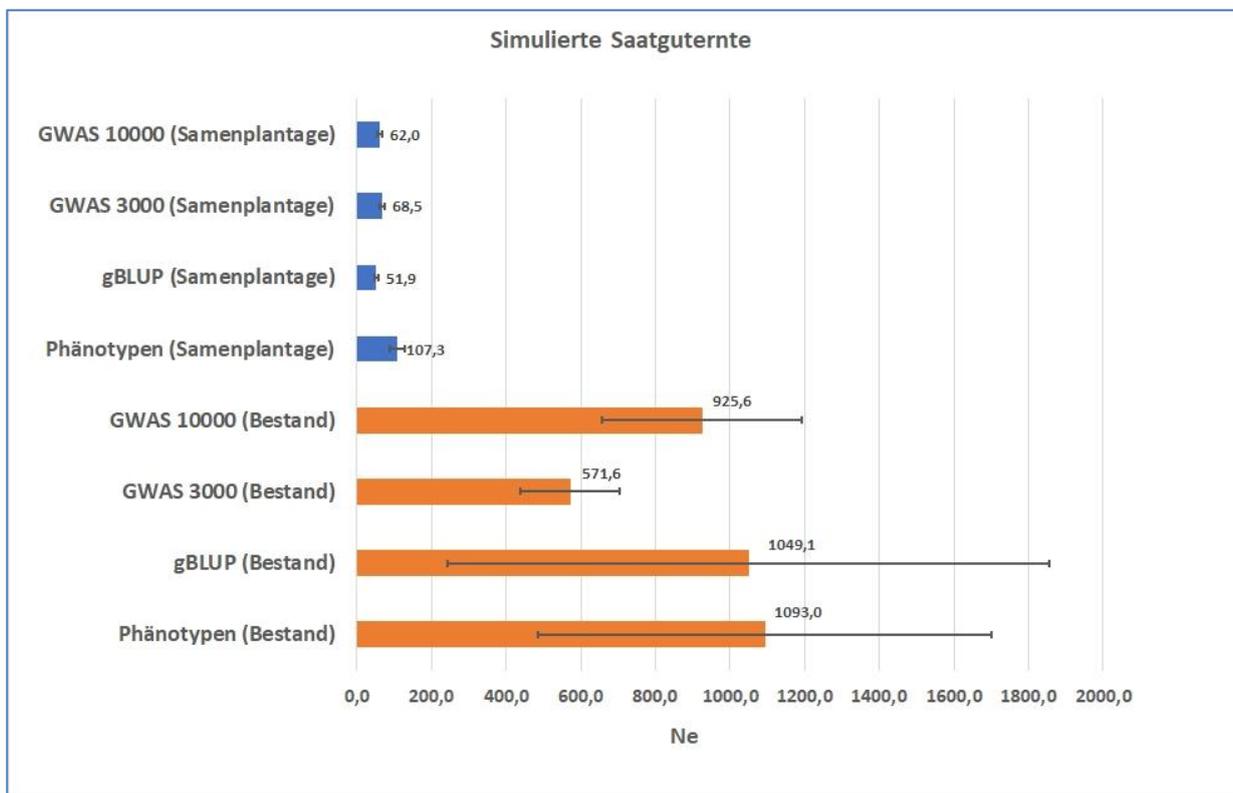


Abb. 2: Inzuchteffektive Populationsgröße N_e der Nachkommen bei simulierten Szenarien zur Saatguternte in einer Samenplantage mit 150 Klonen und bei einer selektiven Beerntung von 30 Elternbäumen in einem Saatgutbestand mit 3000 reproduzierenden Buchen.

Simulationen waren es 3000 bzw. 10000 Individuen. In der Praxis sind es jedoch bisher oft nur einige Hundert Individuen (PFENNINGER et al. 2021; ROCHA et al. 2022).

Ausland ein fester Bestandteil geworden (GRATTAPAGLIA et al. 2018; GRATTAPAGLIA 2022; FREEMAN et al. 2022; LI und DUNGEY 2018). Bei der Marker-gestützten Selektion waren die Ergebnisse in der Praxis bisher nicht so vielversprechend. Hier ist sicherlich zunächst noch eine deutliche Erhöhung der Stichprobengrößen erforderlich, um eine gute Schätzung von Alleleffekten in den genom-weiten Assoziationen zu erreichen. In unseren Simulationen waren es 3000 bzw. 10000 Individuen. In der Praxis sind es jedoch bisher oft nur einige Hundert Individuen (PFENNINGER et al. 2021; ROCHA et al. 2022).

Die starke Reduktion der effektiven Populationsgröße in Samenplantage wurde bereits mehrfach als wichtiger Kritikpunkt angeführt (SONSTEBO et al. 2018, HANSEN 2008). Eine niedrige effektive Populationsgröße führt zur verstärkten Verwandtschaft und geringeren genetischen Diversität bei den Nachkommen. Dies kann mit einer geringeren Anpassungsfähigkeit und höheren Empfindlichkeit gegenüber biotischen und abiotischen Schadfaktoren einhergehen. Die Konzentration auf Saatgutbestände anstatt Samenplantagen hätte neben der höheren genetischen Vielfalt zudem den Vorteil, dass die Auswahl der Samenbäume in jedem Jahr geändert und neueren Erkenntnissen insbesondere zu den kausalen Genorten verschiedener Merkmale angepasst werden kann.

Referenzen

BRADBURY PJ, ZHANG Z, KROON DE, CASSTEVENS TM, RAMDOSS Y, BUCKLER ES (2007): TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples. *Bioinformatics* 23 (19): 2633-2635.

DEGEN B (2020): Forstpflanzenzüchtung in Deutschland im internationalen Vergleich-Erreichtes, Potentiale, Grenzen. *Thünen Report* 76: 260-266

DEGEN B, MÜLLER N (2023): SNPscan a genomic simulation program to optimize sampling and breeding strategies. <https://www.thuenen.de/en/institutes/forest-genetics/software/SNPscan> (26/01/2023, 2023).

ENDELMAN JB (2011): Ridge regression and other kernels for genomic selection with R package rrBLUP. *Plant Genome* 4 (3): 250-255.

ERIKSSON G, EKBERG I (2001): An introduction to forest genetics. Genetic Center Uppsala: Uppsala.

FALCONER DS, MACKAY TF (1996): Introduction to quantitative genetics. Longman London, UK: London.

FREEMAN JS, SLAVOV GT, BUTLER JB, FRICKEY T, GRAHAM NJ, KRAPSTE J et al. (2022): High density linkage maps, genetic architecture, and genomic prediction of growth and wood properties in *Pinus radiata*. *BMC Genomics* 23 (1): 16.

GRATTAPAGLIA D (2022): Twelve Years into Genomic Selection in Forest Trees: Climbing the Slope of Enlightenment of Marker Assisted Tree Breeding. *Forests* 13 (10): 25.

GRATTAPAGLIA D, RESENDE MDV (2011): Genomic selection in forest tree breeding. *Tree Genet. Genomes* 7 (2): 241-255.

GRATTAPAGLIA D, SILVA-JUNIOR OB, RESENDE RT, CAPP A EP, MULLER BSF, TAN BY et al. (2018): Quantitative genetics and genomics converge to accelerate forest tree breeding. *Front. Plant Sci.* 9: 10.

HANSEN OK (2008): Mating patterns, genetic composition and diversity levels in two seed orchards with few clones - Impact on planting crop. *Forest Ecology and Management* 256 (5): 1167-1177.

LI YJ, DUNGEY HS (2018): Expected benefit of genomic selection over forward selection in conifer breeding and deployment. *PLoS One* 13 (12): 21.

PAN YY, PEI XN, WANG FW, WANG CL, SHAO LL, DONG LH et al. (2019): Forward, backward selection and variation analysis of growth traits in half-sib *Larix kaempferi* families. *Silvae Genet.* 68 (1): 1-8.

PFENNINGER M, REUSS F, KIEBLER A, SCHONNENBECK P, CALIENDO C, GERBER S et al. (2021): Genomic basis for drought resistance in European beech forests threatened by climate change. *eLife* 10: 17.

ROCHA LF, BENATTI TR, DE SIQUEIRA L, DE SOUZA ICG, BIANCHIN I, DE SOUZA AJ et al. (2022): Quantitative trait loci related to growth and wood quality traits in *Eucalyptus grandis* W. Hill identified through single- and multi-trait genome-wide association studies. *Tree Genet. Genomes* 18 (6): 17.

SERRANO-LEON H, AHTIKOSKI A, SONESSON J, FADY B, LINDNER M, MEREDIEU C et al. (2021): From genetic gain to economic gain: simulated growth and financial performance of genetically improved *Pinus sylvestris* and *Pinus pinaster* planted stands in France, Finland and Sweden. *Forestry* 94 (4): 512-525.

SONSTEBØ JH, TOLLEFSRUD MM, MYKING T, STEFFENREM A, NILSEN AE, EDVARDESEN OM et al. (2018): Genetic diversity of Norway spruce (*Picea abies* (L.) Karst.) seed orchard crops: Effects of number of parents, seed year, and pollen contamination. *Forest Ecology and Management* 411: 132-141.

YANG ZQ, XIA H, TAN JH, FENG YH, HUANG YL (2020): Selection of superior families of *Pinus massoniana* in southern China for large-diameter construction timber. *J. For. Res.* 31 (2): 475-484.

Autoren

BERND DEGEN, NIELS MÜLLER

Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf

Kontakt: bernd.degen@thuenen.de

Hybridisierung und genetische Introgression: Bedeutung für Waldbau, Forstpflanzenzüchtung und Naturschutz

AKI M. HÖLTKEN, NICOLE OPFERMANN, STEFFEN FEHRENTZ

Zusammenfassung

Hybridisierung wird im Allgemeinen definiert als die erfolgreiche Paarung zwischen Individuen genetisch verschiedener Sippen (Arten, Sorten, Rassen oder auch Populationen). Der Begriff „Hybrid“ findet aber nicht nur auf die Nachkommen einer ursprünglichen Kreuzung zwischen elterlichen Linien (F1-Nachkommen) Anwendung, sondern auch auf nachfolgende Kreuzungen innerhalb von Populationen (z. B. Rückkreuzungen, F2-Nachkommen). Letzteres ist eine wichtige Voraussetzung für genetische Introgression, d. h. die dauerhafte Aufnahme von Genen einer differenzierten Population in eine andere. Die auf diese Weise gebildeten neuen genetischen Rekombinationen können treibende evolutive Kräfte darstellen, aber auch zur Gefährdung der Artintegrität und damit zum Verlust der Anpassungseigenschaften an bestimmte ökologische Nischen führen.

In diesem Beitrag werden deshalb Beispiele zu folgenden Themenschwerpunkte vorgestellt:

Bedeutung natürlicher Introgressionsprozesse für die Untersuchung der Anpassungsfähigkeit heimischer Baumarten und deren Hybriden an sich ändernde Klimabedingungen,

Auswirkungen anthropogen geschaffener (künstlicher) Introgression durch die Einführung gebietsfremder Baumarten bzw. Herkünfte,

gezielte Erzeugung von Hybriden zur Nutzung positiver Eigenschaften der Ausgangsarten sowie von Heterosiseffekten.

Ferner wird an den verschiedenen Beispielen gezeigt, wie DNA-basierte Methoden zur Erfassung von Hybridisierungsvorgängen bei Forstpflanzen im Rahmen von Züchtungsprogrammen, bei der Produktion von forstlichem Vermehrungsgut aber auch bei ökologisch-genetischen Untersuchungen eingesetzt werden können.

Abstract

Hybridization and genetic introgression: Relevance for silviculture, forest tree breeding and conservation

Hybridization is generally defined as the successful mating between individuals of genetically different species, varieties, races or even populations. However, the term "hybrid" is not only applied to the offspring of an original cross between parental lines (F1 offspring), but also to subsequent crosses within populations (e.g. backcrosses, F2 offspring). The latter is an important prerequisite for genetic introgression, i.e. the permanent incorporation of genes from one differentiated population into another. The new genetic recombinations formed in this way can represent driving evolutionary forces, but can also lead to threats to species integrity and thus to the loss of adaptive traits to specific ecological niches.

This paper therefore presents the following main topics:

Importance of natural introgression processes for the study of the adaptability of native tree species and their hybrids to changing climatic conditions,

effects of human-made (artificial) introgression due to the introduction of non-native tree species or provenances and

targeted production of hybrids to incorporate positive traits of the parent species as well as heterosis effects.

Furthermore, various examples will show how DNA-based methods are used for recording hybridization processes in forest tree breeding programs, in the production of forest reproductive material, but also in ecological-genetic studies.

1 Einleitung

Hybridisierung wird allgemein definiert als die erfolgreiche Paarung zwischen Individuen, die verschiedenen Arten, Unterarten, Rassen oder Populationen (z. B. Provenienzen) angehören und sich auf der Grundlage eines oder mehrerer vererbbarer Merkmale unterscheiden. Die Bildung von Hybriden zwischen Gattungen ist bei Gehölzen deutlich seltener. Ein Beispiel ist der zwischen *Sorbus aria* (Mehlbeere) und *Pyrus communis* (Holzbirne) entdeckte Naturhybride \times *Sorbopyrus* (BÖHLMANN 2009; WIMMER 2014).

Die Produktion von Hybriden hat die Forstpflanzenzüchtung schon seit Jahrzehnten beschäftigt, da auf diese Weise eine deutliche Verbesserung von Leistungs- und Anpassungsmerkmalen erreicht werden kann als durch die reine Kombinationszüchtung innerhalb der Ausgangsarten (ROHMEDER & SCHÖNBACH 1959). Eines der bekanntesten forstlich relevanten Beispiele ist die Hybridlärche (*Larix \times eurolepis*). Seit den 1950er Jahren wurde intensiv an geeigneten Genotypen und Eltern-Kombinationen geforscht, um deutliche Verbesserungen gegenüber den Ausgangsarten hinsichtlich Volumenzuwachs, Holzqualität, Standorts- und Schadstofftoleranz sowie Anfälligkeit gegenüber Lärchenkrebs zu erzielen (vgl. GEBUREK und SCHÜLER 2011; RIECKMANN et al. 2020; DACASA-RÜDINGER et al. 2020). Heute wird Saatgut von *Larix \times eurolepis* in Samenplantagen mit nur wenigen, ausgewählten „hybridogenen“ Genotypen in freier Abblüte und einer Ausbeute von ca. 40 bis 90% Hybrid-Saatgut produziert (HÄCKER und BERGMANN 1991; TRÖBER und HAASEMANN 2000; HÖLTKEN 2018). Weitere Ergebnisse der Hybridzüchtung finden sich u.a. in den vielen Sorten innerhalb der Gattungen *Populus* (Pappeln) und *Salix* (Weiden) wieder. Die Ausnutzung von Heterosis-Effekten (hohe Biomasseleistung) aber auch die Kombination von positiven Eigenschaften der Ausgangsarten (hohe Anwuchssicherheit, gutes Stockausschlagsvermögen, einfache vegetative Vermehrbarkeit, geringe Anfälligkeit gegenüber biotischen und abiotischen Schäden etc.) sind wichtige Kriterien insbesondere zur Entwicklung von Hybridsorten für Kurzumtriebsplantagen (vgl. u. a. FEHRENDZ und WEBER 2012; GEBHARDT 2012; JANßen et al. 2012; LIESEBACH et al. 2012; SCHNECK und LIESEBACH 2015).

Der Begriff "Hybrid" wird aber nicht nur auf die Nachkommen einer ursprünglichen Kreuzung zwischen elterlichen Linien (d. h. F₁), sondern auch auf nachfolgende Kreuzungen (z. B. Rückkreuzungen, F₂) angewendet. Fertile Hybriden sind außerdem eine wichtige Voraussetzung für genetische Introgression, also die dauerhafte Aufnahme von Genen einer differenzierten Population in eine andere (HARRISON 1990; JANES und HAMILTON 2017). Dieser Vorgang kann in Kontaktzonen innerhalb der natürlichen Verbreitungsgebiete von nah verwandten Baumarten beobachtet werden. Solche Überlappungsbereiche sind für eine Vielzahl von Baumarten beschrieben worden, u.a. für *Fagus sylvatica* und *F. orientalis* (MÜLLER et al. 2019; BIJARPASI et al. 2020), aber auch für viele Eichenarten Nordamerikas (vgl. KHODWEKAR und GAILING 2017) und Europas (vgl. CURTU et al. 2007). Da natürliche Selektionsprozesse (Akkumulation vorteilhafter genetischer Varianten) bei Waldbaumarten aufgrund der sehr langen Generationszeiten nur sehr langsam verlaufen, kann ein Austausch von Genen zwischen hybridisierenden Baumarten eine treibende evolutive Kraft darstellen und damit eine wichtige Rolle bei der Anpassung an sehr rasche und extreme Veränderungen der Umweltbedingungen einnehmen (GAILING et al. 2022).

Bastardierung zwischen Gehölzarten kann aber auch anthropogene Ursachen haben, ohne direktes Zutun des Menschen, zumal viele Baumarten, insb. zur Fruchtproduktion, weltweit verfrachtet wurden (BIALOZYT et al. 2012; HEINZE 2008; HEBDA et al. 2021). Es ist bekannt, dass Genfluss von kultivierten Arten in ihre wilden Verwandten einen erheblichen Einfluss auf den Fortbestand und die Entwicklung von Wildpopulationen haben kann. Genetische Introgression kann somit auch eine Gefährdung der Artintegrität darstellen und zum Verlust der Anpassungsfähigkeit an spezifische ökologische Nischen (Ökosystemintegrität) beitragen.

An der NW-FVA wird zu allen hier aufgeführten Themenbereichen geforscht. Deshalb werden in diesem Beitrag folgende aktuelle Vorhaben näher beschrieben:

Bedeutung der natürlichen Hybridisierung und der Ausbildung von Hybridschwärmen zwischen heimischen Eichenarten für die künftige Auswahl wertvoller genetischer Ressourcen im Rahmen des Klimawandels,

Einfluss von Kulturobstsorten auf den heimischen Genpool an den Beispielen Wildapfel (*Malus sylvestris*) und Wildkirsche (*Prunus avium*) sowie

Künstliche Hybridisierung zwischen und innerhalb von Arten der Gattung *Juglans* zur Verbesserung von Holzqualität, Ertrag und Klimaadaptation

2 Der heimische Eichenartenkomplex [*Quercus robur*, *Q. petraea* und *Q. pubescens*]

2.1 Eichenarten im Klimawandel

Im Zusammenhang mit aktuellen Klimaprognosen wird die Zunahme von Extremereignissen, aber auch die generelle Verringerung des Niederschlags einhergehend mit der Erhöhung der Durchschnittstemperaturen für Mitteleuropa vorhergesagt. Nur wenige heimische Gehölzarten bieten das Potential zur Adaptation an ein solches Zukunftsszenario. Dazu gehören unsere drei heimischen Eichenarten Flaum-, Trauben- und Stiel-Eiche. Sie waren schon lange vor menschlichen Einflüssen mit sehr unterschiedlichen klimatischen Bedingungen konfrontiert und haben sich an verschiedene Klimazonen (ozeanisch bis kontinental), Höhenlagen (Meereshöhe bis 1800 m ü. NN) und Standorte (feucht und zeitweise überflutet bis sehr trocken) angepasst und diese „Erfahrungen“ in ihrem Genpool gespeichert. Ferner sind unsere Eichenarten auch genetisch gegenüber anderen heimischen Laubbaumarten überdurchschnittlich variabel. Grund dafür ist der hohe Genaustausch insbesondere durch Pollenflug, wodurch neue Gene aus anderen Umweltsituationen (Klimagebiete, Standorte) „importiert“ werden können. Dieser effiziente, innerartliche Genfluss wird als ein Grund für das hohe Anpassungspotenzial der einzelnen Eichenarten hinsichtlich klimarelevanter Merkmale gewertet (BUSCHBOM et al. 2012; BONFILS et al. 2015; GAILING 2010; GUGERLI et al. 2016; GÜNTHARDT-GEORG et al. 2016).

Unsere heimischen Eichenarten haben aber noch eine weitere vorteilhafte Eigenschaft, die in der praxisnahen Forschung bislang nur sehr wenig Beachtung gefunden hat: Genaustausch zwischen Eichenarten über die Bildung von Hybriden. Da die natürliche Selektion (Akkumulation vorteilhafter genetischer Merkmale) innerhalb von Baumarten aufgrund der langen Generationszeiten nur sehr langsam verläuft, kann interspezifischer Genaustausch eine schnellere Anpassung an extreme Umweltverhältnisse begünstigen. Hybridisierung zwischen nah verwandten Eichenarten mit unterschiedlichen ökologischen Anpassungen tritt regelmäßig in den natürlichen Kontaktzonen zweier oder mehrerer Arten auf (vgl. CURTU et al. 2007, 2009; GAILING und CURTU 2014). Dieser Vorgang ist grundsätzlich zwischen allen drei heimischen Arten möglich. Seltener tritt Hybridisierung zwischen der Stiel- und der Trauben-Eiche auf, auch wenn dieser Vorgang vermutlich eine wichtige Rolle bei der Ausbreitung der Trauben-Eiche nach der letzten Eiszeit gespielt hat (»Pollen Swamping« [d. h.: Schritt 1: Eindringen der Trauben-Eiche in das Verbreitungsgebiet der Stiel-Eiche ausschließlich über das Einkreuzen von Pollen (Hybridisierung); Schritt 2: Auskreuzung der Trauben-Eiche in den Folgegenerationen und Besiedlung der für sie günstigeren Standorte] siehe PETIT et al. 2003). Häufiger wird Bastardierung zwischen der Trauben- und der Flaum-Eiche beobachtet, so dass in Überlappungszonen häufiger sogenannte „Hybridschwärme“ auftreten (KÄTZEL et al. 2012, 2014; GAILING et al. 2022).

Verschiedene Studien belegen, dass Hybridisierung zwischen unseren Eichenarten zwar ein eher seltenes, aber dennoch sehr bedeutsames Phänomen ist. Denn auch augenscheinlich reine Exemplare dieser Arten besitzen kaum ein ökologisches Merkmal, welches für sich alleine ausreicht, um eine sichere Artabgrenzung zu ermöglichen. Eine systematische Zuordnung über morphologische Merkmale sollte deshalb Übergangsformen und Ökotypen beinhalten (AAS 1998; VISCOSI et al. 2009a, 2009b; CRACIUNESC et al. 2012; FORTINI et al. 2014; DI

PIETRO et al. 2020; PROIETTI et al. 2021). Dies ist insofern von besonderem Interesse, da sich unsere Eichenarten an unterschiedliche Standorteigenschaften angepasst haben, aber dennoch arttypische, auch klimarelevante, genetische Merkmale austauschen können. Dies wird gerade bei drastischen Umweltveränderungen als eine weitere Stärke des gesamten Anpassungssystems der Eichen angesehen (KREMER 2010; BONFILS et al. 2015; LEROY 2019).

Der mitteleuropäische Flaum-Eichenwald wird syntaxonomisch der Assoziation *Quercetum pubescenti-petraeae* zugeordnet. An den trockensten und flachgründigsten Bereichen dieser Standorte entstehen reine Flaumeichenwälder. Mit zunehmender Wasserverfügbarkeit entstehen zunächst Flaumeichen-Transitionswälder, die durch das Vorkommen beider Arten (Flaum- und Trauben-Eichen) sowie ihrer Hybriden gekennzeichnet sind, die ihrerseits wiederum in Trauben-Eichenwälder übergehen (SAYER 2000). Diese charakteristischen Eichenartenkomplexe sind aber nicht nur auf Standorte im Südwesten Deutschlands beschränkt (Oberrheingraben). Sie finden sich auch an Trockenhängen des Odertals im östlichen Brandenburg. Dort haben waldbauliche Beobachtungen gezeigt, dass Trauben-/Flaum-Eichen-Hybriden (also Individuen mit genetisch unterschiedlichen Anteilen der jeweiligen Arten) mit hoher Vitalität in entstehende Bestandeslücken einwandern, wo vermehrt Kiefern wegen extremer Trockenheit abgestorben sind. Da viele der Hybriden „Trauben-Eichen-ähnliche“ Stammformen ausbilden und gleichzeitig eine erhöhte Trockenstresstoleranz aufweisen, sind solche natürlich entstandenen Hybriden unter forstlichen Gesichtspunkten gerade unter den Bedingungen des Klimawandels von besonderer Bedeutung. Die Erfassung und nachhaltige Nutzung solcher Genressourcen wäre nicht nur ein Beitrag für die Entwicklung arten- und strukturreicher, klimaresilienter Mischbestände sondern auch zur Risikovorsorge zum grundsätzlichen Walderhalt unter Extrembedingungen (vgl. KÄTZEL et al. 2012).

2.2 DNA-basierte Taxonomie und genetische Vielfalt heimischer Eichenartenkomplexe

Die verschiedenen Eichenarten können zunächst morphologisch nach spezifischen Blattmerkmalen bestimmt werden (AAS 1998; KREMER et al. 2002). Molekulargenetische Verfahren bieten hier genauere Möglichkeiten zur Untersuchung des taxonomischen Status bzw. zur Erfassung von Artanteilen in Beständen bzw. Individuen (LEPAIS et al. 2009; NEOPHYTOU et al. 2010, 2015). Aus verschiedenen Studien liegt für diese Zwecke eine umfangreiche Referenz-Datensammlung vor, die zur Charakterisierung verfügbarer Genressourcen herangezogen werden kann. Die im Folgenden zusammengestellten Daten stammen aus HÖLTKEN et al. (2012) und KÄTZEL et al. (2014) sowie aus einem bundesweiten Verbundprojekt zur Erfassung seltener Baumarten (BLE 2013).

Da es allerdings hinsichtlich Morphologie und Genetik zu fließenden Übergängen zwischen den Arten mitteleuropäischer Trockeneichen-Wälder kommt, ist eine vollständige genetische Artabgrenzung selbst in denjenigen Beständen nicht möglich, die morphologisch als reine Trauben- bzw. Flaum-Eiche charakterisiert worden sind. Die einzelnen Arten scheinen also immer auch genetische Information der jeweils anderen Art mitzuführen, was gerade diese Baumartengruppe für die Anpassung an prognostizierte Klimaverhältnisse so interessant macht.

In Abb. 1A sind die genetischen Anteile der jeweiligen Eichenarten für 22 Trauben-/Flaum-Eichenwälder dargestellt (ein Stiel-Eichenbestand als Outlier). Die Bestände erstrecken sich vom Dreiländereck (Deutschland/Frankreich/Schweiz) bis ins nordwestliche Polen (siehe Flaum-Eichenbestand im Odertal bei Biellinek [BIE], rechts in Abb. 1A).

Es ist zu erkennen, dass neben genetisch nahezu reinen Trauben- bzw. Flaum-Eichenbeständen auch viele Mischformen bestehen (linke Ordinate in Abb. 1A). Gerade in diesen Mischbeständen (Flaum-/ Trauben-Eichen-Transitionswälder) sind die Hybridisierungsraten am höchsten. Im Bestand GGB (Thüringen) liegen die Artanteile von Trauben- und Flaum-Eiche bei 39,3 bzw. 43,6 %, wovon der Anteil an Hybriden 50% ausmacht (rechte Ordinate in Abb. 1A). Ferner ist auch eine steigende Tendenz zwischen dem Anteil an Hybriden und der genetischen Vielfalt innerhalb der Bestände festzustellen (Abb. 1B). Dies deutet auf hohe Anpassungskapazitäten innerhalb dieser Mischbestände hin.

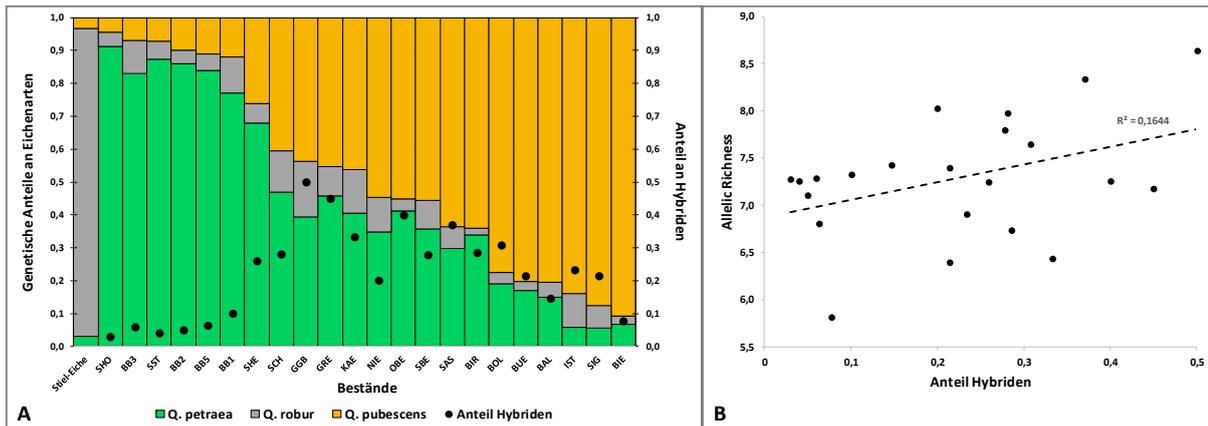


Abb. 1: DNA-basierte Taxonomie von 22 Rein- und Mischbeständen der Trauben- und Flaum-Eiche sowie Stiel-Eiche als Outlier (genauere Erläuterungen zu den Bestandes- und Standortdaten siehe BLE 2013, HÖLTKEN et al. 2012 und KÄTZEL et al. 2014).

(A) Genetischer Anteil der Eichenarten *Quercus petraea* (Trauben-Eiche) und *Q. pubescens* (Flaum-Eiche) und *Q. robur* (Stiel-Eiche, als Outlier) auf der linken Ordinate sowie der Anteil an Hybriden auf der rechten Ordinate; (B) Zusammenhang zwischen dem Anteil an Hybriden und genetischer Vielfalt (Allelic Richness) innerhalb der Trauben-/Flaum-Eichenvorkommen.

2.3 Studien zu genetisch-physiologischen Anpassungspotenzialen heimischer Eichenarten im Klimawandel

Unsere Eichenarten kommen aufgrund der effizienten Steuerung ihrer Fotosynthese, Blattmorphologie sowie Spross-/Wurzelverhältnisse deutlich besser mit extremen Standortsituationen zurecht als die meisten anderen Baumarten. Ihre hohe genetische Vielfalt in Kombination mit hohen Genflussraten innerhalb der Arten aber auch die Möglichkeit des Genaustausches zwischen Arten (Hybridisierung) ermöglichen eine schnellere Akkumulation und Rekombination neuer genetischer Varianten (BONFILS et al. 2015) und damit effiziente Anpassungsprozesse an drastische Umweltveränderungen.

An der NW-FVA stehen in den nächsten Jahren insb. die Flaum- und Trauben-Eiche und ihrer Hybriden im Focus der Untersuchungen. Deren Anpassungsfähigkeiten an Trockenheit und Hitze sind aus forstlicher Sicht besonders interessant. Deshalb werden die Forschungsarbeiten folgende Themenschwerpunkte beinhalten:

- Evaluierung von Eichenvorkommen (Bestände bestehend aus reiner Flaum- und Trauben-Eiche sowie Hybridschwärmen) basierend auf morphologischen und genetischen Bestimmungen sowie standörtlichen Eigenschaften (Orte mit Extrapolationspotential hinsichtlich Klima und Wasserhaushalt des Bodens)
- Analyse des Genflusses zwischen Flaum- und Traubeneiche in den ausgewählten Vorkommen, insbesondere die Übertragung artspezifischer Eigenschaften von ausgewählten Altbäumen (Kriterien: morphologische und genetische Artzuordnung, Vitalität und Stammform) auf ihre Nachkommen (Saatgut und Naturverjüngung, falls vorhanden)
- Anzucht von Versuchsmaterial: Vegetative Vermehrung der für die Genflussuntersuchungen ausgewählten Altbäume durch Gewebekulturtechnik
- Analyse physiologischer Stress- und Leistungsparameter an genetisch identischen Kopien der selektierten Einzelbäume (*In-vitro*-Material) in Klimakammer, Gewächshaus und Freiland
- Planung von Maßnahmen zur Sicherung ausgewählter genetischer Ressourcen für die spätere Erzeugung von hochwertigem, klimaresilientem forstlichem Vermehrungsgut: Design spezieller Samenplantagen, Auswahl von künftigen Saatguterntebeständen

Bei der Anzucht von Versuchspflanzen werden an der NW-FVA erstmalig Gewebekulturverfahren (*In-vitro*-Technik) zur vegetativen Vermehrung von ausgewählten Eichen eingesetzt und optimiert (ursprüngliche Arbeiten an Trauben- und Stiel-Eiche siehe MEIER-DINKEL 1987; MEIER-DINKEL et al. 1993). Aktuelle und deutlich modifizierte

Protokolle sind auf Grundlage der Arbeiten von JUNCKER und FAVRE (1989), SAN-JOSÉ et al. (1988, 1990), VIEITEZ et al. 1994, SÁNCHEZ et al. (1996), CHALUPA (1993), MARTÍNEZ et al. (2012, 2017), OSTROLUCKÁ et al. (2007) und SCHWARTZ-SAX (2019) entwickelt worden. Diese erlauben es jetzt, auch die Flaumeiche und ihre Hybriden über sterile Sprosskulturen *in-vitro* zu vermehren, zu bewurzeln und in ausreichender Zahl in Freiland-Bedingungen zu überführen (Abb. 2). Die Produktion von Versuchsgliedern je Individuum soll damit unbegrenzt und unabhängig von Jahreszeiten möglich sein. Auf diese Weise können ganzjährig Versuchspflanzen produziert und in ihrer jeweiligen Lebensphase für die Versuchsdurchgänge synchronisiert werden. Weitere Vorteile der *In-vitro*-Kulturtechnik sind die Reproduzierbarkeit der Versuchsdaten durch klonale Wiederholbarkeit des Genotyps. Diese Methode bietet erhebliche Potentiale zur Effizienzsteigerung und zeitlichen Beschleunigung von Forschungs- und Züchtungsvorhaben, was in Anbetracht des hohen Veränderungsdrucks durch die Dynamik des Klimawandels von großer Bedeutung ist.



Abb. 2: *In-vitro*-Gewebekultur (Vermehrung, Bewurzelung, Akklimatisierung) von Flaum-Eiche (*Quercus pubescens*) sowie von der Hybride zwischen Trauben- und Flaum-Eichen (*Quercus petraea* x *pubescens*) (Fotos: WENZLITSCHKE).

3 Der introgressive Einfluss von Kultursorten auf Wildapfel (*Malus sylvestris* L.) und Wildkirsche (*Prunus avium* var. *avium*)

3.1 Hintergrund

Aufgrund des Klimawandels sind vermehrt auch diejenigen heimischen Baumarten von Interesse, die derzeit nur sehr geringe Flächenanteile einnehmen. Dazu zählen z.B. Wildobstarten wie Wildapfel, Wildbirne, Vogelkirsche, Elsbeere und Speierling, aber auch Arten wie Feldulme, Schwarzpappel, Feldahorn etc. Diese Baumarten tragen nicht nur zur Erhöhung der Biodiversität bei, sie sind im Vergleich zu den gegenwärtigen wirtschaftlichen Hauptbaumarten meist auch toleranter gegenüber Dürre- und Hitzeperioden oder auch periodischen Überflutungen (HÖLTKEN und ARNDT 2018). Allerdings sind die genannten Baumarten aufgrund ihrer geringen Konkurrenzkraft von Natur aus selten oder nur sehr zerstreut anzutreffen. Zusätzlich haben menschliche Eingriffe die Verfügbarkeit geeigneter Habitats deutlich reduziert. Übriggebliebene (Relikt-)Vorkommen sind deshalb oft durch starke räumliche Isolation geprägt, was vielfach zu Verlusten genetischer Vielfalt aber auch zu ungünstigen demographischen Strukturen (Überalterung) geführt hat, da natürliche Verjüngung aufgrund der geringen Verfügbarkeit kompatibler Paarungspartner oft ausfällt (SCHRÖDER et al. 2013; HÖLTKEN et al. 2017).

Ein weiteres Problem ist erst in den letzten Jahrzehnten in den Fokus genetischer Studien gerückt: Hybridisierung von Wildobstvorkommen mit Kultursorten. Dies betrifft insbesondere diejenigen Arten/Gattungen, aus denen ertragreiche Sorten für den Obstanbau gezüchtet wurden (*Prunus*, *Malus*, *Pyrus*). Ein wichtiger Introgressionsweg ist die Bestäubung über Insekten, deren Effizienz als Pollenvektor in der Vergangenheit vermutlich deutlich

unterschätzt wurde. Erste Untersuchungen haben gezeigt, dass ein großer Teil der Befruchtungen in Saatguterntebeständen bzw. Samenplantagen der Vogelkirsche mit bestandesexternen Pollen erfolgt (18% bis mindestens 42%, vgl. HÖLTKEN 2005; DOUNAVI und KAROPKA 2010). Ähnliche Beobachtungen sind von KLEINSCHMIT et al. (2012) auch in Wildapfel-Samenplantagen gemacht worden, die einen externen Polleneintrag von mindestens 56% aufwiesen. Welche Auswirkungen eine solche Introgression auf die genetische bzw. ökologische Integrität der jeweiligen Wildformen hat, wird an der NW-FVA vorwiegend an der Wildkirsche und am Wildapfel untersucht.

3.2 Die Wildkirsche (syn. Wilde Vogelkirsche, Waldkirsche; *Prunus avium* var. *avium*)

Die Wildkirsche zeichnet sich durch rasches Jugendwachstum aus, das ihr in den ersten Lebensjahren gegenüber dominanten Klimaxbaumarten wie der Buche einen deutlichen Wuchsvorsprung ermöglicht. Ferner kann sie sich sehr effizient vegetativ über Wurzelbrut vermehren (HÖLTKEN und GREGORIUS 2006). Diese Eigenschaften ermöglichen es ihr, entstandene Waldöffnungen schnell zu besiedeln und in frühen sukzessionalen Stadien für Kontinuität im Nährstoffkreislauf zu sorgen bis diese Lücken wieder durch Klimaxbaumarten besetzt werden (Lückenstrategie nach OTTO 1994). Diese Schlüsselfunktion in Kombination mit ihrer überdurchschnittlichen Hitze- und Trockentoleranz macht die Wildkirsche gerade im Rahmen des Klimawandels zu einer interessanten Baumart.

Beobachtungen haben allerdings gezeigt, dass die aus Handelsware gepflanzten Wildkirschen-Bestände oft einen hohen Prozentsatz an geringwüchsigen, krummen Bäumen mit früh auflösenden Kronen aufweisen. Der Anteil an rasch wachsenden, wipfelschäftigen Bäumen ist demgegenüber meist geringer. Geringere Vitalität und höhere Absterberaten der Sämlinge deuten zudem auf schlecht an hiesige Umweltverhältnisse angepasste Erbeigenschaften hin (JANßen et al. 2010). Ein solcher Effekt als Folge genetischer Introgression aus Kulturformen ist zu erwarten, da die Züchtung von Süßkirschensorten darauf abzielt, starkastige Bäume mit immer größeren Früchten und hohen Fruchterträgen zu produzieren. Diese Form der züchterischen Selektion geht oft auch mit einer Reduktion des Höhenwuchses einher (veränderte Ressourcenverteilung von Höhenwuchs in Fruchtbildung). Ferner nahm die Züchtung von Süßkirschensorten ihren Ursprung in Kleinasien, also unter ganz anderen klimatischen Gegebenheiten. Aus den dortigen Wildformen ist auch der überwiegende Teil heutiger Kulturformen entstanden, zumeist Herz- und Knorpelkirschen (*P. avium* var. *juliana* und *P. avium* var. *duracina*). Diese Selektionen gelangten mit den Römern nach Mitteleuropa. Auf dieser genetischen Grundlage basieren auch heute noch unsere Kulturkirschen (AAS 2010; SIEGLER 2010).

3.3 Der Europäische Wildapfel (*Malus sylvestris*)

Der Wildapfel ist zwar äußerst konkurrenzschwach (lichtbedürftig, langsam-wüchsig), kann sich aber dank seiner breiten Standortamplitude (hohe Toleranz gegenüber Trockenheit als auch Überflutungen) an Sonderstandorten wie sonnenexponierten, felsigen Hängen als auch in Auwäldern mit periodischen Überschwemmungen behaupten. Aufgrund seines Vermögens zur Ausbildung von Wurzelbrut findet man ihn außerdem vereinzelt in historischen Hute- und Mittelwäldern (HÖLTKEN et al. 2017; HÖLTKEN und ARNDT 2018).

Diese natürlichen bzw. anthropogen geprägten Lebensräume sind aber sehr selten geworden, so dass sein Fortbestand in vielfacher Hinsicht gefährdet ist. Zusätzlich zu den oben bereits aufgezählten Ursachen (geringe Populationsgrößen, räumliche Isolation, Überalterung), hat auch bei dieser Baumart die Hybridisierung mit Kultursorten vielerorts zum Verlust der reinen Wildform geführt. Bei den Kulturformen handelt es sich nicht um die gleiche botanische Art (wie bei den Kirschen), sondern um Zuchtsorten asiatischer Wildäpfel, im Wesentlichen des Altai-Apfels (*Malus sieversii*).

Die Auswirkungen genetischer Introgression von Zuchtsorten auf die europäische Wildform liegen vor allem in der Verringerung der Standortamplitude. Eine kürzlich publizierte Studie zeigt, dass der artreine Europäische Wildapfel extremere Bodenbedingungen sowie wechselnde Licht- und Schattenverhältnisse während der frühen und mittleren Sukzessionsstadien der oberen Auenwälder erfolgreicher toleriert als Hybriden (AHL et al. 2021). Genetische Introgression aus Kultursorten ist im Falle des Wildapfels somit nicht nur artgefährdend, es wird auch die Ökosystemintegrität der Art infrage stellt, also die Fähigkeit charakteristische ökologische Nischen (Auenwälder) zu besetzen.

3.4 Genetische Differenzierung zwischen Wildtyp und Kulturformen

Eine wichtige Voraussetzung für die Detektion von Prozessen der Hybridisierung und Introgression sind Möglichkeiten der genetischen Differenzierung von Wild- und Kulturformen mit Hilfe molekulargenetischer Methoden. Im Folgenden sind Ergebnisse dargestellt, die an ausgewählten Kultursorten sowie in forstlichen Samenplantagen (SPL) erhoben wurden. Die Samenplantagen sind besonders interessant, da hier diejenigen Individuen vertreten sind, die morphologisch und phänotypisch am ehesten der Wildform entsprechen sollten. Für die Kirsche gingen 209 Kultursorten und 334 potentielle Wildkirschen aus fünf SPL in die Untersuchung ein, für den Apfel 76 Kultursorten und 422 potentielle Wildäpfel aus acht Erhaltungs-SPL. Bei den Kultursorten sind jeweils die wichtigsten kommerziellen, aber auch eine Vielzahl von alten Sorten und Landrassen vertreten.

Sowohl beim Apfel als auch bei der Kirsche sind Kern-Mikrosatelliten (SSRs) analysiert worden. Da es sich bei den Kulturformen des Apfels um eine andere Ausgangsart handelt (*Malus sieversii*), ist die genetische Differenzierung von Wild- und Kultursorten im Mittel über die einzelnen Genoci deutlich größer als zwischen Wild- und Kulturkirschen, die lediglich unterschiedlichen Herkünften oder Varietäten angehören. Deswegen werden bei den Äpfeln für die Differenzierung auch nur 6 SSRs eingesetzt (HÖLTKEN et al. 2014), bei der Kirsche sind es 16 SSRs. Bei der Wildkirsche werden zusätzlich noch die S-Allele am Selbstinkompatibilitäts-Locus analysiert. Auch die S-Allele werden (wie SSRs) mittels Kapillarsequenzierung detektiert (Verfahren siehe CACHI und WÜNSCH 2014, CACHI et al. 2017).

S-Allele stellen einen aussagekräftigen Marker dar, da sie eine vergleichsweise hohe Differenzierung zwischen Wildkirschen und den Kultursorten aufweisen. In Abb. 3 sind die gefundenen Unterschiede in der Häufigkeitsverteilung der SI-Allele zwischen potentiellen Wildtypen und den Kulturformen dargestellt. Von den 15 charakterisierten S-Allelen bei den Kulturkirschen werden 87% der genetischen Varianten ausschließlich durch die Allele SI-1 bis SI-6 abgedeckt. Die häufigsten Allele sind SI-3 und SI-4 mit 46,1%. Nur 13% der Allele verteilen sich auf neun weitere allelische Varianten. Diese Clusterung in der Häufigkeitsverteilung geht auf die ursprüngliche Nomenklatur (Nummerierung der S-Allele) zurück, die aus der Ermittlung von Kompatibilitätsgruppen (Voll-, Semi- und Inkompatibilität) innerhalb der Kulturkirschen-Sorten hervorgegangen ist (LADNER et al. 2003, KELLERHALS et al. 2014).

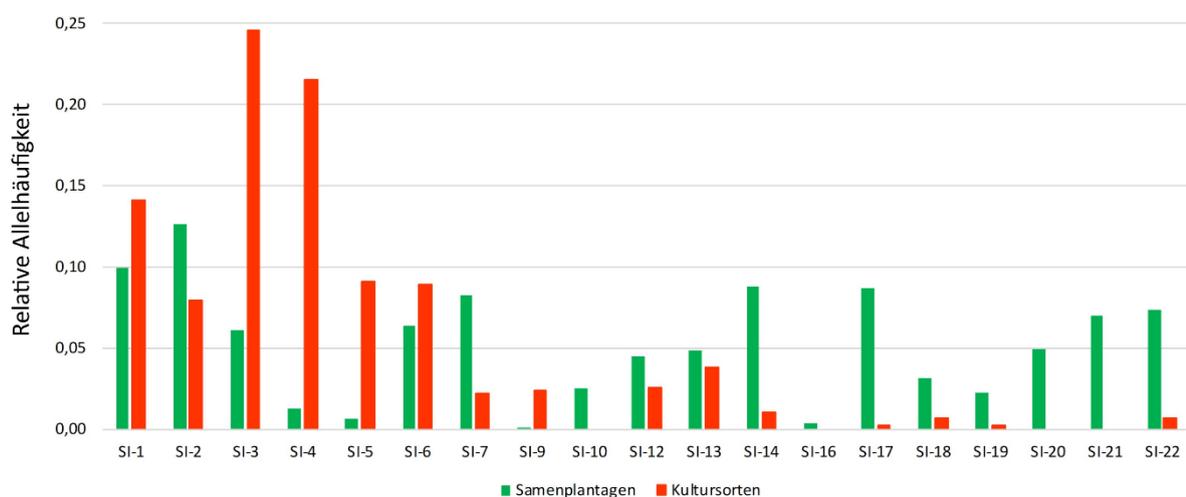


Abb. 3: Relative Häufigkeiten der S-Allele (Genlocus für gametophytische Selbstinkompatibilität) in fünf Samenplantagen potentieller Wildkirschen (*Prunus avium* var. *avium*, 334 Genotypen, ■) sowie in 209 Kultursorten (■).

Bei den potentiellen Wildkirschen ist die Häufigkeitsverteilung der 19 detektierten S-Allele deutlich gleichmäßiger. Dies ist auch zu erwarten, da die Häufigkeiten der S-Allele in (natürlichen) Populationen immer einen Gleichgewichtszustand anstreben, der durch die höchste Äquität (=Evenness, Gleichverteilung der Allele) und damit der höchsten allelischen Diversität charakterisiert ist (STEINER und GREGORIUS 1994).

Inwiefern es sich bei Beständen oder einzelnen Individuen um heimische Wildtypen, um Kulturformen oder aber Hybriden handelt, wurde mit Hilfe einer Hauptkomponentenanalyse (GenAIEx; PEAKALL und SMOUSE 2012) sowie durch eine Clusteranalyse beurteilt (STRUCTURE 2.3.4; PRITCHARD et al. 2000; FALUSH et al. 2003, 2007).

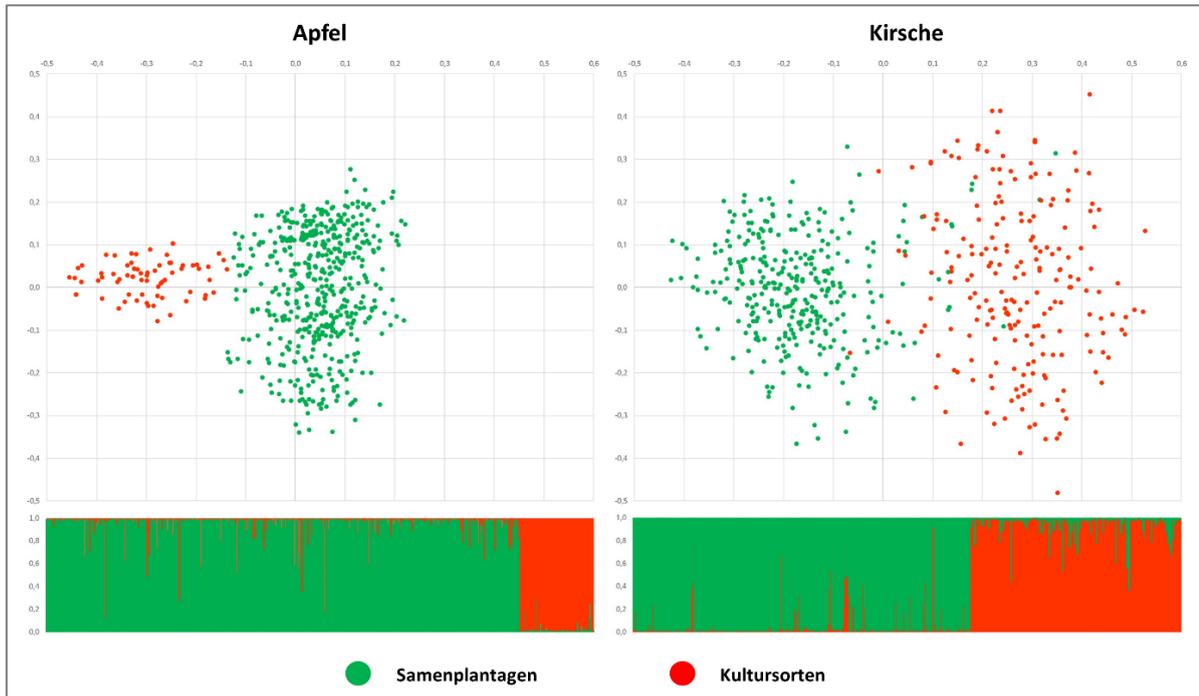


Abb. 4: Unterscheidung von Wild- und Kulturformen mit Hilfe der Hauptkomponentenanalyse (Software GenAIEx, oben) sowie einer Gruppierungsanalyse (Software STRUCTURE 2.3.4, unten) bei Apfel und Kirsche.

Die Daten zeigen, dass die beschriebenen Methoden eine hohe Trennschärfe zwischen unserem Wildapfel und den Kultursorten ermöglichen. Im STRUCTURE-Diagramm in Abb. 4 ist aber zu erkennen, dass in den Erhaltungs-SPL teilweise noch hybride Individuen vorkommen. Diese Genotypen wurden bzw. werden derzeit noch entfernt (Bereinigung der Samenplantage), da sich gerade bei diesen Individuen morphologisch in vielen Fällen kulturapfelähnliche Ausprägungen (Fruchtgröße und -farbe, Blattbehaarung etc.) herausgestellt haben.

Bei *P. avium* fällt die Trennschärfe ein wenig geringer aus. Auffallend ist, dass bei einigen Kulturkirschensorten vermehrt auch höhere Anteile der Wildform festgestellt werden konnten (siehe STRUCTURE-Muster sowie überlappende Bereiche in der PCoA). MARIETTE et al. (2010) erklärt diesen Umstand mit Genfluss aus lokalen Wildkirschenbeständen in schon etablierte Süßkirschensorten, woraus vielfach neue lokale Landrassen entstanden sind, welche in dieser Arbeit nicht explizit von modernen Kulturformen unterschieden worden sind. Diese Differenzierung (kommerzielle Kulturkirschensorten, alte Landrassen) soll in weiteren Studien noch erfolgen.

3.5 Verwertung der Ergebnisse in der Praxis

Das DNA-Archiv der NW-FVA mit ca. 800 Wildäpfeln sowie 76 Kulturapfelsorten stellt eine wichtige Basis für die genetische Bestimmung von Wild- und Kulturäpfeln sowie ihrer Hybriden dar. Dieses Vergleichsmaterial ermöglicht laufende gutachterliche Stellungnahmen für den Naturschutz über die Erhaltungswürdigkeit bzw. -dringlichkeit gemeldeter (potentieller) Wildapfel-Vorkommen. Ferner besteht derzeit eine hohe Nachfrage nach Vermehrungsgut für den Wildapfel (Renaturierung von Auenwäldern etc.). Allerdings kann die Menge an Saatgut nicht aus den vorhandenen Reliktorkommen gedeckt werden. Dazu braucht es Samenplantagen (SPL), die deutlich gesteigerte Erntemengen bei zeitlich-technisch einfacheren Beerntungsmöglichkeiten bieten. Genetische Methoden ermöglichen hier eine optimales SPL-Design, nicht nur hinsichtlich der Artreinheit sondern

auch im Hinblick auf die Rekonstruktion der Genpools verschiedener Vorkommensgebiete (HÖLTKEN et al. 2014, 2017).

Die Wildkirsche ist, gerade im Hinblick auf Klimaveränderungen, nicht nur ökologisch wertvoll sondern zusätzlich von steigendem forstlichem Interesse. Ein genetisches Diagnose-Tool soll künftig die genetische Integrität (Wildtyp, Kulturformen oder deren Hybriden) von Saatgutquellen sowie deren Nachkommenschaften erfassen. In dem Zuge sind auch Assoziationsstudien zwischen taxonomischem Status und phänotypischem Erscheinungsbild vorgesehen, um zu quantifizieren, wie stark sich der Einfluss genetischer Introgression tatsächlich auf die morphologischen (Qualitäts-) Eigenschaften unserer Wildkirsche auswirkt. Anders als der Wildapfel, unterliegt die Wildkirsche dem Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG). Um das Risiko zu minimieren, dass nicht angepasstes Vermehrungsgut auf die Flächen kommt, sollen die in den verschiedenen Ernteeinheiten erhobenen genetischen Daten künftig auch den Endverbrauchern zur Verfügung stehen. Dies kann u.a. im Rahmen der ständig zu aktualisierenden Herkunftsempfehlungen erfolgen.

Die Arbeiten an der Kirsche werden vom Niedersächsischen Ministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (ML) im Rahmen eines Drittmittelprojektes (Stadt.Land.ZUKUNFT) unterstützt.

4 Gezielte Kreuzungen in der Gattung *Juglans* (Juglandaceae, Walnussgewächse)

4.1 Eigenschaften von *J. regia*, *J. nigra* und ihrer Hybride *J. xintermedia*

Juglans regia L. (Echte Walnuss) liefert ein besonders hochwertiges Holz. Dennoch wurde die Walnuss zu keiner Zeit Bestandteil der Edellaubholzwirtschaft. Denn seit über 4000 Jahren stellte der Fruchtertrag das wichtigste Selektionskriterium für ihre Kultivierung dar. Das Holz der Walnuss kann deshalb eher als ein Nebenprodukt aus der Nussproduktion angesehen werden. Aber die Anforderungen an einen hohen Nussertrag beeinflussen die Formeigenschaften der Bäume deutlich negativ. Die Kulturformen der Walnuss mit ihren astreichen, breiten, niedrig ansetzenden Kronen und dem frühen Fruchtansatz sind für die waldbauliche Produktion deutlich weniger geeignet als z. B. Originalherkünfte aus den Wäldern des Fergana-Tals (Kirgistan) oder der Region Dachigam (Kaschmir, Indien), die auch unter mitteleuropäischen Klimaverhältnissen bedeutende Zuwachsraten erzielen (LÜTHY 2008). Die natürlichen Vorkommen der Echten Walnuss (*Juglans regia*) erstrecken sich vom Balkan über Kleinasien, dem Kaukasus sowie den Gebirgen Süd- und Zentralasiens, dem Himalaya bis nach West-China. Die Altitudinalverbreitung reicht von 500 m in Europa über 2500 m im Fergana-Tal in Kirgisistan bis 4000 m im Südwesten Chinas.

Juglans nigra L. (Schwarznuß) stammt ursprünglich aus dem östlichen Nordamerika. Hierbei handelt es sich um eine schnell wachsende Art, die in einer relativ kurzen Umtriebszeit von etwa 60 Jahren ebenfalls hochwertiges Holz produziert (BEINEKE 1983). Im Gegensatz zu *J. regia* benötigt die Schwarznuß aber frische bis feuchte und basenreiche Böden. Diese Anforderungen schließen den Anbau dieser Art in Deutschland nahezu aus, da naturschutzrechtliche Vorgaben die Anpflanzung dieser fremdländischen Art auf vielen dieser Standorte nicht zulassen.

Juglans x intermedia, eine Hybride zwischen *J. nigra* und *J. regia*, ist eine der wenigen Kreuzungskombinationen von Gehölzen, in der sich alle positiven Eigenschaften der Eltern in den Nachkommen vereinen und in einigen Eigenschaften sogar noch verbessern. Im Vergleich zu den Elternarten weisen die meisten *J. nigra* × *J. regia*-Hybriden, neben der sehr guten Holzqualität, eine erhöhte Wuchsleistung mit ausgeprägter apikaler Dominanz, vielfältige Krankheitsresistenzen, eine breitere Standortsamplitude und eine deutlich höhere Spätfrostresistenz auf (FADY et al. 2003).

4.2 Systematik entscheidet über Kreuzungserfolg

Um verschiedene *Juglans*-Arten miteinander zu kreuzen, sind Kenntnisse zur Systematik und zu genetischen Verwandtschaftsbeziehungen in dieser Gattung unumgänglich. Die *Juglans*-Arten werden auf Grundlage der Blattarchitektur, Holzanatomie sowie der Morphologie der Pollen und Früchte in die vier Sektionen *Dioscaryon* Dode (Echte Walnüsse), *Rhysocaryon* Dode (Schwarznüsse), *Cardiocaryon* Dode (Asiatische Butternüsse) und *Trachycaryon* (Amerikanische Butternuss, eine Art) eingeteilt (DODE 1909). Frühe molekulare Studien (FJELLSTROM

& PARFITT 1995; STANFORD et al. 2000) bestätigten die traditionelle taxonomische Einordnung der verschiedenen Walnussarten und stehen im Einklang mit der Biogeographie und der Fossilgeschichte.

Fossile Funde belegen, dass sich die Sektionen *Cardiocaryon* und *Rhysocaryon* fast zeitgleich entwickelt haben. Allerdings haben diese einen evolutionsgeschichtlich gemeinsamen Vorfahren. Neuere Studien an Kern- und Chloroplasten-Sequenzen zeigen, dass die Echte Walnuss (*J. regia*) die ursprünglichste Art dieser Gattung ist und sich alle anderen Arten von dieser ableiten (ARADHYA et al. 2007; STONE et al. 2009; DONG et al. 2017). Diese molekularen Verwandtschaftsbeziehungen zwischen den Arten der Gattung *Juglans* zeigen sich auch in ihrer Fähigkeit zur Hybridisierung untereinander, denn *J. regia* ist als einzige Art mit allen anderen Arten aus der Familie der Juglandaceen kreuzbar und erzeugt lebensfähige Nachkommen (Ausnahme Intersektionskreuzung *J. nigra* × *J. ailantifolia*, WOESTE und MICHLER 2011). Die Walnuss dient deshalb in der Züchtung als so genannte Brückenspezies (McGRANAHAN und LESLIE 2009).

Bei der Erzeugung von Komplexhybriden, wie z. B. *J. nigra* × (*J. regia* × *J. manshurica*) durch Kaskadenkreuzungen können Reproduktionsbarrieren zwischen sich nicht miteinander kreuzbaren Butter- und Schwarznüssen aufgeweicht werden, woraus sogenannte »Superhybriden« mit triploidem Chromosomensatz entstehen (eigene Analysen 2021).

4.3 Intra- und interspezifische Reproduktionsbarrieren bei Schwarz- und Walnuss

Durch gezielte Kreuzung können physiologische und temporale, präzygotische Reproduktionsbarrieren überwunden werden. Dafür sind Kenntnisse des Reproduktionsmechanismus in der Gattung *Juglans* eine wichtige Voraussetzung:

Die Anzahl potentieller Paarungspartner in Wal- und Schwarznussvorkommen ist, verglichen mit anderen Pflanzenarten, relativ gering, da sie nicht nur dichogam sondern heterodichogam sind (KNUTH 1906). Das heißt, es existieren zwei Paarungstypen und somit vormännliche (protandrische, PA-Typ) und vorweibliche (protogyne, PG-Typ) Individuen. Dieser phänotypische Dimorphismus ist typisch für die ganze Gattung *Juglans* (STOUT 1928; KIMURA et al. 2003; BAI et al. 2007). In einer (genetisch variablen) Population von Walnüssen kommen in der Mehrzahl protandrische, gefolgt von protogynen und sehr selten homogame (keine zeitliche Trennung bei der Blütenentwicklung der Geschlechter) Individuen vor (SOLAR et al. 1990). Auf diese Weise wird Selbstbefruchtung reduziert oder fast ausgeschlossen. Eine weitere Charakteristik der Walnüsse, welche gezielte Kreuzungen erschwert, ist ihre Neigung zur Apomixie. Apomiktisch erzeugte Nachkommen sind mit der Mutterpflanze identisch. Geht eine Walnuss zur apomiktischen Reproduktion über, dann fehlt entweder ein bestäubender Baum, die Dichogamie der Bestäuberbäume ist zu ausgeprägt oder die männlichen Kätzchen sind durch Spätfrost geschädigt (SARTORIUS 1990).

Obwohl auf Grundlage morphologischer und genetischer Studien die systematische Zuordnung der Walnuss und der Schwarznuss zu verschiedenen Sektionen in der Gattung *Juglans* eindeutig ist, können beide, auch unter freier Abblüte, miteinander hybridisieren. Da die Blüten der Schwarznuss im Allgemeinen aber mindestens zwei bis drei Wochen nach der Walnuss reifen, werden phänologische Barrieren für eine erfolgreiche Hybridisierung nur selten überwunden. Die höchste Wahrscheinlichkeit für die zeitliche Überlappung bestäubungsfähiger Blüten besteht dann, wenn der männliche Elternteil von einer spätblühenden protogynen Walnuss und der weibliche Elternteil von einer frühblühenden protogynen Schwarznuss gestellt werden. Auch die reziproke Kreuzung ist möglich. In diesem seltenen Fall müsste der männliche Elternteil von einer frühblühenden protandrischen Schwarznuss und der weibliche von einer spätblühenden protandrischen Walnuss gestellt werden (POLLEGIONI et al. 2010, 2013).

Die Hybride *Juglans* × *intermedia* (*J. nigra* × *J. regia*) ist von hohem wirtschaftlichen Interesse. Gegenwärtig hängt die Produktion neuer Hybrid-Genotypen aber vollständig von einer erfolgreichen freien Abblüte nur weniger, ausgewählter „hybridogener“ Bäume beider Arten ab. Die Einrichtung einer Hybrid-Samenplantage in Frankreich ist ein Beispiel für eine effektive Hybridproduktion mit hoher Ausbeute. Dort wurde die älteste und bekannteste französische *J. × intermedia* (NG23 × RA) durch freie Abblüte des Schwarznussklons „NG23“ (♀) mit vier *J. regia*-Bäumen (♂) gewonnen (BECQUEY 1990). Auch in Deutschland wird in der Baumschule Schott (Baden-Württemberg) die *Intermedia*-Hybridsorte „Reni“ mit einer jährlich wechselnden Ausbeute von 20 bis 60 % produziert (mündliche Überlieferung Anton Schott).

4.4 Künstliche Erzeugung von Hybriden: Von der Bestäubung bis zur Pflanzenproduktion

Aus zahlreichen Studien ist bekannt (vgl. WOESTE und MICHLER 2011), dass Hybridisierung zwischen *J. nigra* und *J. regia* durch gezielte künstliche Bestäubung in nur ~0.3 % der Fälle erfolgreich ist. Trotz der steigenden Nachfrage nach *J. ×intermedia*-Bäumen für die Forstwirtschaft ist ihre großflächige Produktion durch kontrollierte Kreuzungen aufgrund des Absterbens der weiblichen Blüten durch Pollen-Überladung (MCGRANAHAN et al. 1994) und der geringen Lebensfähigkeit des gelagerten Pollens (LUZA und POLITO 1985) nicht effektiv. Trotz der Identifizierung von Elternbäumen, die unter natürlichen Bedingungen hybridogen zu sein scheinen, war es bisher schwierig Hybriden durch kontrollierte Kreuzungen zu erzeugen (MCKAY 1965; SCHEEDER 1990).

Wie LUZA und POLITO (1985,1988) berichten, scheint die Lebensdauer von Walnusspollen unter natürlichen Bedingungen sehr kurz zu sein. Seine Vitalität kann durch Temperatur, relative Luftfeuchtigkeit und Reifegrad beeinflusst werden. Dennoch scheint die Hauptursache des Absterbens von *Juglans*-Pollen die rasche Austrocknung bei zu geringer Luftfeuchte im Freiland oder im Exsikkator zu sein. Einen bemerkenswerten Hinweis auf die starke Verringerung der Vitalität von Schwarznusspollen, schon nach kurzer Zeit, lieferte BEINEKE (1983). So verlor der Pollen aller getesteten Sorten bei einer Lagerung von 24 °C innerhalb von zwei Tagen vollständig seine Keimfähigkeit *in-vitro*. In Anbetracht der komplizierten Reproduktionsbiologie und der verschiedenen Reproduktionsbarrieren ist es für den Züchter schwierig, ausreichend und qualitativ hochwertigen Pollen für die Kreuzung von *Juglans nigra* × *J. regia*, aber auch in reziproker Richtung, vorzuhalten. So reift der Pollen der Walnuss bis zu 6 Wochen vor der Empfänglichkeit der weiblichen Blüten der Schwarznuss. Umgekehrt müsste der Pollen von Schwarznüssen ein Jahr gelagert werden um die Blüten von Walnüssen zu bestäuben (GRIGGS et al. 1971). Verschiedene Methoden zur Lagerung und Lebensfähigkeitsprüfung von *Juglans*-Pollen wurden mit unterschiedlichen Ergebnissen durchgeführt (LUZA und POLITO 1985, 1988b; BEINEKE 1983). So scheint die Trocknung in Exsikkatoren und eine ungekühlte Lagerung die Keimfähigkeit zu verringern. Demgegenüber ist die Lagerung bei -20° C möglich, wenn die Luftfeuchtigkeit bei 33 % bleibt. HALL und FARMER (1971) wiesen nach, dass die Vitalität von Schwarznusspollen bei der Lagerung in flüssigem Stickstoff (-196 °C) erhalten bleibt.

Um den zukünftigen Nussertrag in Plantagen schon bei deren Anlage zu steigern, konzentrierte man sich vor allem auf die Maximierung der Pollendichte während der Reifezeit der weiblichen Blüten. Wie in CATLIN et al. (1987) bei der Walnuss und BEINEKE (1983) für die Schwarznuss berichten, kann Pollenüberladung zum Absterben der weiblichen Blüten führen und damit das Gegenteil bewirken. Das Problem des Blütenverlusts durch Pollenüberladung wurde vor allem dort festgestellt, wo wie z. B. in Plantagen nur wenige männliche Pollenspender eingesetzt wurden oder bei gezielten Kreuzungen immer nur ein Pollentyp je Kreuzung verwendet wurde (MCGRANAHAN ET AL. 1994). Andererseits gibt es Belege, dass eine hohe Pollendiversität die Empfänglichkeit von Blüten steigern kann (KRON & HUSBAND 2006). Bei vielen Pflanzen ist die Anzahl der auf einer Narbe abgelagerten Pollenotypen positiv mit dem Fortpflanzungserfolg korreliert. Auch bei kontrollierten Kreuzungen erhöht eine größere Vielfalt der Pollenquellen die Wahrscheinlichkeit, dass eine weibliche Blüte Pollen von einem genetisch kompatiblen Spender erhält. So erhöht sich die Zahl der befruchteten Eizellen je Baum (präzygotische Faktoren) und/oder verringert die Embryoabortion (postzygotische Faktoren).

Die Wahrscheinlichkeit, dass die Samen (Nüsse) aus gezielten Kreuzungen nicht keimen, ist hoch. Um eventuellen postzygotischen Anomalien bei der Keimung aus dem Wege zu gehen, können Embryonen unter sterilen Bedingungen (*in-vitro*) gekeimt und weiter kultiviert werden. Alle Vermehrungstechniken von ausgewählten Phänotypen und Kultursorten, wie Stecklinge und Pfropfungen, einschließlich der Bewurzelung, erweisen sich in der gesamten Gattung *Juglans* als schwierig. Die Schwierigkeiten bei der vegetativen Vermehrung sind so auch für den Bereich der Sterilkulturen übertragbar und zeigen dort bezüglich der Kulturbedingungen zusätzlich noch eine hohe Abhängigkeit vom Genotyp (SCALTSOYIANNES et al. 1997). Dennoch bestehen verschiedene Protokolle für die erfolgreiche Etablierung, Vermehrung und Bewurzelung von vegetativen Sprosstteilen und Embryonen (PAYGHAMZADEH und KAZEMITABAR 2011; RÍOS LEAL et al. 2007; SADAT-HOSSEINI et al. 2022; MEIER-DINKEL und WENZLITSCHKE 2017; TUAN et al. 2016, 2017).

4.5 Forschungsarbeiten NW-FVA

An der NW-FVA werden erstmals intra- und interspezifische künstliche Kreuzungen zur Verbesserung von Qualität, Ertrag und Klimaanpassung von Wal- und Schwarznüssen und ihrer Hybriden durchgeführt. Das Vorhaben wird über die FNR (Fachagentur für Nachwachsende Rohstoffe) gefördert (Förderkennzeichen 2219NR145). In diesem Projekt sollen gezielt Wertholzeigenschaften in Neuzüchtungen übertragen und neu entstandene Genotypen durch Mikrovermehrung ausgehend von zygotischen Embryonen bereitgestellt werden. Wesentliches Ziel ist die Selektion von spätaustreibenden Genotypen (Spätfrosttoleranz), welche gleichzeitig in einer verkürzten Vegetationsperiode auch die gleiche, hohe Leistung erbringen (hohe Fotosynthese-Effizienz). Die biometrische, phänologische und physiologische Prüfung der Versuchsglieder findet sowohl in Klimakammer- als auch in Feldversuchen statt.

Auf Basis bisher vorliegender Erkenntnisse über die Systematik, Reproduktionsbiologie und physiologischen Ansprüche der Wal- und Schwarznuss wurde ein Konzept für gezielte intra- und interspezifische Kreuzungen zur Gewinnung hochwertiger Genotypen der Walnuss (*Juglans regia*) und der Hybridnuss (*Juglans x intermedia*) erstellt. In den Kreuzungsplan integriert wurden vor allem die Schwerpunktparameter Pollenlagerung, Anwendung von Mischpollen sowie die Synchronisation des Blühzeitpunkts (Abb. 5).

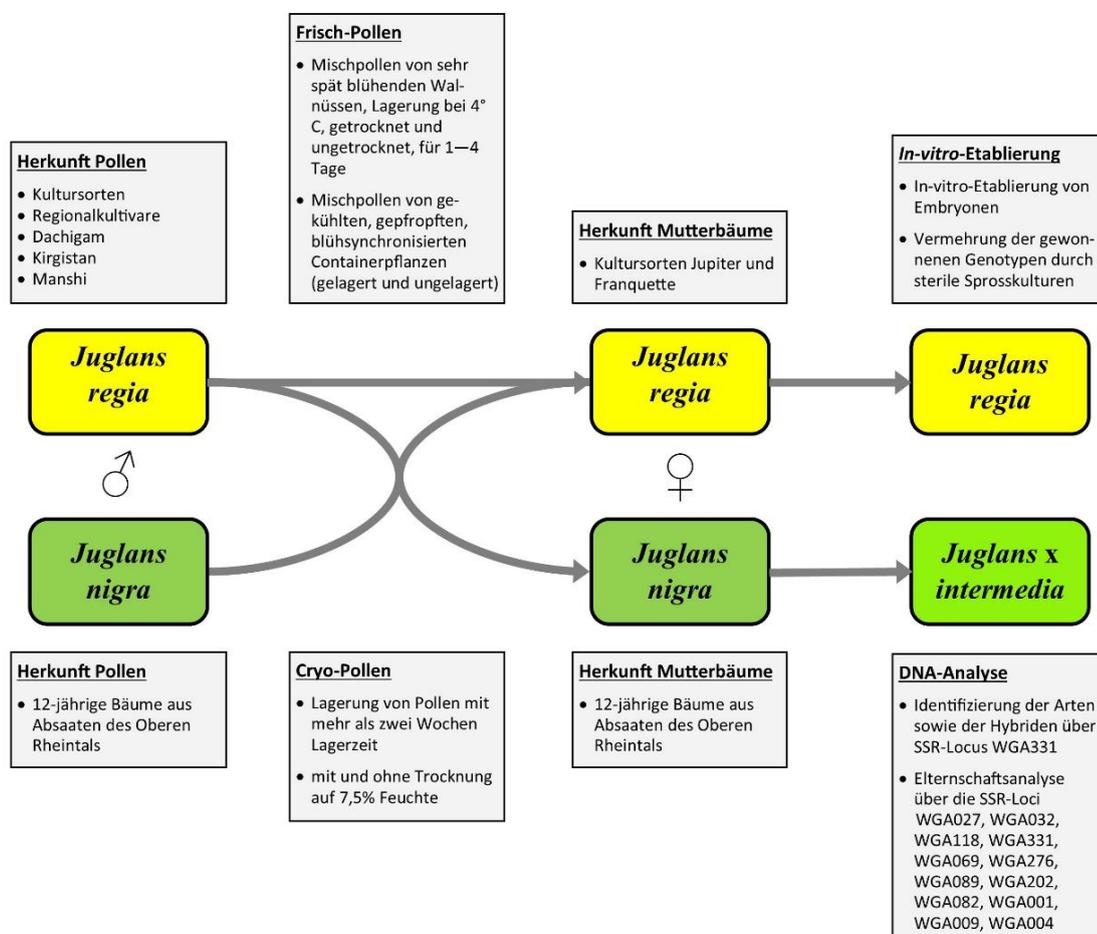


Abb. 5: Intra- und interspezifischer Kreuzungspläne an Wal- und Schwarznüssen (*Juglans regia* und *J. nigra*) beinhalten Daten zu Herkünften von Pollenspendern und Mutterbäumen, zur Pollenbehandlung, zu *In-vitro*-Methoden für die Sicherung der Nachkommenschaften (Embryonen), sowie zu Methoden der Verifikation des Kreuzungserfolgs mit Hilfe von DNA-Analysen.

Die Sicherung der Embryonen erfolgt über Gewebekultur. Für die *In-vitro*-Etablierung der Embryonen werden modifizierte Protokolle aus MEIER-DINKEL & WENZLITSCHKE (2017) sowie TUAN et al. (2016, 2017) angewendet. Die Verifikation des Kreuzungserfolgs erfolgt über DNA-Analysen (Elternschaftsanalysen). Dafür werden Mikrosatelliten (SSR-Loci) aus POLLEGIONI et al. (2009) genutzt (Abb. 5).

Referenzen

- AHL L, AAS G, WALENTOWSKI H, HÖLTKEN AM, FEULNER M (2021): Niche differentiation between *Malus sylvestris* and its hybrid with *Malus domestica* indicated by plant community, soil and light. *Journal of Vegetation Science* 32: e13078.
- AAS G (1998): Morphologische und ökologische Variation mitteleuropäischer *Quercus*-Arten. Ein Beitrag zum Verständnis der Biodiversität. München. IHW Verlag.
- AAS G (2010): Die Vogelkirsche (*Prunus avium* L.) und ihre Verwandtschaft. LWF-Wissen 65: 7-12.
- ARADHYA MK, POTTER D, GAO F, SIMON CJ (2007): Molecular phylogeny of *Juglans* (Juglandaceae): a biogeographic perspective. *Tree Genetics & Genomes* 3: 363-378.
- BAI WN, ZENG YF, LIAO WJ, ZHANG DY (2006): Flowering phenology and wind-pollination efficacy of heterodichogamous *Juglans manshurica* (Juglandaceae). *Annals of Botany* 98: 397-402.
- BECQUEY J (1990): Quelques précisions sur les noyers hybrides. *Forêt entreprise* 69: 15-19.
- BEINEKE WF (1983): Genetic improvement of black walnut for timber production. *Plant Breeding Review* 1: 236-266.
- BIALOZYT R, RATHMACHER G, NIGGEMANN M, ZIEGENHAGEN B (2012): Wie groß ist das Potential von *Populus nigra* mit *Populus x canadensis* Hybridschwärme zu bilden? – Wo sich Mendel und molekulare Marker begegnen. *Beiträge aus der NW-FVA*, Band 8: 295-313.
- BIJARPASI MM, MÜLLER M, GAILING O (2020): Genetic diversity and structure of Oriental and European beech populations from Iran and Europe. *Silvae Genetica* 69: 55-62.
- BLE (2013): Untersuchungen zur Flaum-Eiche. Endbericht zum Verbundprojekt »Erfassung und Dokumentation genetischer Ressourcen seltener Baumarten in Deutschland«, Bundesamt für Landwirtschaft und Ernährung, 82 S.
- BÖHLMANN D (2009): Hybriden bei Bäumen und Sträuchern. Wiley-VCH Verlag GmbH & Co. KGaA.
- BONFILS P, RIGLING A, BRÄNDLI U-B, BRANG P, FORSTER B, ENGESSER R, GUGERLI F, JUNOD P, MÜLLER R, GÜNTHARDT-GEORG MS (2015): Die Eiche im Klimawandel - Zukunftschancen einer Baumart. *Merkblatt für die Praxis*. Eidg. Forschungsanstalt WSL Birmensdorf 55: 1-12.
- BUSCHBOM J, HÖLTKEN AM, DEGEN B, JOLIVÉ C, KERSTEN B, LIESEBACH H, SCHRÖDER H (2012): Diversität und Differenzierung mitteleuropäischer Eichen: Bewirtschaftung flexibler Arten. Tagungsband der 12. Forstwissenschaftlichen Tagung. München, Freising 19.-22.09.2012.
- CACHI AM, WÜNSCH A (2014): S-genotyping of sweet cherry varieties from Spain and S-locus diversity in Europe. *Euphytica* 197: 229-236.
- CACHI AM, WÜNSCH A, VILANOVA A (2017): S-locus diversity and cross-compatibility of wild *Prunus avium* for timber breeding. *Plant Breeding* 136: 126-131.
- CATLIN PB, RAMOS DE, SIBBETT GS, OLSON WH, OLSSON EA (1987): Pistillate flower abscission of the Persian walnut. *HortScience* 22: 201-205.
- CHALUPA V (1993): Vegetative propagation of oak (*Quercus robur* and *Q. petraea*) by cutting and tissue culture. *Ann Sci. For* 50, Suppl. 1: 295-307.
- CRACIUNESCU I, SOFLETEA N, CURTU AL (2012): Identification of hybrids between oak species. Conference: Biennial International Symposium. Forest and Sustainable Development Brasov At: Brasov, Romania.
- CURTU AL, GAILING O, FINKELDEY R (2007): Evidence for hybridization and introgression within a species-rich oak (*Quercus* ssp.) community. *BMC Evolutionary Biology* 7: 218.
- CURTU AL, GAILING O, FINKELDEY R (2009): Patterns of contemporary hybridization inferred from paternity analysis in a four-oak-species forest. *BMC Evolutionary Biology* 9: 284.
- DACASA-RÜDINGER MC, GONZÁLEZ A, HAMANN K, HÜLLER W, WOLF H (2020): Wirtschaftliche Produktionszeiten für geprüfte Hybridlärchen-Nachkommenschaften und deren Holzeigenschaften. *Thünen-Report* 76: 119-125.

- DI PIETRO R, CONTE L, DI MARZIO P, GIANGUZZI L, SPAMPINATO G, CALDARELLA O, FORTINI P (2020): A multivariate morphometric analysis of diagnostic traits in southern Italy and Sicily pubescent oaks. *Folia Geobot.* 55: 163-183.
- DODE LA (1909): Contribution to the study of the genus *Juglans* (English translation by R.E. Cuendett). *Bull. Soc. Dendrol. France* 11: 165-215.
- DONG W, XU C, LI W, XIE X, LU Y, LIU Y, JIN X, SUO Z (2017): Phylogenetic Resolution in *Juglans* based on complete chloroplast genomes and nuclear DNA. *Front. Plant. Sci.* 8: 1148.
- DOUNAVI A, KAROPKA M (2010): Wie viel Liliental ist in der Liliental-Kirsche? Eine Vaterschaftsanalyse. *FVA-einblick* 01/10: 6-7.
- FALUSH D, STEPHANS M, PRITCHARD JK (2003): Inference of population structure: Extensions to linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics* 164: 1567–2620.
- FALUSH D, STEPHANS M, PRITCHARD JK (2007): Inference of population structure using multilocus genotype data: dominant markers and null alleles. *Molecular Ecology Notes* 7: 574–578.
- FEHRENS S, WEBER D (2012): Ökologisches Potenzial und Analyse von Leistungsparametern europäischer Weidenarten für den Kurzumtrieb. *Beiträge aus der NW-FVA, Band 8*: 315-340.
- FJELLSTROM RG, PARFITT DE (1995): Phylogenetic analysis and evolution of the genus *Juglans* (Juglandaceae) as determined from nuclear genome RFLPs. *Systematic Evolution* 197: 19-32.
- FORTINI P, DI MARZIO P, DI PIETRO R (2014): Differentiation and hybridization of *Quercus frainetto*, *Q. petraea* and *Q. pubescens* (Fagaceae): insights from macro-morphological leaf traits and molecular data. *Plant Syst. Evol.* 301: 375-385.
- GAILING O (2010): Erfassung der adaptiven genetischen Variation der Eiche im Hinblick auf den Klimawandel. *Schweiz. Z. Forstw.* 161: 216-222.
- GAILING O, CURTU AL (2014): Interspecific gene flow and maintenance of species integrity in oaks. *Annals of Forest Research* 57: 5-18.
- GAILING O, BUDE KB, MÜLLER M (2022): Veränderung genetischer Variationsmuster von Waldbäumen unter Gesichtspunkten des Klimawandels. *Allg. Forst- u. J.-Ztg.* 192: 93-105.
- GEBHARDT K (2012): Neuzüchtung, Erprobung und mögliche Verwendung bisher nicht registrierter Weidensorten. *Beiträge aus der NW-FVA, Band 8*: 55-68.
- GEBUREK T, SCHÜLER S (2011): Hybridlärche - eine "Baumart" mit Potenzial. *BFW-Praxisinformation* 25: 14-16.
- GRIGGS WH, FORDE HI, IWAKIRI BT, ASSAY RN (1971): Effect of subfreezing temperature on the viability of Persian walnut pollen. *Horticulture Science* 6: 235-237.
- GUGERLI F, FRANK A, RELLSTAB C, PLUESS AR, MOSER B, AREND M, SPERISEN C, WOHLGEMUT T, HEIRI C (2016): Genetische Variation und lokale Anpassung bei Waldbaumarten im Zeichen des Klimawandels. S. 93-113. In: PLUESS AR, AUGUSTIN S, BRANG P (Red.) *Wald im Klimawandel. Grundlagen für Adaptionsstrategien.* Bundesamt für Umwelt BAFU, Bern; Eidg. Forschungsanstalt WSL, Birmensdorf; Haupt, Bern, Stuttgart, Wien.
- GÜNTHARDT-GEORG MS, BONFILS P, RIGLING A, AREND M (2016): Wie meistert die Eiche den Klimawandel? *Zürcher Wald* 3: 4-7.
- HÄCKER M, BERGMANN F (1991): The proportion of hybrids in seed from a seed orchard composed of two larch species (*L. europaea* and *L. leptolepis*). *Ann. Sci. For.* 48: 631-640.
- HALL GC, FARMER RE (1971): In vitro germination of black walnut pollen. *Canadian Journal of Botany* 49: 799-802.
- HARRISON RG (1990): Hybrid zones - Windows on evolutionary process. *Oxf. Surv. Evol. Biol.* 7: 69-128.
- HEINZE B (2008): Genetic traces of cultivated hybrid poplars in the offspring of native *Populus nigra* in Austria. *Preslia* 80: 365-374
- HEBDA A, KEMPF M, WACHOWIAK W, PLUCINSKI B, KAUZAL P, ZWIJACZ-KOZICA (2021): Hybridization and introgression of native and foreign *Sorbus* tree species in unique environments and protected mountainous areas. *AoB Plants* 13, plaa070.
- HÖLTKEN AM (2005): Genetische Untersuchungen zu den Voraussetzungen und Konsequenzen einer rezedenten Lebensweise am Beispiel der Vogelkirsche (*Prunus avium* L.). Dissertation Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie, Universität Göttingen.
- HÖLTKEN AM (2018): Genetische Untersuchungen zur Ausbeute an *Larix x eurolepis* in Nachkommen-schaften der Hybridlärchen-Samenplantage Stackelitz. Unveröffentlichtes Gutachten an die Landesdarre Sachsen-Anhalt, Betreuungsforstamt Annaburg.

- HÖLTKEN AM, ARNDT HJ (2018): Erhaltung seltener Baumarten. Waldzustandsbericht 2018 für die Länder Hessen, Niedersachsen, Sachsen-Anhalt und Schleswig-Holstein. Hrsg.: Zuständige Ministerien HMUKL, ML, MELUND, MWL.
- HÖLTKEN AM, BUSCHBOM J, KÄTZEL R (2012): Die Artintegrität unserer heimischen Eichenarten *Quercus robur* L., *Q. petraea* (Matt.) Liebl. und *Q. pubescens* (Willd.) aus genetischer Sicht. Allg. Forst- und Jagdzeitung (5-6): 100-110.
- HÖLTKEN AM, HENNIG A, KLEINSCHMIT J, ARNDT HJ, STEINER W (2017): Erhaltung und Produktion gebietseigener genetischer Vielfalt in *Ex-situ*-Populationen – Umsetzung der Ergebnisse aus DNA-Studien am Wildapfel. Naturschutz und Landschaftsplanung 49: 126-134.
- HÖLTKEN AM, GEGORIUS HR (2006): Detecting local establishment strategies in wild cherry (*Prunus avium* L.). BMC Ecology 6: 13.
- HÖLTKEN AM, STEINER W, KLEINSCHMIT J (2014): Artintegrität und geographisch-genetische Strukturen des heimischen Wildapfels (*Malus sylvestris* (L.) Mill.). Allg. Forst- u. Jagdzeitung (11/12): 285-296.
- JANES JK, HAMILTON JA (2017): Mixing It Up: The Role of Hybridisation in Forest Management and Conservation under Climate Change. Forests 8: 237.
- JANßen A, MEIER-DINKEL A, STEINER W, DEGEN B (2010): Forstgenetische Ressourcen der Vogelkirsche. Forst und Holz 65: 19-24.
- JANßen A, FEHRENS S, FEY-WAGNER C, HÜLLER W (2012): Züchtung von Schwarz- und Balsampappeln für den Kurzumtrieb. Beiträge aus der NW-FVA, Band 8: 33-54.
- JUNCKER B, FAVRE JM (1989): Clonal effects in propagating oak trees via in vitro culture. Plant Cell Tissue Organ Cult 19: 267-276.
- KÄTZEL R, BECKER F, SCHRÖDER J, GLATTHORN J, HÖLTKEN AM, LÖFFLER S (2012): Flaum- und Zerr-Eiche in Brandenburg - Alternative Baumarten im Klimawandel? Eberswalder Forstliche Schriftenreihe 49: 23-36.
- KÄTZEL R, KAMP T, HÖLTKEN AM, BECKER F, SCHRÖDER J (2014): Die Vorkommen der Flaum-Eiche (*Quercus pubescens* Willd.) und ihrer Hybriden nördlich der Alpen. Landbauforschung – Applied Agricultural and Forestry Research 64: 73-84.
- KELLERHALS M, SCHÜTZ S, CHRISTEN D, MÜHLENZ I (2014): Befruchtung bei Obstsorten. Agroscope Transfer Nr. 41: 22 S.
- KHODWEKAR S, GAILING O (2017): Evidence for environment-dependent introgression of adaptive genes between two red oak species with different drought adaptations. Am. J. Bot. 104: 1088-1098.
- KIMURA M, SEIWA K, SUYAMA Y, UENO N (2003): Flowering system of heterodichogamous *Juglans ailanthifolia*. Plant Spec Biol 18: 75-83.
- KLEINSCHMIT JRG, HOSIUS B, LEINEMANN L (2012): Gefährdung von Wildapfelsamenplantagen durch Genfluss. Forstarchiv 83: 19-25.
- KNUTH P (1906): Handbook of flower pollination. 3 vols. Clarendon Press, Oxford. Trans. by J.R.A. Davis.
- KREMER A (2010): Evolutionary responses of European oaks to climate change. Ir. For.: 11-20.
- KREMER A, DUPOUEY JL, DOUGLAS DEANS J et al. (2002): Leaf morphological differentiation between *Quercus robur* and *Quercus petraea* is stable across western European mixed oak stands. Ann. For. Sci. 59: 777-787.
- KRON P, HUSBAND BC (2006): The effects of pollen diversity on plant reproduction: insights from apple. Sexual Plant Reproduction 19: 125-131.
- LADNER J, FREY J, FREY B, JACOB S, FOORS K (2003): Partnerwahl bei Süßkirschen. Schweiz. Z. Obst- u. Weinbau 23: 7-10.
- LEPAIS O, PETIT RJ, GUICHOUX E, LAVABRE JE, ALBERTO F, KREMER A, GERBER S (2009): Species relative abundance and direction of introgression in oaks. Molecular Ecology 18: 2228-2242.
- LEROY T, LOUVET JM, LALANNE C, LE PROVOST G, LABADIE K, AURY J-M, DELZON S, PLOMION C, KREMER A (2019): Adaptive introgression as a driver of local adaptation to climate in European white oaks. New Phytologist 226: 1171-1182.
- LIESEBACH M, SCHNECK V, WOLF H (2012): Züchtung von Aspen im Kurzumtrieb Beiträge aus der NW-FVA, Band 8: 71-88.
- LÜTHY H, EHRLING A (2008): Anbauversuch mit autochthonen Walnussbäumen. AFZ-Der Wald (16): 852-854.
- LUZA JG, POLITO VS (1985): In vitro germination and storage of English walnut pollen. Science Horticulturae 27: 303-316.
- LUZA JG, POLITO VS (1988): Cryopreservation of English walnut (*Juglans regia* L.) pollen. Euphytica 37: 141-148.
- MARIETTE S, TAVAUD M, ARUNYAWAT U, CAPDEVILLE G, MILLAN M, SALIN F (2010): Population structure and genetic bottleneck in sweet cherry estimated with SSRs and the gametophytic self-incompatibility locus. BMC Genetics 11: 77.

- MARTÍNEZ MT, VIDAL N, BALLESTER A, VIEITEZ AM (2012): Improved organogenic capacity of shoot cultures from mature pedunculated oak trees through somatic embryogenesis as rejuvenation technique. *Trees, Structure and Function* 26: 321-330.
- MARTÍNEZ MT, CORREDOIRA E, VIEITEZ AM, CERNADAS MJ, MONTENEGRO R, BALLESTER A, VIEITEZ FJ, SAN-JOSÉ MC (2017): Micropropagation of mature *Quercus ilex* L. trees by axillary budding. *Plant Cell Tiss Organ Cult* 131: 499-512.
- MCGRANAHAN GH, VOVIATZIS DG, CATLIN PB, POLITO VS (1994): High pollen loads can cause pistillate flower abscission in walnut. *Journal of the American Society for Horticultural Science* 119: 505-509.
- MCGRANAHAN G, LESLIE C (2009): Breeding walnuts (*Juglans regia*). S. 249-273: In: S.M. Jain & P.M. Pryadarshan (Eds), *Breeding Plantation Tree Crop: Temperate Species*. New York: Springer Science + Business Media.
- MCKAY JW (1965): Progress in Black x Persian walnut breeding. *Annu Rep North Nut Growers Assoc* 54: 76-80.
- MEIER-DINKEL A (1987): In vitro Vermehrung und Weiterkultur von Stieleiche (*Quercus robur*) und Traubeneiche (*Quercus petraea*). *Allg. Forst- und Jagdzeitung* 158: 199-204.
- MEIER-DINKEL A, BECKER B, DUCKSTEIN D (1993): Micropropagation and ex vitro rooting of several clones of late-flushing *Quercus robur* L. *Ann Sci For* 50 (Suppl 1): 319-322.
- MEIER-DINKEL A, WENZLITSCHKE I (2017): Micropropagation of mature *Juglans* hybrids. *Acta horticulturae* 1155: 85-92.
- MÜLLER M, LOPEZ PA, PAPAGEORGIOU AC, TSIRIPIDIS I, GAILING O (2019): Indications of genetic admixture in the transition zone between *Fagus sylvatica* L. and *Fagus sylvatica* ssp. *orientalis* Greut. & Burd. *Diversity* 11: 90.
- NEOPHYTOU C, ARAVANPOULOS FA, FINK S, DOUNAVI A (2010): Detecting interspecific and geographic differentiation patterns in two interfertile oak species (*Quercus petraea* (Matt.) Liebl. and *Q. robur* L.) using small sets of microsatellite markers. *Forest Ecology and Management* 259: 2026–2035.
- NEOPHYTOU C, GÄRTNER SM, VARGAS-GAETE R, MICHILS HG (2015): Genetic variation of Central European oaks: shaped by evolutionary factors and human intervention? *Tree Genetics & Genomes* 11: 79.
- OSTROLUCKÁ MG, GAJDOSOVÁ A, LIBIAKOVÁ G (2007): Protocol for micropropagation of *Quercus* spp. *Protocols for Micropropagation of Woody Trees and Fruits*: 85-91.
- OTTO HJ (1994): *Waldökologie*. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart.
- PAYGHAMZADEH K, KAZEMITABAR SK (2011): In vitro propagation of walnut - a review. *African Journal of Biotechnology* 10: 290-311.
- PEAKALL R, SMOUSE PE (2012): GenA1Ex 6.5: Genetic Analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. *Bioinformatics Applications Note* 28: 2537-2539.
- PETIT RJ, BODÉNÈS C, DUCOUSSO A, ROUSSEL G, KREMER A (2003): Hybridization as a mechanism of invasion in oaks. *New Phytologist* 161: 151-164.
- POLLEGIONI P, WOESTE K, SCARASCIA MUGNOZZA G, MALVOLTI ME (2009): Retrospective identification of hybridogenic walnut plants by SSR fingerprinting and parentage analysis. *Mol Breeding* 24: 321-335.
- POLLEGIONI P, WOESTE K, OLIMPIERI I, DUCCI F, MALVOLTI ME (2010): Pollen biology and hybridization process: open problem in walnut. *Pollen: Structure, Types and Effects*: 65-99.
- POLLEGIONI P, OLIMPIERI I, WOESTE KE, DE SIMONI G, GRAS M, MALVOLTI ME (2013): Barriers to interspecific hybridization between *Juglans nigra* L. and *J. regia* L. species. *Tree Genetics & Genomes* 9: 291-305.
- PRITCHARD JK, STEPHENS M, DONNELLY P (2000): Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155: 945–959.
- PROIETTI E, FILESI L, DI MARZIO P, DI PIETRO R, MASIN R, CONTE AL, FORTINI P (2021): Morphology, geometrics, and taxonomy in relict deciduous oaks woods in northern Italy. *Rendiconti Lincei. Scienze Fisiche e Naturali* 32: 549–564.
- RIECKMANN C, SCHNECK V, LIESEBACH M (2020): Ein Vergleich von Absaaten europäischer Hybridlärchen-Samenplantagen. *Thünen-Report* 76, S. 100-118.
- RÍOS LEAL D, SÁNCHEZ-OLATE M, AVILÉS F, MATERAN ME, URIBE M, HASBÚN R, RODRÍGUEZ R (2007): Micropropagation of *Juglans regia* L. S. 381-390. In: JAIN SM, HÄGGEMAN H (eds.), *Protocols for Micropropagation of Woody Trees and Fruits*.
- ROHMEDER E, SCHÖNBACH H (1959): *Genetik und Züchtung der Waldbäume*. Verlag Paul Parey.
- SADAT-HOSSEINI M, ARAB MM, SOLTANI M, EFTEKHARI M, SOLEIMANI A, KOUROSH V (2022): Predictive modelling of Persian walnut (*Juglans regia* L.) in vitro proliferation media using machine learning approaches: a comparative study of ANN, KNN and GEP models. *Plant Methods* 18: 48.

- SÁNCHEZ MC, SAN-JOSE MC, BALLESTER A, VIEITEZ AM (1996): Requirements for in vitro rooting of *Quercus robur* and *Q. rubra* shoots derived from mature trees. *Tree Physiol* 16: 673-680.
- SAN-JOSE MC, BALLESTER A, VIEITEZ AM (1988): Factors affecting in vitro propagation of *Quercus robur* L. *Tree Physiol* 4: 281-290.
- SAN-JOSE MC, BALLESTER A, VIEITEZ AM (1990): Clonal propagation of juvenile and adult trees of sessile oak by tissue culture. *Silvae Genetica* 39: 50-55.
- SARTORIUS R (1990): Anatomische histologische und cytologische Untersuchungen zur Samenentwicklung bei der Walnuss (*Juglans regia* L.) unter besonderer Berücksichtigung der Apomixis. Dissertation, Fakultät III, Agrarwissenschaften der Universität Hohenheim, 123 S.
- SAYER U (2000): Die Ökologie der Flaumeiche (*Quercus pubescens* Willd.) und ihrer Hybriden auf Kalkstandorten an ihrer nördlichen Arealgrenze. *Dissertationes Botanicae* 340.
- SCALTSOYIANNES A, TSOLUPHA P, PANETSOS KP, MOULALIS D (1997): Effect of genotype on micropropagation of walnut trees (*Juglans regia*). *Silvae Genetica* 46, 326-332.
- SCHIEDER T (1990): *Juglans x intermedia* in einem Bestand am Kaiserstuhl. *AFZ-Der Wald* 45: 1236-1237.
- SCHNECK V, LIESEBACH M (2015): Potenziale von Aspe im Kurzumtrieb. *Thünen-Report* 26: 177-180.
- SCHRÖDER J, KÄTZEL R, SCHULZE T, KAMP T, HUBER G, HÖLTKEN AM, STEINER W, KONNERT M (2013): Seltene Baumarten in Deutschland: Zustand und Gefährdung. *AFZ/Der Wald* (12): 4-6.
- SCHWARTZ-SAX M, BASSUK N, BRIDGEN M (2019): Tissue culture clonal propagation of hybrid white oaks for the urban environment. *Hort Sci* 54: 2214-2223.
- SIEGLER H (2010): Süßkirschen im Obstbau. *LWF-Wissen* 65: 39-46.
- SOLAR AH, STAMPAR F, SMOLE J (1990): The degree of heterodichogamy of some walnut cultivars (*Juglans regia* L.) in Slovenia. *Acta horticulturae* 442: 217-224.
- STANFORD AM, HARDEN R, PARKS CR (2000): Phylogeny and biogeography of *Juglans* (Juglandaceae) based on matK and ITS sequence data. *American Journal of Botany* 87: 872-882.
- STEINER W, GREGORIUS HR (1994): Single-locus gametophytic incompatibility: the symmetric equilibrium is globally asymptotically stable. *J. Math. Biol.* 32: 515-520.
- STONE DE, OH S, TRIPP EA, RIOS G, LUIS E, MANOS PS (2009): Natural history, distribution, phylogenetic relationships, and conservation of Central American black walnuts (*Juglans* sect. *Rhysocaryon*). *Journal of the Torrey Botanical Society* 136: 1-25.
- STOUT AB (1928): Dichogamy in flowering plants. *Bull Torrey Bot Club* 55: 141-153.
- TUAN PN, MEIER-DINKEL A, HÖLTKEN AM, WINKELMANN T (2016): Paving the way for large scale micropropagation of *Juglans x intermedia* using genetically identified hybrid seed. *Plant Cell, Tissue & Organ Culture* 126: 153-166.
- TUAN PN, HÖLTKEN AM, MEIER-DINKEL A, WENZLITSCHKE I, WINKELMANN T (2017a): Factors Affecting Shoot Multiplication and Rooting of Walnut (*Juglans regia* L.) *in vitro*. *Acta Horticulturae* 1155: 525-530.
- TRÖBER U, HAASEMANN W (2000): Pollination effects in a larch seed orchard. *Forest Genetics* 7: 77-82.
- VIEITEZ AM, CONCEPCIÓN-SANCHEZ J, AMO-MARCO B, BALLESTER A (1994): Forced flushing of brunch segments as a method for obtaining reactive explants of mature *Quercus robur* trees for micropropagation. *Plant Cell Tiss. Organ Cult.* 37: 287-295.
- VISCOSI V, FORTINI P, SLICE DE, LOY A, BLASI C (2009a): Geometric morphometric analyses of leaf variation in four oak species of the subgenus *Quercus* (Fagaceae). *Plant Biosystems* 143: 575-587.
- VISCOSI V, LEPAIS O, GERBER S, FORTINI P (2009b): Leaf morphological analyses in four European oak species (*Quercus*) and their hybrids: A comparison of traditional and geometric morphometric methods. *Plant Biosystems* 143: 564-574.
- WIMMER CA (2014): Die Bollweiler Birne x *Sorbyrus irregularis* (Münchh.) C.A. Wimm.: Geschichte und Nomenklatur. *Zandera* 29: 58-69.
- WOESTE K, MICHLER C (2011): *Juglans*. S. 77-87. In: KOLE C (ed), *Wild crop relatives: genomic and breeding resources, forest trees*. Springer-Verlag Berlin-Heidelberg.

Autorin und Autoren

AKI M. HÖLTKEN, NICOLE OPFERMANN, STEFFEN FEHRENTZ

Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA), Abteilung Waldgenressourcen, Prof.-Oelkers-Str. 6,
34346 Hann. Münden

Kontakt: aki.hoeltken@nw-fva.de

Nachkommenschaftsprüfungen bei der Wald-Kiefer (*Pinus sylvestris* L.)

VOLKER SCHNECK

Zusammenfassung

Nachkommenschaftsprüfungen sind ein zentrales Element der Forstpflanzenzüchtung. Sie können als Leistungsprüfungen der Nachkommen oder zur Analyse quantitativ genetischer Parameter (Heritabilität, Kombinationseignung, Zuchtwert) genutzt werden. Die Erzeugung des Versuchsmaterials kann dabei durch gelenkte Kreuzungen oder frei Abblühte der entsprechenden Ausleseebäume erfolgen. Gelenkte Kreuzungen lassen sich vor allem bei windbestäubenden, getrennt geschlechtlichen Arten (z. B. Koniferen) durchführen.

Wegen ihrer wirtschaftlichen Bedeutung und der leichten Durchführbarkeit von gelenkten Kreuzungen befindet sich die Wald-Kiefer besonders im Focus züchterischer Aktivitäten. Durch das Thünen-Institut für Forstgenetik und seine Vorgängerinstitutionen wurden mit dieser Baumart seit Ende der 1970er Jahre viele Nachkommenschaftsprüfungen angelegt. Diese werden überwiegend auch heute noch unterhalten und regelmäßig ausgewertet. Die Mehrzahl dieser Prüfungen sind Versuche mit Nachkommenschaften ausgelenkten Kreuzungen. So wurden seit den 1970'er Jahren sechs Kreuzungsserien realisiert. Aus den daraus resultierenden Nachkommenschaftsprüfungen existieren heute noch 12. Insgesamt werden auf diesen Flächen 340 Vollgeschwister-Familien (aus gelenkten Kreuzungen) geprüft. In der jüngeren Vergangenheit wurden im Rahmen der Projekte „FitForClim“ und „AdaptForClim“ sechs Nachkommenschaftsprüfungen mit 140 Halbgeschwister-Familien zur Ermittlung des Zuchtwerts der selektierten Plusbäume angelegt.

In einer 31-jährigen Nachkommenschaftsprüfung mit 81 Vollgeschwister-Familien und drei Versuchsflächen konnten Nachkommenschaften mit überdurchschnittlicher Wuchs- und Qualitätsleistung identifiziert werden. So übertrafen die besten Nachkommenschaften die Absaat einer Samenplantage um 7,5 - 13,3 % im Höhenwachstum. Ebenfalls konnten Elternbäume mit positiven Zuchtwerten für dieses Merkmal identifiziert werden. Die praktische Nutzung der Ergebnisse ist einerseits über die Reproduktion der Familien mit den besten Leistungen (gute spezielle Kombinationseignung) möglich. Dafür können mit Pfropflingen der jeweiligen Elternbäume Zweiklon-Samenplantagen aufgebaut werden. Um die Diversität bei der Verwendung von so produzierten Vermehrungsgut zu erhöhen, ist eine Mischung von Saat- bzw. Pflanzgut aus mehreren solcher Samenplantagen denkbar. Andererseits können Samenplantagen mit Pfropflingen der Plusbäume mit den besten Zuchtwerten angelegt werden.

Summary

Progeny testing of Scots pine (*Pinus sylvestris* L.)

Progeny tests are a central element of forest tree breeding. They can be used as performance tests of the progenies or for the analysis of quantitative genetic parameters (heritability, combination ability, breeding value). The production of the test material can be done by controlled crosses or openpollination of the corresponding plus trees. Controlled crosses can be carried out especially with wind-pollinated, dioecious species (e.g. conifers).

Because of its economic importance and the ease with which controlled crosses can be carried out, Scots pine is a particular focus of breeding activities. The Thünen Institute of Forest Genetics and its predecessor institutions have established many progeny trials with this tree species since the end of the 1970s. Most of these are still maintained and regularly evaluated today. The majority of these trials are tests with progeny from controlled crosses. Thus, since the 1970's, six series of controlled crosses and progeny tests have been realised. From the resulting progeny trials, 12 still exist today. A total of 340 full-sib families (from controlled crosses) are tested. In

the recent past, six progeny trials with 140 half-sib families were set up as part of the projects "FitForClim" and "AdaptForClim" to determine the breeding value of the selected plus trees.

In a 31-year-old progeny test with 81 full-sib families and established at three sites, progenies with above-average growth and quality performance could be identified. Thus, the best progenies outperformed the offspring of a seed orchard by 7.5 - 13.3 % in height growth. Likewise, parent trees with positive breeding values for this trait could be identified. The practical use of the results is possible on the one hand by reproducing the families with the best performance (good special combining ability). For this purpose, two-clone seed orchards can be established with grafts of the respective parent trees. To increase diversity in the use of reproductive material produced in this way, a mixture of seed or planting material from several such seed plantations is conceivable. On the other hand, seed orchards can be established with grafts of the plus trees with the best breeding values.

1 Einleitung

Nachkommenschaftsprüfungen sind ein zentrales Element der Forstpflanzenzüchtung. Sie werden genutzt, um die genetische Veranlagung von ausgewählten Elternbäumen (Plusbäumen) zu bestimmen. Dabei können sie als Leistungsprüfungen der Nachkommen oder zur Analyse quantitativ genetischer Parameter (Heritabilität, Kombinationseignung, Zuchtwert) genutzt werden. Die Erzeugung des Versuchsmaterials erfolgt dabei durch gelenkte Kreuzungen oder frei Abblühte der entsprechenden Ausleseebäume. Gelenkte Kreuzungen lassen sich bei windbestäubenden, getrennt geschlechtlichen Arten (z. B. Koniferen) leicht durchführen.

Die Wald-Kiefer (*Pinus sylvestris* L.) ist eine bedeutende Wirtschaftsbaumart in Deutschland. Nach den Ergebnissen der dritten Bundeswaldinventur beträgt ihr Flächenanteil 22,3 % am gesamten Wald. Einen Verbreitungsschwerpunkt hat sie auf Sandstandorten in Osten Deutschlands (Anteil an der Waldfläche bis zu 70 %). Auch wenn es in den letzten Jahren auf besonders dürregefährdeten Standorten zu größeren Schädigungen von Kiefern gekommen ist, so wird die Kiefer auch zukünftig eine anbauwürdige Baumart bleiben. Wegen ihrer großen wirtschaftlichen Bedeutung und der leichten Durchführbarkeit von gelenkten Kreuzungen befindet sich die Wald-Kiefer bereits seit vielen Jahrzehnten im Focus züchterischer Aktivitäten. Als Ergebnis dieser Arbeiten existieren heute Klonarchive und viele Versuchsflächen mit dieser Baumart in Deutschland. Dadurch kann die Kiefer auch als Modellbaumart für die Klärung züchtungstheoretischer und genetischer Fragestellungen dienen.

Von der damaligen Zweigstelle für Forstpflanzenzüchtung Waldsiedersdorf des Instituts für Forstwissenschaften Eberswalde wurde ab 1970 ein Programm zur züchterischen Verbesserung der Kiefer mittels gelenkter Kreuzungen und nachfolgenden Nachkommenschaftsprüfungen realisiert. Diese Arbeiten wurden durch das Thünen-Institut für Forstgenetik fortgeführt. Zielsetzung war die Züchtung von sogenannten Hochzuchtsorten (vergleichbar mit geprüften Vermehrungsgut nach den heutigen Regelungen) mit hoher Wuchsleistung bei gleichzeitig guter Schaftform und Astqualität sowie erhöhter Stabilität. Dieses Material sollte für die Anlage von Holzzuchtplantagen geeignet sein. Es war geplant mit Pfropflingen der besten Kombinationen (hohe spezielle Kombinationseignung) Bi-Klonsamenplantagen anzulegen und auf diesem Wege die F1-Generation (intraspezifische Hybriden) immer wieder zu reproduzieren (KOHSTOCK und SCHNECK 1992). So können sowohl die additiven als auch die Dominanzeffekte bei der Vererbung der jeweiligen Merkmale genutzt werden.

Zwischen 1970 und 2002 wurden sechs Kreuzungsserien realisiert und 12 Nachkommenschaftsprüfungen angelegt (Tabelle 1). Der überwiegende Teil der Nachkommenschaften (340) stammte aus kontrollierten Kreuzungen. Als Kreuzungspartner fungierten vor allem Plusbäume aus dem Nordostdeutschen Tiefland und Polen. Zu einem geringeren Anteil auch aus dem Vogtland, Thüringen, Schweden, Finnland und Lettland. Ziel der Kreuzungen war es, die gute Wuchsleistung der Tieflandskiefer mit der guten Qualität der Kiefern ost- und nordeuropäischer Herkunft zu kombinieren. Außerdem sollten mögliche Heterosiseffekte, die bei der Kreuzung zwischen Individuen aus geografisch weit voneinander entfernten Populationen aufgrund der Kombination sehr verschiedener genetischer Konstitutionen auftreten können, genutzt werden. Zusätzlich befinden sich in den

Versuchen auch Einzelstammabsaaten freiabgeblühter Mutterbäume und einige Absaaten von Beständen und Samenplantagen. Die Versuche stocken auf typischen Kiefernstandorten (schwach bis mäßig nährstoffversorgt, mittelfrisch). Gepflanzt wurde überwiegend im Verband 2,0 x 0,5 m.

Tabelle 1: Nachkommenschaftsprüfungen mit Kiefer.

Jahr	Nachkommenschaften	Ort	Größe [ha]	Standort	Pflanzen
1979	78 aus Kreuzungen, 10 frei abgeblüht, 2 Herkünfte	Gablenz (BB)	2,3	M 2 - mäßig nährstoffversorgt, mittelfrisch	3 x 80
1985	72 aus Kreuzungen, 33 frei abgeblüht, 7 Herkünfte	Waldsieversdorf (BB)	2,0	M 2- mäßig nährstoffversorgt, mittelfrisch	3 x 50
		Weißwasser (SN)	1,0	Z 2 - ziemlich arm, mittelfrisch	3 x 50
1990	81 aus Kreuzungen, 6 frei abgeblüht, 1 Herkunft	Neustrelitz (MV)	1,8	M 2 - mäßig nährstoffversorgt, mittelfrisch	3 x 60
		Eiserbude bei Eberswalde (BB)	1,8	M 2- mäßig nährstoffversorgt, mittelfrisch	3 x 60
		Spremberg (BB)	1,8	Z 2 - ziemlich arm, mittelfrisch	3 x 60
1991	31 aus Kreuzungen, 43 frei abgeblüht, 14 Herkünfte	Waldsieversdorf (BB)	1,1	M 2 - mäßig nährstoffversorgt, mittelfrisch	3 x 60
1995	51 aus Kreuzungen, 4 Herkünfte	Peitz (BB)	1,2	Z 2 - ziemlich arm, mittelfrisch	3 x 64
1999	24 aus Kreuzungen, 1 Herkunft	Müncheberg (BB)	0,8	Z 2 - ziemlich arm, mittelfrisch	3 x 80
		Nochten (SN)	0,8	Kippsande	3 x 80
2002	35 aus Kreuzungen, 18 frei abgeblüht, 1 Herkunft	Briesen (BB)	1,0	Z 2 - ziemlich arm, mittelfrisch	3 x 80
		Hohenleipisch (BB)	1,5	Z 2 - ziemlich arm, mittelfrisch	3 x 80
2016	117 frei abgeblüht, 4 Herkünfte	Groß Breese (BB)	1,7	A 1 - arm, frisch: Z2g – ziemlich arm, schwach grundfrisch = 5: 1	4 x 32
		Heidhof (MV)	1,9	A 1 - arm, frisch: A 2 – arm, mittelfrisch = 3:7	4 x 32
		Müllrose (BB)	0,5	Z 1 – ziemlich arm, frisch	5 x 4
2019	57 frei abgeblüht, 2 Herkünfte	Berlin-Blankenfelde	1,5	ehemaliges Rieselfeld	4 x 52
		Buckow (BB)	1,1	Z 2 - ziemlich arm, mittelfrisch	4 x 52
		Treuenbrietzen (BB)	1,0	M 2 - mäßig nährstoffversorgt, mittelfrisch (Brandfläche)	4 x 52

Neben der bereits erwähnten Suche nach den besten Nachkommenschaften für eine wirtschaftliche Nutzung bilden die Versuche heute auch die Grundlage für die Klärung von züchtungstheoretischen Fragestellungen. So wird untersucht, inwieweit sich mittels Kreuzungszüchtung die Anpassungsfähigkeit der Kiefer steigern lässt, um so die Stabilität der Baumart auch in Hinblick auf mögliche Klimaänderungen verbessern zu können. In diesem Zusammenhang ist ebenfalls von Interesse, wie sich Kreuzungszüchtung auf die genetische Konstitution und die Diversität auswirkt. Weiterhin stehen heute die Anwendung von Methoden der quantitativen Genetik zur Schätzung von Heritabilitäten und Zuchtwerten sowie die Untersuchung der Vererbung von Merkmalen mit molekulargenetischen Marken im Focus der Forschung. Die umfangreichen Versuche und Erfahrungen sowie die vorhandenen Daten machen die Kiefer zu einem Modell für die Abschätzung von Chancen und Risiken der Anwendung von Kreuzungszüchtung in der Forstwirtschaft.

Nach einer längeren Pause wurden in den Jahren 2016 und 2019 wieder Nachkommenschaftsprüfung im Rahmen der Projekte „FitForClim“ und „AdaptForClim“ angelegt (Tabelle 1). Diesmal wurden ausschließlich Absaaten freiabgeblühter Mutterbäume aus zwei älteren Samenplantagen verwendet. Zielstellung dieser Versuche ist die Zuchtwertermittlung der geprüften Mutterbäume.

Im Folgenden sollen exemplarisch Ergebnisse der Nachkommenschaftsprüfung von 1990 vorgestellt werden, da dieser Versuch aus methodischer Sicht als besonders gelungen betrachtet werden kann. Es werden auf drei Versuchsflächen 88 gleiche Prüfglieder (vollständige Orthogonalität) geprüft und die Versuche konnten sich ohne größere zufällige Störungen über 31 Jahre entwickeln.

Tabelle 2: Nachkommenschaftsprüfung 1990 - Herkunft der Kreuzungspartner.

Auslesebaum	Herkunft
Gü 16	Güstrow (Mecklenburg-Vorpommern)
M 100/24, M 129, M 133, M 143	Rostocker Heide (Mecklenburg-Vorpommern)
Mi 7, Mi 18	Mirow (Mecklenburg-Vorpommern)
Pe 17, Pe 23, Pe 26	Perleberg (Mecklenburg-Vorpommern)
B 1100/25	Rathenow (Brandenburg)
B 2100/10, B 2100/15	Peitz (Brandenburg)
B 2500/3, B 2500/9, B 2514, B 2524, B 2527	Kolpin (Brandenburg)
B 400/5, B 400/29	Angermünde (Brandenburg)
B 724, B 729, B 731, Gr 6	Gransee (Brandenburg)
SA 200/1, SA 200/8	Colbitz (Sachsen-Anhalt)
Ni 17, Ni 19	Niesky (Sachsen)
Hi 4	Hildburghausen (Thüringen)
Be 11	Bad Berka (Thüringen)
Schl 15, Schl 24	Schleiz (Thüringen)
Bi 1, Bi 17	Starzyna (Nordost-Polen)
Pl 21	Plaska (Nordost-Polen)
Po 9, Po 17, Po 22, Po 24	Pokoj (Südwest-Polen)
Roz 5, Roz 6, Roz 15, Roz 16	Rozpuda (Nordost-Polen)
Ry 6	Rytel (Nord-Polen)
Ryt 10, Ryt 11, Ryt 13, Ryt 14, Ryt 17	Rychtal (Südwest-Polen)
Su 12, Su 24	Suprasl (Nordost-Polen)
Tab 6, Tab 9, Tab14	Taborz (Nordost-Polen)
Tar 9, Tar 10, Tar 48, Tar 49	Tarda (Nordost-Polen)

2 Material und Methode

Für diese Nachkommenschaftsprüfung wurden zwischen 1984 und 1987 entsprechende gelenkte Kreuzungen in einem Klonarchiv an Pfropflingen von Auslesebäumen aus Ostdeutschland und Polen durchgeführt (Tabelle 2). Im Frühjahr 1990 erfolgte die Anlage von drei Nachkommenschaftsprüfungen an den Versuchsorten Eiserbude (BB), Neustrelitz (MV) und Spremberg (BB) mit zweijährigen Sämlingen im Pflanzverband 2,0 x 0,5 m. Auf allen drei Flächen wurden dieselben 88 Prüfglieder in Parzellen mit je 60 Pflanzen in dreifacher Wiederholung ausgebracht. Dabei stammten 81 Nachkommenschaften aus gelenkten Kreuzungen. Sechs weitere waren Einzelstammabsaaten frei abgeblühter Plusbaumpfropflinge. Weiterhin wurde eine Absaat der Samenplantage Güstrow in Waldsiefersdorf in neunfacher Wiederholung als Kontrolle ausgepflanzt.

Die letzte Aufnahme erfolgte nach einer Standzeit von 31 Jahren. Gemessen wurden alle Durchmesser in 1,3 m Höhe und bei allen Bäumen wurde die Schaftform nach einer dreistufigen Skala bonitiert. Folgende Noten wurden vergeben: 9 – gerade, zweischnürig; 5 – leichte Krümmung(en), einschnürig (waldbaulich noch geeignet); 1 – krumm, nichtschnürig. Die Höhe wurde bei zehn Bäumen je Parzelle gemessen. Fehlende Höhen wurde mittels der lineare Regression Durchmesser zu gemessenen Höhen nachkommenschaftsspezifisch berechnet.

$$I_W = \sum_{i=1}^k a_i \frac{v_i - \bar{v}_i}{s_{v_i}}$$

Ebenfalls berechnet wurde das Einzelstammschaftholzvolumen. Für eine komplexe Beurteilung der Nachkommenschaften wurde ein Selektionsindex (I_W) nach der folgenden Formel berechnet:

Dabei ist k -Anzahl der Merkmale, a_i - Bewertungsfaktor, v_i -Merkmalsausprägung der Nachkommenschaft, \bar{v}_i - Versuchsmittelwert, s_{v_i} - Standardabweichung des Versuchsmittelwertes. Die Höhe ging mit dem Bewertungsfaktor 2, der Durchmesser in 1,3 m Höhe und die Schaftform mit dem Faktor 1 in den Index ein.

3 Ergebnisse

Zwischen den Versuchsflächen gab es deutliche Unterschiede in der Wuchseistung, die wegen der unterschiedlichen Standortgüte auch erwartet wurden (Tabelle 3). Das mittlere Höhenwachstum auf der Fläche Neustrelitz über trifft die beste Bonität (34 m im Alter 100) der Kiefern-Ertragstafel für ostdeutsche Kiefernbestände (LEMCKE et al. 1975) um mehr als eine Bonitätsstufe. Das mittlere Leistungsniveau der anderen beiden Flächen liegt zwischen den absoluten Mittelhöhenbonitäten 32 und 34 m. Die Absaat der Samenplantage Güstrow erreicht Mittelhöhen die knapp unter den jeweiligen Versuchsmittelwerten liegen. Die mittlere Höhe der 15 besten Nachkommenschaften liegt noch einmal eine Bonität über dem Versuchsmittel.

Tabelle 3: Flächenmittel, Mittelwerte der besten 15 Nachkommenschaften und Werte für die Absaat der Samenplantage Güstrow (Kontrolle) ausgewählter Merkmale für die einzelnen Versuchsflächen im Alter 31. (Nz= Neustrelitz, Eis= Eiserbude, Spb= Spremberg).

	Mittel			Güstrow			15 beste Nachkommenschaften		
	Nz	Eis	Spb	Nz	Eis	Spb	Nz	Eis	Spb
Höhe [m]	17,4	15,2	14,9	16,8	15,1	14,7	18,4	16,6	16,1
BHD [cm]	13,9	12,5	13,0	14,0	12,7	12,1	15,7	13,8	14,4
Einzelstammschaftholzvolumen [m³]	0,137	0,116	0,102	0,136	0,113	0,087	0,180	0,145	0,130
Form	6,9	5,9	6,0	5,4	4,9	5,2	7,9	7,2	7,2

Auf allen drei Flächen waren die Unterschiede im Wachstum und der Stammform zwischen den Nachkommenschaften und den Versuchsorten signifikant. Signifikante Wechselwirkungen zwischen den Nachkommenschaften und den Versuchsflächen konnten nicht nachgewiesen werden. Deshalb war eine gemeinsame varianzanalytische Auswertung mit Mittelwertvergleich (Dunnnett-Test gegen Samenplantage Güstrow als Kontrolle, $\alpha=5\%$) über alle drei Versuchsflächen möglich. Im Mittel über alle Flächen übertrafen elf Nachkommenschaften die Kontrolle im Höhenwachstum im Alter 31 signifikant um 7,5 – 13,3 % (Abb. 1). Im

Durchmesserwachstum waren fünf Nachkommenschaften signifikant besser als die Kontrolle (13,1 – 19,4 %) und beim Einzelstammeschaftsholzvolumen waren es sechs (32,2 – 53,5 %).

Betrachtet man die Vaterbäume der in Abbildung 1 aufgeführten Nachkommenschaften, so fällt auf, dass gehäuft M 133 und B 731 bei den wüchsigsten Familien die Pollenspender waren. Bei den Familien mit geringem Wachstum treten B 2524 und B 724 häufig auf. Hier kann schon auf die gute bzw. schlechte Kombinationseignung der jeweiligen Plusbäume geschlossen werden.

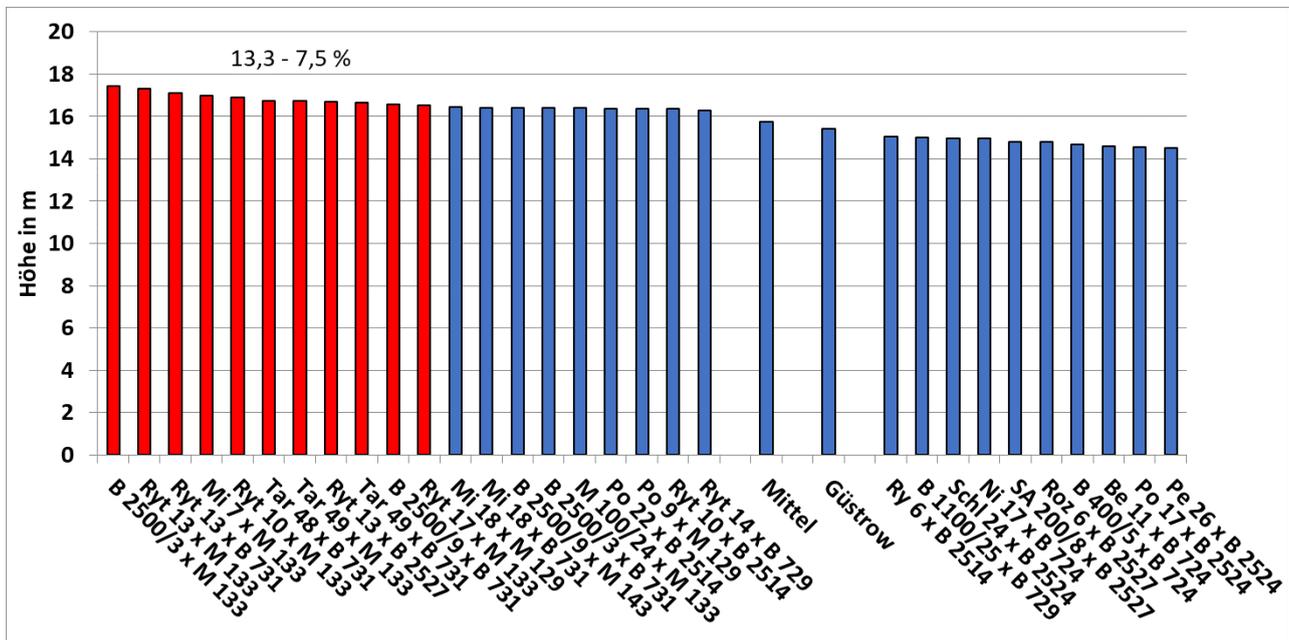


Abb. 1: Höhenwachstum ausgewählter Nachkommenschaften im Alter 31 (Mittel über alle drei Flächen) (rote Säulen= signifikante Überlegenheit gegenüber der Kontrolle Samenplantage Güstrow)

Ein Zusammenhang zwischen der Schaftform und der Wuchsleistung konnte nicht nachgewiesen werden. Das heißt, dass die Ausprägung dieser beiden Merkmale in den hier geprüften Nachkommenschaften unabhängig voneinander ist. Das führt dazu, dass von den 20 Familien mit den besten durchschnittlichen Formnoten nur zwei zur Gruppe der im Höhenzuwachs signifikant über der Kontrolle liegenden Nachkommenschaften gehören (Abb. 2). Andererseits befinden sich drei aus dieser Gruppe im hinteren Bereich der Rangfolge bei der Stammform. Fast alle Kreuzungsnachkommenschaften zeigen eine bessere Schaftform als die Kontrolle Samenplantage Güstrow. Bei mehr als der Hälfte der Familien (46) ist die Form signifikant besser. Es kann davon ausgegangen werden, dass die Kombination von auch aufgrund ihrer guten Stammform ausgelesenen Plusbäumen gut geformte Nachkommenschaften hervorbringt. Auffällig ist, dass die Nachkommenschaften mit der besten Form oft polnische Kiefern als Mütter haben. In diesem Kollektiv sind auch B 2524 und B 2514 häufig als Väter vertreten.

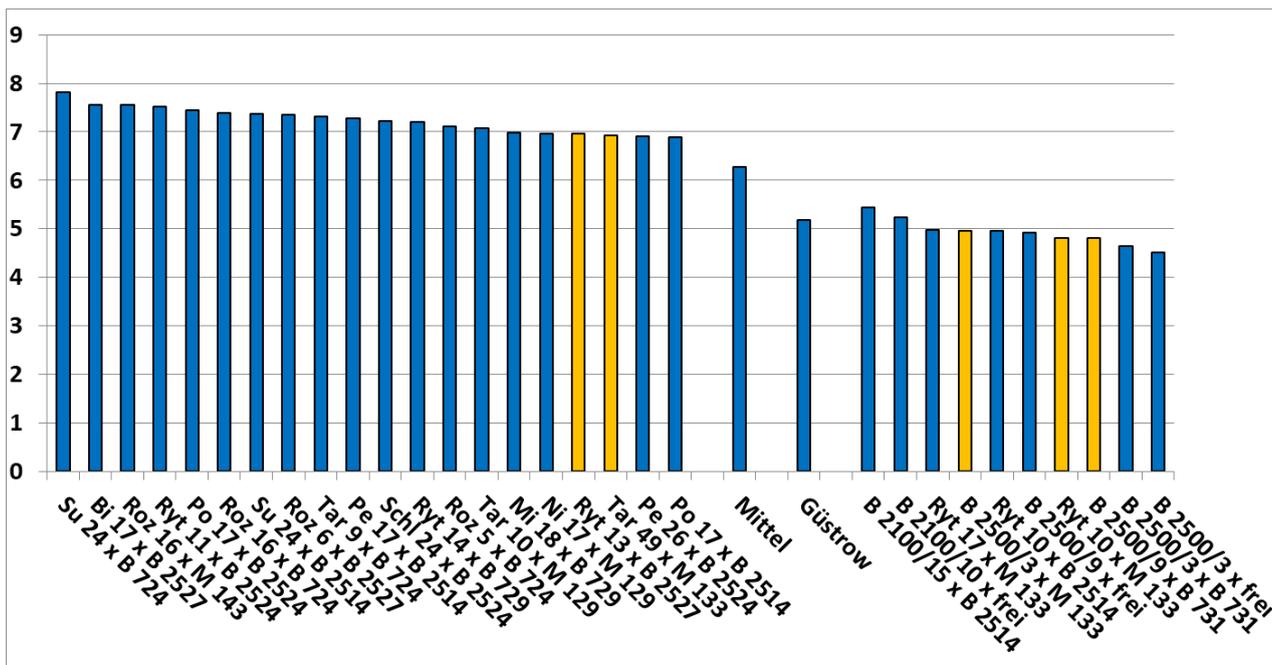


Abb. 2: Durchschnittliche Formnote ausgewählter Nachkommenschaften im Alter 31 (Mittel über alle drei Flächen) (gelbe Säulen= signifikante Überlegenheit beim Höhenwachstum gegenüber der Kontrolle).

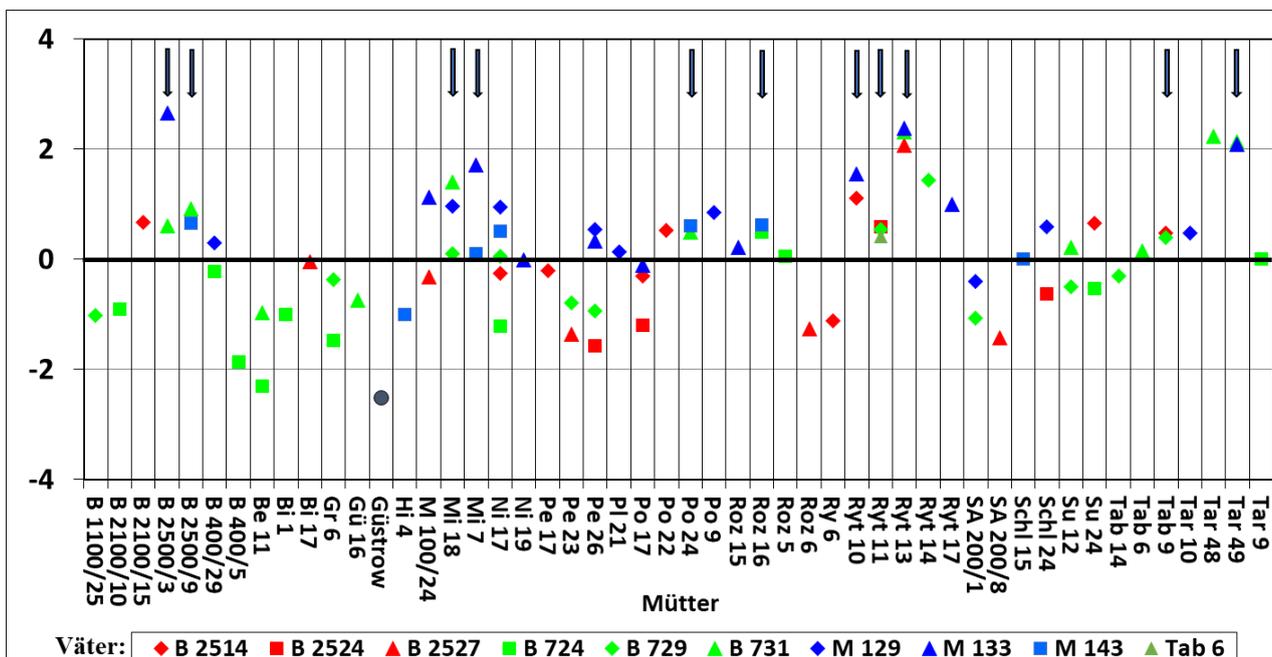


Abb. 3: Selektionsindizes im Alter 31 (2 x Höhe, 1 x Durchmesser, 1 x Form; Pfeile markieren Mutterbäume mit ausschließlich positiven Selektionsindizes in allen Familien).

Die Berechnung eines Selektionsindizes erlaubt eine Bewertung der einzelnen Nachkommenschaften und ihrer Elternbäume unter Berücksichtigung mehrerer Merkmale (Abb. 3). Es lassen sich Mutterbäume identifizieren, die immer Nachkommenschaften mit positivem Selektionsindex hervorbringen. Von Interesse sind hier vor allem solche Bäume, die in mehreren Kombinationen vertreten sind. In der Abbildung 3 sind solche Bäume mit einem Pfeil markiert. Bei den als Pollenspender verwendeten Bäumen ist das Bild nicht so eindeutig. Hier erreichen

abgesehen von wenigen Ausnahmen die Familien der Väter M 129, M 133, M 143 und B 731 überwiegend positive Werte. Für diese Plusbäume kann eine gute allgemeine Kombinationseignung angenommen werden.

4 Zuchtwertschätzung für die Baumhöhe im Alter 31

Die Durchführung dialleler Kreuzungen mit anschließender Nachkommenschaftsprüfung ermöglicht die Schätzung von Heritabilitäten und Zuchtwerten. Diese Schätzungen sind umso genauer je vollständiger die Diallele sind. Im Idealfall hat man ein vollständiges Diallel, das heißt jeder Baum ist mit jedem gekreuzt. Nachteilig ist dabei, dass die Anzahl der durchzuführenden Kreuzungen schnell sehr groß wird ($2 \times$ Anzahl der Eltern). Deshalb werden meist unvollständige Diallele als Kreuzungspläne verwendet. Im hier vorliegenden Fall wurden 49 Mutterbäume mit zehn Vätern gekreuzt. Dabei wurden je Mutter eine bis fünf Kreuzungen durchgeführt. Die verschiedenen Väter wurden in einer bis zwölf Kombinationen verwendet. Aufgrund der heute vorhandenen rechentechnischen Möglichkeiten lassen sich auch mit solchen unregelmäßigen Kreuzungsplänen Schätzungen von Heritabilitäten und Zuchtwerten mittels gemischter linearer Modelle vornehmen. Bei der hier vorgenommenen Auswertung wurden die Zuchtwerte als BLUP-Werte (best linear unbiased predictor) im Rahmen einer Varianzanalyse für gemischte lineare Modelle (Proc mixed SAS®) ermittelt (Isik 2009). Einige wichtige Formel, die verwendet wurden, sind Abbildung 4 dargestellt.

Modell Varianzanalyse unvollständiges Diallel

$$Y_{ijkl} = \mu + B_i + G_j + G_k + S_{jk} + E_{ijkl}$$

Y_{ijkl} - l-te Beobachtung des i-ten Blocks der jk-ten Kreuzung, μ - Gesamtmittel, B_i - Feste Effekt des i-ten Blocks, G_j oder G_k - Zufälliger Effekt der allgemeinen Kombinationseignung der j-ten Mutter oder des k-ten Vaters, S_{jk} - Zufälliger Effekt der speziellen Kombinationseignung der j-ten Mutter oder des k-ten Vaters, E_{ijkl} - Zufälliger Fehler innerhalb der Parzelle

Heritabilität im engeren Sinne

$$h_i^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_P^2} = \frac{4\sigma_G^2}{(2\sigma_G^2 + \sigma_S^2 + \sigma_E^2)}$$

σ_A^2 – additive genetische Varianz, σ_P^2 – phänotypische Varianz, σ_G^2 – Varianz der allgemeinen Kombinationseignung, σ_S^2 – Varianz der speziellen Kombinationseignung, σ_E^2 – Restvarianz

Zuchtwert Elternbaum

BV=2 x GCA

GCA – allgemeine Kombinationseignung (Faktor 2 weil ein Elter nur 50 % zur Genetik seiner Nachkommenschaft beiträgt)

Genetischer Wert der Vollgeschwister-Nachkommenschaft

GV=GCA_m + GCA_v + SCA

GCA_m und GCA_v – allgemeine Kombinationseignung der Mutter und des Vaters, SCA – spezielle Kombinationseignung der Familie

Abb. 4: Für die Zuchtwertschätzung verwendete Formel (Isik 2009).

Die Werte für die einzelbaumbezogene Heritabilität im engeren Sinne (h_i^2) für die Höhe unterscheiden sich zwischen den verschiedenen Aufnahmealtern und den Versuchsflächen (Tabelle 4). Bis zum Alter 20 sind die Werte kontinuierlich gestiegen. Die Werte im Alter 31 sind dann im Vergleich zum Alter 20 wieder gefallen, aber mit durchschnittlich 0,4 immer noch hoch. Dieser Wert spricht für eine signifikante genetische Determination des Höhenwachstums bei den hier geprüften Elternbäumen und Nachkommenschaften. Der Abfall der Heritabilitätswerte kann mit der mit zunehmendem Alter immer stärker werdenden Konkurrenz zwischen den Bäumen innerhalb und zwischen den Parzellen in Zusammenhang stehen. Aufgrund der höchsten Heritabilitätswerte erscheint das Alter 20 als am geeignetsten für die Zuchtwertschätzung. Trotzdem werden hier die Daten der letzten Aufnahme im Alter 31 verwendet, da Aussagen zur Entwicklung der Wuchsleistung mit zunehmendem Alter besser zu treffen sind.

Bei der Zuchtwertschätzung über alle Versuchsorte gemeinsam ergeben sich positive Werte für 28 Plusbäume (bezogen auf das Versuchsmittel). 24 dieser Bäume erreichen jeweils auf allen drei Versuchsflächen positive Werte. Werden die Zuchtwerte ins Verhältnis zum Höhenwachstum der Absaat der Samenplantage Güstrow (Kontrolle) gesetzt, ergeben sich für 15 Plusbäume der Spitzengruppe Mehrleistungen von 5-15 % (Abb. 5). Bezogen auf die einzelnen Versuchsflächen ist die Differenzierung der Zuchtwerte in Eiserbude am stärksten und in Spremberg am geringsten.

Tabelle 4: Einzelbaumbezogene Heritabilität im engeren Sinne (h_i^2) für die Baumhöhe in verschiedenen Altern.

	Alter 5	Alter 10	Alter 20	Alter 31
Neustrelitz	0,173	0,294	0,579	0,444
Eiserbude	0,149	0,333	0,462	0,407
Spremberg	0,029	0,160	0,494	0,365

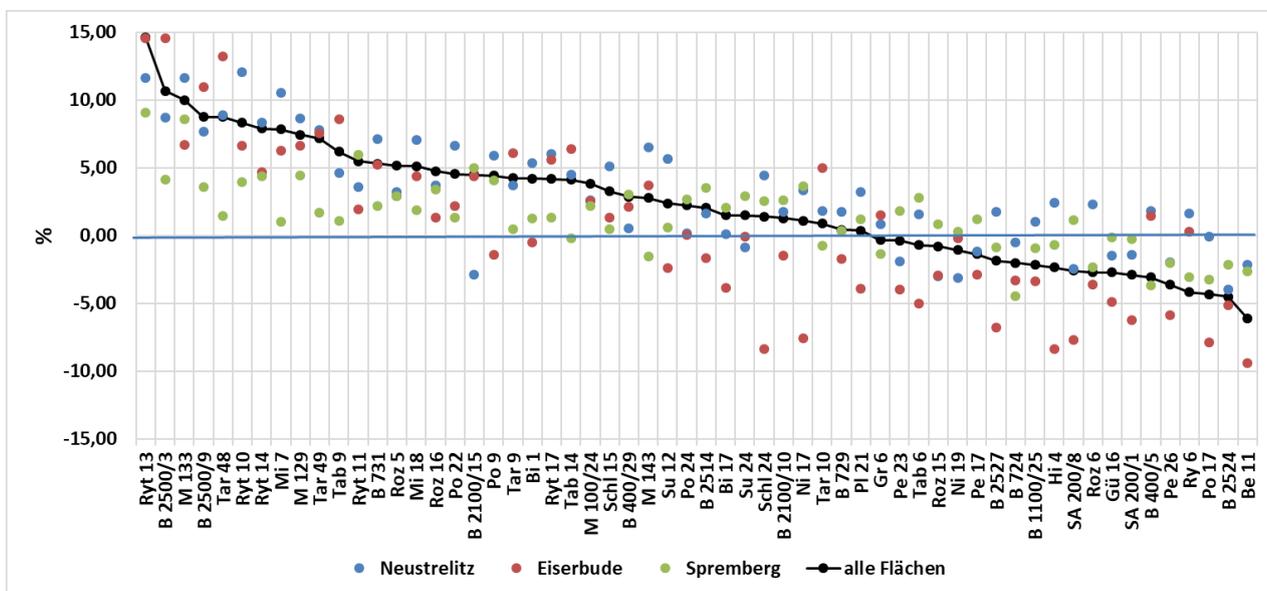


Abb. 5: Zuchtwerte der Elternbäume relativ zur Kontrolle (Samenplantage Güstrow) für die Baumhöhe im Alter 31.

Plusbäume mit positiven Zuchtwerten stammen sowohl aus Polen als auch aus dem Nordostdeutschen Tiefland. Allerdings gibt es Bestände aus denen sowohl Plusbäume mit guten Zuchtwerten als auch solche mit negativen Werten stammen. Beispiele sind B 2500/3 und B 2500/9 mit positiven und B 2524 und B 2527 mit negativen Werten, die alle aus dem Bestand Kolpin stammen. Ähnlich liegt der Fall beim Bestand Rozpuda (Roz 5 und Roz 16 positiv, Roz 6 und Roz 15 negativ). Im Gegensatz dazu steht Rychtal, wo alle fünf Plusbäume dieses Bestandes positive Zuchtwerte haben.

5 Schlussfolgerungen

Die Ergebnisse dieser Nachkommenschaftsprüfung belegen das große Potential der Nutzung gelenkter Kreuzungen für die züchterische Verbesserung der Kiefer. So konnten Nachkommenschaften mit sehr guter Wuchsleistung, die auch eine ausreichend gute Qualität aufweisen, identifiziert werden. Dabei hat sich gezeigt, dass der Ansatz, Bäume aus Populationen mit deutlich unterschiedlichem genetischem Hintergrund (hier Nordostdeutschland und Polen) zu kreuzen, richtig war. Dieses Vorgehen hatte sich auch schon bei einer älteren Kreuzungsserie bewährt. Hier waren sehr gute Nachkommenschaften aus der Kombination von Tieflands- mit Hügellandskiefern entstanden (SCHNECK 2007). Allerdings gibt es auch den umgekehrten Fall. Insbesondere, wenn die Kreuzungspartner aus klimatisch sehr unterschiedlichen Gebieten kommen, entstehen oft Nachkommenschaften mit unterdurchschnittlicher Leistung. Zu beobachten war dieser Fall in Nachkommenschaftsprüfungen mit Familien aus Kreuzungen zwischen Kiefern nordostdeutscher und skandinavischer Herkunft.

Die Elternbäume der elf Nachkommenschaften, die im Höhenwachstum der als Kontrolle verwendeten Absaat der Samenplantage Güstrow signifikant überlegen sind, können als Ausgangsmaterial (Familieneltern) in der Kategorie „Geprüft“ nach Forstvermehrungsgutgesetz zugelassen werden. Die Saatgutproduktion kann in kleinen Zwei-Klonplantagen erfolgen, wobei zu empfehlen ist, dass Saatgut aus mehreren solchen Plantagen vor der Aussaat zu mischen.

Neben der Vergleichsprüfung sieht das Forstvermehrungsgutgesetz auch die Schätzung des genetischen Werts von Ausgangsmaterial (Komponentenprüfung) als mögliche Prüfungsform für die Zulassung von Ausgangsmaterial in der Kategorie „Geprüft“ vor. Deshalb können auch die Plusbäume mit den besten Zuchtwerten als Familieneltern zugelassen werden. Ebenfalls wäre eine Samenplantage mit Pflanzlingen dieser Plusbäume zulassungsfähig. Von den 58 geprüften Plusbäumen haben 24 auf allen Flächen positive Zuchtwerte beim Merkmale Höhe erreicht. Würde man eine Samenplantage mit den 15 Plusbäumen mit den höchsten mittleren Zuchtwerten errichten, könnte mit einer Mehrleistung im Höhenwachstum von 7,9 % bezogen auf die Absaat der Samenplantage Güstrow im Alter 31 gerechnet werden. Bei der Auswahl der 20 besten Plusbäume wären das 7,1 %. Damit würde die Mehrleistung rund eine Bonität ausmachen.

Das hier dargestellte Beispiel zeigt die Eignung von Nachkommenschaftsprüfungen mit Familien aus gelenkten Kreuzungen für die Ermittlung von Zuchtwerten im Rahmen von Zuchtprogrammen auch wenn kein vollständiges Diallel realisiert wurde. Zukünftig sollte dieses Instrument viel stärker bei der Anlage neuer Samenplantagen genutzt werden. Die Verwendung von Zuchtbäumen mit bekannten positiven Zuchtwerten bietet die Gewissheit dafür, dass das in solchen Samenplantagen gewonnene Vermehrungsgut Mehrerträge erbringen wird. Voraussetzung dafür ist es, dass wieder verstärkt Nachkommenschaftsprüfungen entweder mit Pflanzenmaterial aus gelenkten Kreuzungen oder freier Abblühte durchgeführt werden.

Zuchtwerte können auch für die Plusbaumklone in bestehenden Samenplantagen geschätzt werden. Voraussetzung dafür sind entsprechende Nachkommenschaftsprüfungen. Liegen Zuchtwerte vor, ist es möglich, diese Samenplantagen so zu durchforsten und damit aufzuwerten, dass die Klone mit den schlechtesten Zuchtwerten entnommen werden („genetische Durchforstung“). Entsprechende Versuche mit dieser Zielstellung

wurden mit Einzelbaumabsaaten zweier Kiefersamenplantagen im Rahmen der Projekte „FitForClim“ und „AdaptForClim“ angelegt.

Zuchtbäume für den Aufbau neuer Zuchtpopulationen können auch direkt in Nachkommenschaftsprüfungen selektiert werden. So ist über eine kontinuierliche Züchtungsarbeit eine fortlaufende und generationenübergreifende Verbesserung von forstlichem Vermehrungsgut erreichbar. Weiterhin kann durch die Nutzung gelenkter Kreuzungen und entsprechender Nachkommenschaftsprüfungen im Zusammenhang mit den sich ständig weiterentwickelnden Möglichkeiten der Molekulargenetik ein wichtiger Beitrag zur Aufklärung der Vererbung von Merkmalen und für die Markerentwicklung geleistet werden.

Bei Betrachtung der großen Möglichkeiten den der Einsatz von Methoden der Kreuzungszüchtung bzw. die Nutzung von Nachkommenschaftsprüfungen für eine Leistungs-, Qualitäts- und Resistenzsteigerung von forstlichen Vermehrungsgut und daraus resultierenden Waldbeständen bietet, ist es unverständlich, warum diese Methoden derzeit in Deutschland kaum eingesetzt werden. Vor dem Hintergrund einer Verknappung der Ressource Holz durch die Kalamitäten der letzten Jahre und die zunehmende Flächenstilllegung im Wald bei gleichbleibend hohem Holzbedarf wird es zukünftig notwendig sein, die Produktivität der Holzerzeugung auf der verbleibenden Fläche deutlich zu erhöhen. Hierzu kann mit Verfahren der Forstpflanzenzüchtung ein wichtiger Beitrag geleistet werden.

Referenzen

- ISIK F (2009): Analysis of diallel mating designs. Script, North Carolina State University, Raleigh, USA. 34 S.
<https://faculty.cnr.ncsu.edu/fikretisik/wp-content/uploads/sites/3/2015/06/Analysis-of-Diallel-Progeny-Test-with-SAS.pdf> (aufgerufen 23.12.2022).
- KOHLSTOCK N, SCHNECK H (1992): Scots pine breeding (*Pinus sylvestris* L.) at Waldsieversdorf and its impact on pine management in the Northeastern German Lowland. *Silvae Genetica* 41 (3): 174-180.
- LEMBCKE G, KNAPP E, DITTMAR O (1975): DDR-Kiefern-Ertragstafel 1975. Institut für Forstwissenschaften Eberswalde, 82 S.
- SCHNECK V (2007) Ergebnisse und Perspektiven der Kreuzungszüchtung bei der Kiefer im nordostdeutschen Tiefland. In: Landesforstanstalt Eberswalde (Hrsg.): Die Kiefer im nordostdeutschen Tiefland - Ökologie und Bewirtschaftung. Eberswalder Forstliche Schriftenreihe Band XXXII, 2007: 407-413.

Autor

VOLKER SCHNECK

Thünen-Institut für Forstgenetik, Eberswalder Chaussee 3a, 15377 Waldsieversdorf

Kontakt: volker.schneck@thuenen.de

Geriegelte Werthölzer – Vermehrung und genetische Charakterisierung

ANNE-MAREEN E. EISOLD, CORNELIA BÄUCKER, HEIKE LIESEBACH, VOLKER SCHNECK

Zusammenfassung

Holz von Berg-Ahorn (*Acer pseudoplatanus*) und anderen Baumarten mit besonderen Holzeigenschaften wie bspw. der Riegelung wird auf mitteleuropäischen Submissionen zu Höchstpreisen verkauft. Methoden zur Erhaltung und Vermehrung von Bäumen mit solchen wertsteigernden Holzmerkmalen leisten einen substantiellen Beitrag zur Erhöhung des Wertschöpfungspotentials in der Forstwirtschaft. Die langfristige Sicherung des Klonmaterials geriegelter Bäume erfolgt durch Pfropfung und Etablierung in der In-vitro-Kultur. Im Rahmen aktueller Forschungsarbeiten wird die Klonsammlung ausgebaut und mit Hilfe von SSR-Analysen genetisch charakterisiert. Langfristig wird eine effiziente Produktion geprüfter geriegelter Klone für die Forstwirtschaft angestrebt.

Summary

Wavy grain – propagation and genetic characterization

Timber of sycamore (*Acer pseudoplatanus*) and other tree species with special grain characteristics, like wavy grain is sold at top prices on Central European timber auctions. Methods for conservation and propagation of trees with such value-enhancing wood characteristics can make a substantial contribution to increase the value chain in forestry. The long-term preservation of the genetic clonal material of such trees is achieved by grafting and establishment in *in vitro* culture. Within the framework of current research work, the clone collection is being expanded and genetically characterized by SSR analyses. The long-term aim is the efficient production of certified, wavy grained clones for forestry.

1 Das Phänomen der Riegelung im Holz

Holz entsteht als Produkt der Aktivität des vaskulären (oder auch Gefäß-)Kambiums, welches nach innen das sekundäre Xylem (das Holz) und nach außen das sekundäre Phloem (den Bast) der Pflanze bildet, wobei sich das Kambium selbst aus apikalem Meristem entwickelt. Idealerweise entsteht das Holz durch langgestreckte und parallel zur Stammachse ausgerichtete Fasern. Abweichend von diesem regulären Wuchsverhalten kann es zu Abweichungen der Ausrichtung der Holzfasern kommen, so dass sich für diese eine andere Orientierung relativ zur Stammachse ergibt. Solche Abweichungen in der Wuchsrichtung der Holzfasern haben ihren Ursprung in der kambialen Aktivität und entstehen durch Verschiebungen spezifischer vaskular-kambialer Domänen (VASILJEVIČ 1951; HEJNOWICZ und ROMBERGER 1973; PYSZYNSKI 1977; KRAWCZYSZYN und ROMBERGER 1980; SOPUSHYNSKY und TEISCHINGER 2013). Tritt dies zyklisch auf, wird auch die Ausrichtung der Holzfasern entsprechend beeinflusst und es entstehen besondere holzanatomische Merkmale. Die Ursachenforschung zur Entstehung von selten vorkommenden Abweichungen der Wuchsrichtung von Holzfasern inklusive der Riegelung ist ein langwieriger Prozess. Untersuchungen zum Phänomen der Riegelung konzentrierten sich bisher vornehmlich auf die Analyse der Holzanatomie bzw. physikalischer Eigenschaften geriegelter Baumarten (Tabelle 1).

Das sekundäre Dickenwachstum des Baumes wird geprägt durch die Aktivität des Gefäßkambiums (HEJNOWICZ und ROMBERGER 1979). Vom Kambium ausgehend und reguliert, finden verschiedene Wachstums- bzw. Entwicklungsprozesse statt, die chirale Muster initiieren können (HEJNOWICZ 1990; KRISHNAMURTHY et al. 2019). Chiralität wird in diesem Zusammenhang als räumliche Ausrichtung von Zellen bzw. Zellverbänden verstanden, die sich in Wuchsmustern der Holzfasern widerspiegeln. Diese können gerade, spiral- und bänderförmig, gewellt

oder irregulär angeordnet sein (PANSHIN und DE ZEEUW 1970), wobei letztlich ihre Ursachen auf ontogenetischer und molekularer Ebene noch unbekannt sind (KRISHNAMURTHY et al. 2019). Bei einem wellenförmigen Faserverlauf erscheint die Maserung des Holzes in der Tangentialebene als sogenannte Riegelung (Abb. 1) (QUAMBUSCH et al. 2021). Diese Wuchsanomalie beeinflusst die Dichte der Mikrofibrillen des Holzes, woraus sich eine besondere Elastizität verbunden mit einem besonders günstigem Schwingungsverhalten ergibt (SOPUSHYNSKYI und TEISCHINGER 2013; KÚDELA und KUNŠTÁR 2011). Holz mit diesen Eigenschaften ist deshalb nicht nur allein wegen seiner optischen Besonderheiten, sondern auch aufgrund seiner physikalisch-akustischen Qualitäten im Instrumentenbau sehr geschätzt.

Tabelle 1: Analyse der Riegelung in verschiedenen Baumarten (k. A.: keine Angabe möglich).

Spezies	Standort	Untersuchungsschwerpunkt	Quelle	
<i>Acer pseudoplatanus</i>	Berg-Ahorn	Polen	Holzanatomie	HEJNOWICZ und ROMBERGER 1973
		Frankreich	In-vitro-Kultur	ROHR und HANUS 1987
		Slovakei	Physikalisch-akustische Eigenschaften	KÚDELA und KUNŠTÁR 2011
		Deutschland	In-vitro-Kultur, Mikropropagation, Sicherung von Genressourcen	NAUJOKS et al. 2013
		Deutschland	Holzanatomie, Mikropropagation, Sicherung Genressourcen	EWALD und NAUJOKS 2014, 2015
		Slowenien	Geografische Verbreitung, wirtschaftliche Verwertung	KRAJNC et al. 2015
		k. A.	Physikalisch-akustische Eigenschaften	ALKADRI et al. 2018
		Deutschland	In-vitro-Kultur, Mikropropagation, Klonprüfung, Genotypisierung zur Klontifizierung	BÄUCKER und LIESEBACH 2018; BÄUCKER et al. 2020
		Deutschland	Versuchsanbau, Nachkommenschaftsprüfung	QUAMBUSCH et al. 2021
<i>Acer monspessulanum</i>	Französischer Ahorn	k. A.	Holzanatomie	VASILJEVIĆ 1951
<i>Aesculus hippocastanum</i>	Gewöhnliche Roskastanie	Polen	Holzanatomie	PYSZYNSKI 1977
<i>Betula pendula</i>	Hängebirke	Polen	Holzanatomie	HEJNOWICZ & ROMBERGER 1973
		Finnland	In-vitro-Kultur, Mikropropagation, Vererbung	RYYNÄNEN und RYYNÄNEN 1986 KÄRKKÄINEN et al. 2017
<i>Fraxinus excelsior</i>	Gemeine Esche	Polen	Holzanatomie	HEJNOWICZ & ROMBERGER 1973
		Ukraine	Holzanatomie	SOPUSHYNSKYI & TEISCHINGER 2013
<i>Juglans nigra</i>	Schwarznuß	USA	Pfropfung	McKENNA et al. 2015
<i>Nyssa salvatika</i>	Schwarzer Tupelobaum	USA	Holzanatomie	KRAWCZYNSZYN und ROMBERGER 1980
<i>Populus xcanescens</i>	Grau-Pappel	USA	Vererbung, Pfropfung	FAN et al. 2013
<i>Tilia cordata</i>	Winterlinde	k. A.	Holzanatomie	WŁOCH und WAWRZYŃIAK 1990



Abb. 1: Geriegeltes Holz (Foto: AME).

Die Ausbeute an gut gewachsenen Stämmen wird jährlich auf den deutschlandweit stattfindenden Holzsubmissionen präsentiert. Besonderes Augenmerk der Käufer liegt dabei vor allem auf Stämmen mit Maserungseigenschaften wie der Riegelung. Der Anteil geriegelten Holzes auf Submissionen ist gering. In Abhängigkeit von der Region liegt er bei 3 % bis ca. 7 % (KRAJNC et al. 2015; CONRAD 1988; ROHR und HANUS 1987), so dass Stämme mit ausgeprägter Riegelung regelmäßig zu Höchstpreisen gehandelt werden. Bei einer Wertholzsubmission in der Ostschweiz wurde im Jahr 2022 für geriegelten Berg-Ahorn ein Rekorderlös von 16.969 €/FM erzielt (www.holzmarkt-ostschweiz.com).

2 Forschungsprojekte zur Erzeugung von Riegelholz

Systematische Versuche zur Gewinnung geriegelter Jungpflanzen durch Pfropfung und vegetative Vermehrung in der In-vitro-Kultur werden bereits seit den frühen 2000er Jahren am Thünen-Institut durchgeführt (EWALD und NAUJOKS 2014). Das Ausgangsmaterial für die Erzeugung dieser Jungpflanzen stammt dabei von Bäumen, die als geriegelt auf Holzsubmissionen verkauft wurden. Als schwierig erwies sich die Erhaltung bzw. Vermehrung alter geriegelter Berg-Ahorne über Stecklingsvermehrung, so dass für eine effektive Propagation von Bergahorn-Klonen die Methode der In-vitro-Kultur etabliert wurde (NAUJOKS et al. 2013; QUAMBUSCH et al. 2018).

Da die Riegelung als Maserungsauffälligkeit erst im adulten Holz sichtbar zu Tage tritt (QUAMBUSCH et al. 2021), können die in der Gewebekultur gezogenen Jungpflanzen erst nach mehreren Jahrzehnten des Wachstums holzanatomisch analysiert werden. Entsprechende Langzeitversuche existieren noch nicht. Im Projekt RIEGELAHORN (Laufzeit Dezember 2015 – Juni 2019, gefördert von der Rentenbank, FKZ: 776393) wurde dieser Problematik durch Errichtung von Versuchsflächen zur Klonprüfung (BÄUCKER et al. 2020), wie auch dem Aspekt der Vererbung der Riegelung erstmals gezielt nachgegangen (QUAMBUSCH et al. 2021). Die dabei festgestellte Stabilität der Merkmalsausprägung bei durch Pfropfung vermehrtem Material wies auf einen starken genetischen Aspekt bei der Entstehung bzw. Verbreitung der Riegelung hin (QUAMBUSCH et al. 2021). Die Arbeiten werden nun im seit Juni 2021 laufenden Verbundprojekt WERTHOLZ (FKZ: 2221NR009C) fortgeführt, in dem insgesamt sechs Projektpartner aus den Bereichen Genetik, In-vitro-Kultur und Holzforschung interdisziplinär zusammenarbeiten. Die Projektpartner sind: RLP AgroScience GmbH, Thünen-Institut für Forstgenetik, Thünen-Institut für Holzforschung, Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA), Institut für Pflanzenkultur e.K. und Reinhold Hummel GmbH & Co KG. Ziele dieses Projektes sind Untersuchungen zur Ausprägung der Riegelung im Kambium, zur genetischen Komponente, zu Details der Holzstruktur sowie Erhaltung und Ausbau

der Klonsammlung. Außerdem soll geklärt werden, wie eine rechtlich gesicherte wirtschaftliche Nutzung der in der In-vitro-Kultur vermehrten Klone geriegelter Berg-Ahorne gewährleistet werden kann.

Im Vorgängerprojekt wurde eine Sammlung von Klonen geriegelter Berg-Ahorne angelegt, die nun ausgebaut wird. Von ausgewählten Spenderbäumen hauptsächlich von Berg-Ahorn, aber auch anderen Baumarten, werden vegetative Knospen von Kronenreisern, Stockausschlägen oder Wurzelschösslingen für die Etablierung von Gewebekulturen verwendet. Die Anzucht der Explantate erfolgt dann in Glasgefäßen, wie bspw. den am Thünen-Institut verwendeten Erlenmeyerkolben (Abb. 2). So wird langfristig ein Archiv des Klonmaterials aufgebaut, mit dem die Entwicklung von Mikrovermehrungsprotokollen optimiert und klonale Jungpflanzen produziert werden können. Für die Klonsammlung in der In-vitro-Kultur erwies sich die zeitliche Lücke von zwei Jahren zwischen den Projekten RIEGELAHORN und WERTHOLZ als problematisch. Bei Wertholz-Beginn waren infolge der lediglich rudimentär realisierbaren Pflege der Klonsammlung von den ursprünglich 38 Klonen lediglich 31 % erhalten. Durch Materialaustausch mit dem Projektpartner NW-FVA und Neu-Etablierungen konnte die Anzahl an stabilen Klonen in der Gewebekultur mittlerweile wieder erhöht werden.

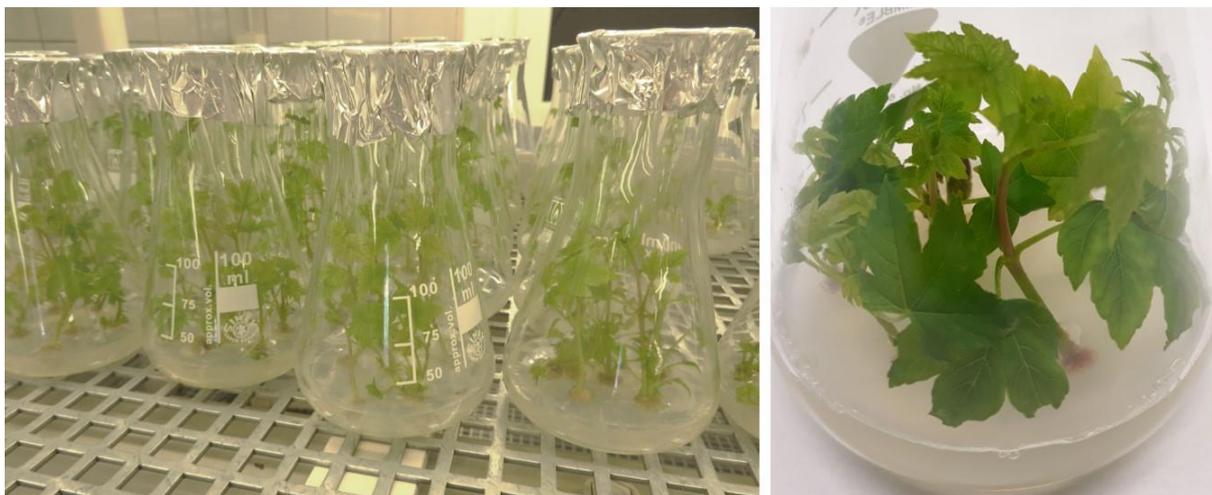


Abb. 2: In-vitro-Kultur von Berg-Ahorn (*A. pseudoplatanus*), Explantate mit Kallus und Spross (Foto: AME).

Die Methode der Genotypisierung mit Mikrosatelliten (SSR-Marker) diente bereits im Vorgängerprojekt der sicheren Klonidentifizierung wie auch der Elternschaftsanalyse, um zur Aufdeckung der Vererbung des Merkmals Riegelung beizutragen. So sind mittlerweile verschiedene Genotypen geriegelter Berg-Ahorne in einer Datenbank, die bei Neuzugängen von Riegelmaterial beständig erweitert wird, erfasst (BÄUCKER und LIESEBACH 2018). Da für die Bearbeitung der Fragestellungen im Projekt WERTHOLZ jegliches Holz mit wertsteigernden Maserungseigenschaften interessant ist und inzwischen auch Material von Schwarz-Erle (*Alnus glutinosa*) und Sal-Weide (*Salix caprea*) für die Analysen vorliegt, wird die Methode derzeit für diese Baumarten und auch Feld-Ahorn (*Acer campestre*) angepasst. Damit ist die sichere Kontrolle der Identität von vegetativ vermehrtem Pflanzenmaterial zu einem späteren Zeitpunkt gewährleistet.

Die Erfahrungen aus dem Vorläuferprojekt und erste Rückmeldungen im aktuellen Projekt zeigen, dass das Interesse an geriegeltem Ahorn bei den privaten und kommunalen Waldbesitzern in Deutschland und dem deutschsprachigen Ausland nach wie vor sehr hoch ist. Zunehmende Schadereignisse zwingen die Forstleute zu vorzeitiger Beräumung der Flächen, wodurch sich der wirtschaftliche Druck auf die Waldbesitzer erhöht, und das Interesse an der Produktion von qualitativ hochwertigem und besonders gefragtem Holz steigt. Eine Möglichkeit, diesem Bedürfnis an Planungssicherheit zu entsprechen ist die Bereitstellung von geprüftem Pflanzgut mit hohem Wertschöpfungspotential.

Dank

Die finanzielle Förderung des Verbundprojekts WERTHOLZ erfolgt durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft über die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR, FKZ 2221NR009C). Wir danken unserer technischen Assistentin DIANA MORGENROTH für ihre Unterstützung bei Erhalt und Ausbau der In-vitro-Klonsammlung und der Gärtnerei des Thünen-Instituts für Forstgenetik in Waldsiefersdorf für die Pfropfungsarbeiten und Pflanzenpflege.

Für weitere Information zum Projekt WERTHOLZ:

<https://www.thuenen.de/de/fachinstitute/forstgenetik/projekte/aktuelle-projekte/wertholz>

Referenzen

- ALKADRI A, CARLIER C, WAHYUDI I, GRIL J, LANGBOUR P, BRÉMAUD I (2018): Relationships between anatomical and vibrational properties of wavy sycamore maple. *IAWA Journal* 39 (1): 63-86. DOI: 10.1163/22941932-20170185
- BÄUCKER C, SCHNECK V, LIESEBACH H (2020): Versuchsanlagen mit *in vitro* vermehrten Riegelahornpflanzen für die Zulassung von Wertholz-Klonen nach FoVG. *Thünen Rep* 76: 155-167.
- BÄUCKER C, LIESEBACH H (2018): From *in vitro* clones to high-quality timber production: the Project "Wavy Grain Maple". *Thünen Rep* 62: 49-54.
- CONRAD J (1988): Seltene, abnorme Holzstrukturen und -farben bei Laubhölzern. *Die Holzzucht* 42: 1-9.
- EWALD D, NAUJOKS G (2015): Vegetative propagation of wavy grain *Acer pseudoplatanus* and confirmation of wavy grain in wood of vegetatively propagated trees: a first evaluation. *Dendrobiology* 74: 135-142. DOI: 10.12657/denbio.074.013
- EWALD D, NAUJOKS G (2014): Bildung und Erkennung der Riegelung bei vegetativ vermehrtem Riegelahorn. *AFZ Der Wald* 69 (5): 17-19.
- FAN Y, RUPERT K, WIEDENHOEFT A C, WOESTE K, LEXER C, MEILAN R (2013): Figured grain in aspen is heritable and not affected by graft-transmissible signals. *Trees* 27 (4): 973-983.
- HEJNOWICZ Z (1990): Phenomena of orientation in the cambium. In: IQBAL M (ed.): *The Vascular Cambium*. Research Studies Press, Taunton, UK.
- HEJNOWICZ Z, ROMBERGER J A (1979): The common basis of wood grain figures is the systematically changing orientation of cambial fusiform cells. *Wood Sci. Technol* 13: 89-96.
- HEJNOWICZ Z, ROMBERGER J A (1973): Migrating cambial domains and the origin of wavy grain in xylem of broadleaved trees. *Am. J. Bot.* 60 (3): 209-222. DOI: 10.2307/2441209
- KÄRKKÄINEN K, VIHÄRÄ-AARNIO A, VAKKARI P, HAGQVIST R, NIEMINEN K (2017): Simple inheritance of a complex trait: figured wood in curly birch is caused by one semi-dominant and lethal Mendelian factor? *Can. J. Forest. Res.* 47: 991-995. DOI: 10.1139/cjfr-2017-0007
- KRAJNC L, ČUFAR K, BRUS R (2015): Characteristics and geographical distribution of fiddleback figure in wood of *Acer pseudoplatanus* L. in Slovenia. *Drvna Industrija* 66 (3): 213-220. DOI: 10.5552/drind.2015.1447
- KRAWCZYŹYŹN J, ROMBERGER J A (1980): Interlocked grain, cambial domains, endogenous rhythms and time relations with emphasis on *Nyssa salvatika*. *Am. J. Bot.* 67 (2): 228-236. DOI: 10.1002/j.1537-2197.1980.tb07646.x
- KRISHNAMURTHY KV, BAHADUR B, MANOHARA TN (2019): Handedness events in vascular cambium and their relation to the so-called spiral grains in wood. In: BAHADUR B, KRISHNAMURTHY KV, GHOSE M, ADAMS SJ (eds.): *Asymmetry in Plants - Biology of Handedness*. CRC Press, pp. 43-57.
- KÚDELA J, KUNŠTÁR M (2011): Physical-acoustical characteristics of maple wood with wavy structure. *Ann. WULS-SGGW, Forestry and Wood Technology* 75: 12-18.
- MCKENNA JR, GEYER WA, WOESTE KE, CASSENS DL (2015): Propagating figured wood in black walnut. *Open J. For* 05: 518-525. DOI: 10.4236/ojf.2015.55045
- NAUJOKS G, EWALD D, MEIER-DINKEL A, WALLBRAUN M (2013): Endlich hinter Schloss und Riegel: Stand und Perspektiven der Forschung beim Riegelahorn. *AFZ Der Wald* 68 (5): 10-12.

PANSHIN A J, DE ZEEUW C (1970): Textbook of Wood Technology. 3rd edition. Vol. 1. McGraw-Hill, New York.

PYSZYNSKI W (1977): Complex wavy grain in the stem of *Aesculus*. Acta Soc. Bot. Pol 46 (2): 231-249. DOI: 10.5586/asbp.1977.017

QUAMBUSCH M, BÄUCKER C, HAAG V, MEIER-DINKEL A, LIESEBACH H (2021): Growth performance and wood structure of wavy grain sycamore maple (*Acer pseudoplatanus* L.) in a progeny trial. Ann Forest Sci 78 (1): 15. DOI: 10.1007/s13595-021-01035-6

QUAMBUSCH M, BÄUCKER C, MEIER-DINKEL A (2018): Optimierung der Vermehrung von Riegelhornmaterial für die Wertholzproduktion. S. 290. In: AMMER C, BREDEMEIER M, VON ARNIM G (eds.): FowiTa: Forstwissenschaftliche Tagung 2018 Göttingen; Programm & Abstracts; 24. bis 26. September 2018. Göttingen: Univ Göttingen, Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie.

ROHR R, HANUS D (1987): Vegetative propagation of wavy grain sycamore maple. Can. J. For. Res. 17: 418-420.

RYYNÄNEN L, RYYNÄNEN M (1986): Propagation of adult curly-birch succeeds with tissue culture. Silva Fennica 20 (2): 139-147.

SOPUSHYNSKYI I, TEISCHINGER A (2013): Diagnostic features of *Fraxinus excelsior* L. with wavy-grained wood growing in Ukraine. For. Res. Pap. 74 (3): 189–195. DOI: 10.2478/frp-2013-0018

VASILJEVIČ S (1951): The form of the fibres of *A. monspessulanum* in wood with wavy grain. Glasnik Sumarskog Fakultat, Univerzitet u Beogradu 2: 133-140.

WŁOCH W, WAWRZYŃIAK S (1990): The configuration of events and cell growth activity of the storeyed cambium of the linden (*Tilia cordata* Mill.). Acta Soc. Bot. Pol 59: 25-43. DOI: 10.5586/asbp.1990.003

Autorinnen und Autor

ANNE-MAREEN E. EISOLD, CORNELIA BÄUCKER, VOLKER SCHNECK
Thünen Institut für Forstgenetik, Eberswalder Chaussee 3a, 15377 Waldsiedersdorf
Kontakt: fg-ws@thuenen.de

HEIKE LIESEBACH
Thünen Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf

Trauben-Eichensaatgut für den Wald von morgen – OakZones eine Projektvorstellung

ANDRÉ HARDTKE, KATHARINA VOLMER, FLORIAN HEIMSCH, MOIRA MÜHLBAUER, MARTIN HOFMANN

Zusammenfassung

Der Klimawandel hinterlässt in Deutschland erste Spuren. In den letzten Jahren sind bereits viele Hektar Wald direkt oder indirekt durch dessen Auswirkungen beeinträchtigt worden. Prognosen deuten darauf hin, dass die Sommer trockener und wärmer ausfallen werden. Durch die klimatischen Veränderungen wird insbesondere die Trauben-Eiche begünstigt, zeigt sie sich doch unempfindlicher gegenüber Trockenstress als andere heimische Baumarten. Forschungsarbeiten deuten darauf hin, dass es einen Zusammenhang zwischen der Trockenstressempfindlichkeit eines Baumes und den standörtlichen Verhältnissen am Herkunftsort gibt. Daher wird diskutiert, ob Herkünfte aus dem südosteuropäischen Raum für den verstärkten Anbau in Deutschland geeignet sind. Versuche zeigen aber, dass Spätfrostereignisse diese Herkünfte im besonderen Maße schädigen. Für den Aufbau neuer klimastabilerer Wälder sollte demnach auf das adaptive Potential der heimischen Herkünfte zurückgegriffen werden.

Die bestehenden Herkunftsgebiete und Herkunftsempfehlungen orientieren sich bisher nur bedingt an klimatischen wie auch standörtlichen Aspekten. Zukünftig sollten Herkunftsempfehlungen sich vermehrt an den standörtlichen Gegebenheiten orientieren. Verwendungszonen können die notwendigen Informationen bereitstellen und Grundlage solcher Empfehlungen sein. Innerhalb eines anderen Projektes wurden bereits Verwendungszonen berechnet. Diese konnten aber aufgrund der ungeeigneten Datengrundlage nicht abschließend evaluiert werden. Versuchsserien, mit denen Verwendungszonen sicher ausgewiesen und validiert werden können fehlen in Deutschland bisher gänzlich.

Das Projekt „OakZones“ kann dazu beitragen diese Wissenslücke zu schließen und eine erste Grundlage für die Ausweisung von Verwendungszonen und Saatguttransferrichtlinien schaffen. Zu diesem Zweck soll eine Versuchsserie mit 140 Herkünften auf 14 Versuchsflächen unter besonderer Berücksichtigung des Wasserhaushaltes (Standortwasserbilanz) angelegt werden. Mittelfristig kann der Herkunftsversuch wertvolle Daten zum Wuchsverhalten und des Anpassungspotentials bereitstellen. Kurzfristig können Trockenstressexperimente zusätzliche Hinweise auf das adaptive Potential hinsichtlich der Anpassungsfähigkeit geben.

Summary

Sessile oak seed for the forest of tomorrow - OakZones a project presentation

Climate change is leaving its first traces in Germany. In recent years, many hectares of forest have already been directly or indirectly affected by its impacts. Forecasts indicate that summers will be drier and warmer. The climatic changes will particularly benefit the sessile oak, which is more resistant to drought stress than other native tree species. Research suggests that there is a connection between the drought stress sensitivity of a tree and the site conditions at its place of origin. Therefore, it is being discussed whether origins from south-eastern Europe are suitable for increased cultivation in Germany. Trials show, however, that late frost events are particularly damaging these origins. For the establishment of new, more climate-stable forests, the adaptive potential of indigenous provenances should therefore be used.

The existing areas of origin and recommendations for origin have so far been oriented only to a limited extent to climatic and site-specific aspects. In the future, recommendations on origin should be oriented more towards local conditions. Seed zones can provide the necessary information and be the basis for such recommendations. Within another project, seed zones have already been calculated. However, these could not be evaluated

conclusively due to the unsuitable data basis. Test series that can be used to reliably identify and validate seed zones are completely lacking in Germany.

The project "OakZones" can help to close this knowledge gap and create a first basis for the designation of seed zones and seed transfer guidelines. For this purpose, a trial series with 140 provenances on 14 trial plots is to be established with special consideration of the water balance (site water balance). In the medium term, the provenance trial can provide valuable data on growth behaviour and adaptive potential. In the short term, drought stress experiments can provide additional information on the adaptive potential with regard to adaptability.

1 Einleitung

1.1 Aktueller Stand

Der anthropogene Klimawandel und seine Begleiterscheinungen erzwingen eine Beschleunigung des Waldumbaus in Deutschland und sorgen für eine fieberhafte Suche nach angepassten Baumarten und Herkünften. So fielen zwischen Januar 2018 und Oktober 2020 etwa 380.000 ha Waldfläche dem Sturm, Dürre und biotischen Folgeerscheinungen wie der Borkenkäferkalamität zum Opfer (THONFELD et al. 2022). Neben einem Anstieg der mittleren Jahrestemperatur in Europa werden extreme Hitzeereignisse häufiger auftreten (SENEVIRATNE et al. 2021; DUNN et al. 2020; LHOTKA et al. 2018; HARI et al. 2020). Die jährlichen Niederschlagsmengen werden sich zwar laut Klimamodellen in Deutschland nur in geringem Umfang verändern und eher zu- als abnehmen, allerdings wird eine zunehmende Saisonalität mit einer Verschiebung der Niederschlagsereignisse in die Wintermonate (KJELLSTRÖM et al. 2018; KONAPALA et al. 2020) und einer Zunahme an extremen Niederschlagsereignissen (DUNN et al. 2020) erwartet. Zusammen mit der größeren Wasserspeicherkapazität wärmerer Luft, führt dies zu einer höheren Wahrscheinlichkeit für Dürreperioden, insbesondere in den Sommermonaten (KJELLSTRÖM et al. 2018; SPINONI et al. 2018; KONAPALA et al. 2020; PADRÓN et al. 2020; SPINONI et al. 2020; SENEVIRATNE et al. 2021).

Die wärmeren und trockeneren Sommer begünstigen im besonderen Maße die Eichen. Untersuchungen zeigen, dass sie im Vergleich mit anderen heimischen Laubbaumarten unempfindlicher auf Trockenstress reagieren (LEUSCHNER et al. 2001; LEUZINGER et al. 2005; BECK 2010; SCHERRER et al. 2011; SCHWARNWEBER et al. 2011; HANEWINKEL et al. 2013; METTE et al. 2013; BONFILS et al. 2015; ZIMMERMANN et al. 2015; HLÁSNY et al. 2016; BURAS und MENZEL 2019). Zusätzlich werden durch den Klimawandel neue Areale in den höheren Lagen erschlossen (BRANG et al. 2008; JANDL et al. 2012; LEUCH et al. 2017). Im direkten Vergleich schneiden Trauben-Eichen bezüglich ihrer Trockenstresstoleranz etwas besser ab, als die Stiel-Eiche (FRIEDRICHS et al. 2009a, 2009b; AREND et al. 2013; BONFILS et al. 2013). Das zeigt, dass die Eichen und insbesondere die Trauben-Eiche einen noch höheren Stellenwert beim Waldumbau einnehmen werden.

Eichen zeigen sich aber nicht völlig unempfindlich gegenüber geänderten klimatischen Verhältnissen. Untersuchungen deuten darauf hin, dass es einen Zusammenhang zwischen der Trockenstressempfindlichkeit und den standörtlichen Verhältnissen am Herkunftsort gibt. Trockenstressexperimente an jungen Eichen ergaben, dass Herkünfte vom südlicheren Alpenrand besser angepasst sind, als nördlich gelegene Herkünfte (AREND et al. 2013). Experimente an 5-jährigen Eichen aus Italien zeigten, dass die Herkunft aus der trockensten Region die geringsten Wachstumseinbrüche gegenüber der Kontrollgruppe verzeichnete (BRUSCHI 2010). Jahrringanalysen an französischen Herkünften belegen, dass die Trockenstressempfindlichkeit entlang eines Gradienten vom ozeanisch geprägten hin zu kontinentalen Bedingungen abnimmt (MÉRIAN et al. 2011). Auswertungen eines europäischen Herkunftsversuches führten zu dem Ergebnis, dass die Überlebensraten abnehmen, wenn Herkünfte in wärmere und trockenere Regionen verbracht werden (SÁNEZ-ROMERO et al. 2017).

Die Wasserverfügbarkeit am Standort bei gleichen klimatischen Verhältnissen hat ebenfalls einen großen Einfluss auf das Wuchsverhalten. So konnten in einer Nachkommenschaftsprüfung mit niederländischen Herkünften

Wuchsunterschiede in Abhängigkeit vom Grundwasserstand nachgewiesen werden (BURAS et al. 2020). Aktuell wird daher diskutiert, ob in Zeiten des Klimawandels Herkünfte aus wärmeren und trockeneren Regionen in Südosteuropa nach Deutschland eingeführt werden sollen. Jedoch werden Spätfröste auch zukünftig auftreten und besonders das Wachstum und die Vitalität der südlicheren Herkünfte stark beeinträchtigen (KONNERT und RÜCKAUF 2009).

Anbauversuche mit mehreren osteuropäischen Herkünften in Brandenburg belegen die hohe Anfälligkeit gegenüber Spätfrost. So wurden die rumänische und bulgarische Herkunft bei einem Spätfrostereignis zu über 90 % letal geschädigt. Die Autoren der Studie kommen deshalb zu dem Schluss, dass aus heutiger Sicht wenig Hoffnung besteht, mittelfristig die lokalen Vorkommen mit osteuropäischen Herkünften ersetzen zu können (KÄTZEL et al. 2019). Für den Aufbau neuer klimastabilerer Wälder muss demnach auf das adaptive Potential der heimischen Herkünfte zurückgegriffen werden. Offen ist allerdings die Frage, welche Herkünfte mit den zu erwartenden Klimaten zurechtkommen werden. Ebenfalls ungewiss ist, ob die bestehenden lokalen Herkünfte mit den künftigen Bedingungen zurechtkommen oder alternativ durch deutsche Herkünfte von trockeneren Standorten ersetzt werden müssen.

Baumarten mit forstlicher Relevanz unterliegen in Deutschland dem Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG). Für jede dieser Baumarten formuliert die Forstvermehrungsgut-Herkunftsgebietsverordnung (FoVHgV) unterschiedliche Herkunftsgebiete. Danach wird Deutschland für die Trauben-Eiche in 13 unterschiedliche Herkunftsgebiete unterteilt, die auf den ökologischen Grundeinheiten basieren. Die Verordnung ist grundsätzlich als Verbraucherinformation zu verstehen und soll dem Waldbesitzer helfen, geeignete Herkünfte auszuwählen. Zusätzlich geben explizite Herkunftsempfehlungen Auskunft darüber, welche Herkünfte sich für das entsprechende Gebiet besonders eignen. Je nach Kategorie der Saatgutquelle handelt es sich um eine durch Versuchsanbauten bewiesene Wuchsüberlegenheit („Geprüft“), oder eine auf der Vererbungslehre basierende Empfehlung (Kategorien „Qualifiziert“ und „Ausgewählt“), dass das Forstvermehrungsgut bezüglich Wuchsleistung und Qualität überlegen ist. Standortliche, wie auch klimatische Aspekte werden kaum berücksichtigt. Zukünftig sollen sich Herkunftsempfehlungen mehr an standörtlichen (einschl. klimatischen) Eigenschaften sowohl des Herkunftsgebietes, als auch des Anbauortes als an regional abgegrenzten Einheiten orientieren. Grundlage dieser neuartigen Empfehlungen können Verwendungszonen sein, die auf Grundlage von Standortinformationen sowie aktuellen und simulierten, zukünftigen Klimabedingungen ausgewiesen werden. Dadurch können für jeden Standort Herkünfte für die Saatgutbeschaffung ausgewählt werden, die einen stabilen und leistungsfähigen Waldbestand versprechen lassen.

1.2 Das Projekt „OakZones“

In einem ersten Ansatz wurden bereits Verwendungszonen für Forstvermehrungsgut der Trauben-Eiche im Projekt „FitForClim“ berechnet. Die Analyse aller Herkunfts- und Nachkommenschaftsprüfungen in Deutschland zeigte jedoch, dass fast alle Versuchsserien für die Berechnung von Verwendungszonen ungeeignet sind. Das hat im Wesentlichen zwei grundlegende Ursachen. Zum Ersten sind in den Herkunftsversuchen zu wenige Herkünfte vertreten. So besteht ein Herkunftsversuch mit französischen und deutschen Trauben-Eichen an der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt lediglich aus 17 Prüfgliedern (GROTHEUSMANN und SCHÖNFELDER 2011). Eine internationale Versuchsserie am Thünen-Institut für Forstgenetik umfasst maximal 29 europäische Herkünfte (MADSEN 1990). Für die Berechnung von belastbaren Verwendungszonen sind diese Prüfgliedzahlen deutlich zu gering. Zweitens sind viele Versuchsserien mit dem vornehmlichen Ziel angelegt worden, Saatguterntebestände als geprüft zulassen zu können. Diese bestehen zwar aus deutlich mehr Prüfgliedern, sind aber meist kleinräumig verteilt und auf einzelne Bundesländer beschränkt. Weiterhin liegen die Versuchsfelder häufig auf mittleren Standorten, Grenzstandorte werden gemieden, wodurch ein Standortgradient nicht vorhanden ist. Auch diese Serien sind für die Berechnung von Verwendungszonen ungeeignet. Die Berechnungen im Projekt „FitForClim“ basieren daher lediglich auf einer Fläche und können mit dem vorhandenen Datenmaterial nicht hinreichend evaluiert werden (FITFORCLIM 2020).

Berechnungen an historischen Herkunftsversuchen belegen die Schwächen alter Versuchsserien (LEITES et al. 2012). Es bedarf daher neuer Versuchsserien, die das genannte Defizit ausgleichen und Daten für belastbare statistische Analysemethoden liefern, um Verwendungszonen berechnen zu können. Neue Versuche müssen neben Material von Saatguterntebeständen auch Material von Marginalstandorten berücksichtigen (KREMER et al. 2012) und ebenfalls über die Versuchsflächen einen Standortgradienten abbilden (z. B. Wasserhaushaltsgradient). Das Versuchsziel muss hierbei möglicherweise neu definiert werden. Spielten bisher für die Züchtung die Leistungs- und Formeigenschaften eine entscheidende Rolle, sollten neue Versuche sich primär mit der Anpassungs- und Überlebensfähigkeit unter dem Gesichtspunkt der Klimaveränderung beschäftigen (KÄTZEL et al. 2019).

Das Projekt „OakZones“ bildet die Grundlage für die Ausweisung von Verwendungszonen und Saatguttransferrichtlinien für die Baumart Trauben-Eiche. Hierfür soll eine Versuchsserie mit 140 Herkünften auf 14 Versuchsflächen entstehen, mit deren Hilfe die Auswirkungen der unterschiedlichen Feuchteregime der unterschiedlichen Herkünfte und Standorte auf das Wachstum erfasst werden können. Bei der Auswahl der Versuchsflächen wird ein möglichst breiter Gradient an Standortfaktoren, insbesondere bezüglich des Wasserhaushaltes, berücksichtigt.

Ergebnisse aus Trockenstressexperimenten können kurzfristig Hinweise auf das adaptive Potential hinsichtlich der Anpassungsfähigkeit an Trockenstress liefern. Mittelfristig wird der Herkunftsversuch wertvolle Daten zum Wuchsverhalten und des Anpassungspotentials der Trauben-Eiche bereitstellen. Schlussendlich können der Forstpraxis mit den Ergebnissen des Projektes fundierte Empfehlungen für die Auswahl von geeignetem forstlichen Vermehrungsgut gegeben werden.

2 Material und Methoden

2.1 Methoden zur Berechnung von Verwendungszonen

Die Berechnung von Verwendungszonen oder Saatguttransferrichtlinien ist das Ziel vieler aktueller Forschungsvorhaben. Besonders für Nadelbäume und im nordamerikanischen Raum existiert eine Fülle an Veröffentlichungen, aber auch aus dem europäischen Raum stammen erste Arbeiten (SCHMIDLING 1994; REHFELD et al. 1999a; HAMANN et al. 2000; WANG et al. 2006; YING et al. 2006; THOMSON und PARKER 2008; KAPPELLER et al. 2012; CHAKRABORTY et al. 2015; FARJAT et al. 2015; LIEPE et al. 2016; WENIG et al. 2019).

Für die Berechnung von Verwendungszonen stehen mittlerweile verschiedene statistische Verfahren zur Verfügung. Diese ermöglichen durch die gekoppelte Analyse von Wuchs- und Klimadaten Aussagen bezüglich Einschränkungen oder Empfehlungen für den Transfer von Saatgut (MÁTYÁS 1996; REHFELDT et al. 1999a, 1999b; O'NEILL et al. 2008; WANG et al. 2010; HAMANN et al. 2011; LOH 2011). Hierbei handelt es sich primär um Transferfunktionen, Klassifikations- und Regressionsbäume. Als weiteres statistisches Verfahren können Biplots angeführt werden. In der Landwirtschaft findet das Verfahren bereits große Anwendung (YAN und HUNT 2001; YAN und TINKER 2006; GAUCH et al. 2008; FARSHADFAR et al. 2013; XU et al. 2014), wird aber zunehmend auch im forstlichen Bereich genutzt (STIEHM und HOFMANN 2018; DING et al. 2008; CORREIA et al. 2010; GEZAN et al. 2017).

Im Projekt „OakZones“ werden die Daten des Trockenstressexperimentes und später auch die des Herkunftsversuches für die Berechnungen mit den unterschiedlichen statistischen Verfahren verwendet. Zielgrößen sind die Ausfallraten und die Wuchshöhen der Herkünfte.

2.2 Auswahl der Erntebestände mit Hilfe der Standortwasserbilanz (SWB)

Zur Einschätzung der Wasserversorgung eines Standortes unter heutigen und künftigen klimatischen Bedingungen kann die Standortwasserbilanz (SWB) ermittelt werden (AUGUSTIN und BRAUN 2016). Die Basis für die Berechnung bilden hierbei die Klimatische Wasserbilanz in der Vegetationszeit und das pflanzenverfügbare Bodenwasser, die so genannte nutzbare Feldkapazität (nFK). Somit kann die SWB als leicht zu erhebender

Indikator für die Einschätzung des Trockenstressrisikos eines Standortes genutzt werden (REMUND et al. 2014; BRAUN et al. 2014; SPELLMANN et al. 2020). Durch die NW-FVA erfolgte bereits die flächendeckende Berechnung der SWB für die Trägerländer (Niedersachsen, Hessen, Sachsen-Anhalt und Schleswig-Holstein) (SPELLMANN et al. 2020).

Um eine Auswahl der potenziell geeigneten Saatguterntebestände nach SWB zu treffen wurden die Forsteinrichtungsdaten der Länder, mit der SWB kombiniert. Die Auflösung der SWB-Rasterdaten beträgt dabei für Schleswig-Holstein 200 x 200 m und für Hessen, Niedersachsen sowie Sachsen-Anhalt auf Grund der kleinteiligeren Topographie 50 x 50 m. Die nFK-Werte zur Berechnung der SWB entstammen dabei der forstlichen Standortkartierung, während die klimatische Wasserbilanz auf DWD-Daten der Jahre 1981-2010 basiert.

Über alle vier Bundesländer hinweg treten SWB-Werte zwischen -300 mm und 310 mm auf, mit einer Häufung der trockenen (negative SWB) Standorte in Sachsen-Anhalt und den feuchtesten in Niedersachsen. Zur Auswahl der Bestände wurde die Spanne der SWB-Werte in Stufen à 20 mm eingeteilt. Einzige Ausnahme bildet dabei die Stufe 28, die den Bereich von 241-310 mm umfasst, da die Trauben-Eiche eher seltener auf vernässten Standorten stockt. Die klaren Unterschiede in der Häufigkeit des Auftretens der jeweiligen SWB-Stufen in den vier Bundesländern sind in Abbildung 1 gut zu erkennen.

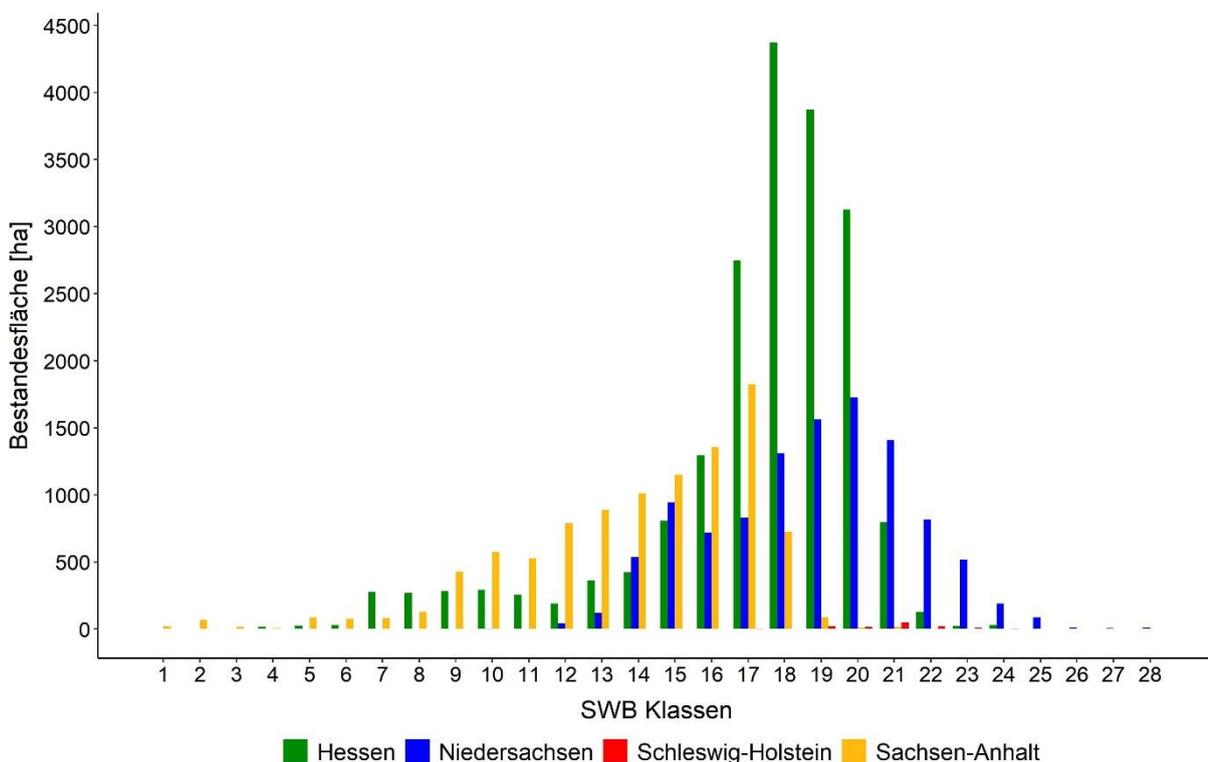


Abb. 1: Aufteilung der Trauben-Eichen Bestandesgrundfläche (ha) auf die Standortwasserbilanzklassen getrennt nach Bundesländern.

Aus den klassifizierten Beständen wurden je SWB-Stufe fünf Bestände (insgesamt 140) randomisiert zur Ernte ausgewählt. Für die Auswahl dieser Bestände wurden weitere Indikatoren wie Alter (> 50 Jahre) und Flächengröße (> 1 Hektar) herangezogen. Die hohe Anzahl an Beständen ermöglicht es Ausfälle zu kompensieren

und die gesamte standörtliche Bandbreite abzudecken. Sie ist aber auch relevant, um statistische Verfahren wie Biplot, Klassifikations- und Regressionsbäume mit einer ausreichend hohen Aussagekraft anwenden zu können.

2.3 Saatguternte im Projekt OakZones

In den ausgewählten Beständen sollten jeweils von bis zu vier, möglichst vitalen Bäume, insgesamt 8,5 kg Eicheln geerntet werden. Die Einschätzung der Vitalität beruhte dabei auf dem Kronenstrukturschlüssel für Alteichen der Arbeitsgemeinschaft Dauerbeobachtungsflächen (AG DBF/LII-Kronenzustand 2001) und diente dazu, gut an den Standort angepasste Individuen zu beernten. Das Saatgut wurde möglichst nahe am Stammfuß gesammelt, um sicherzustellen, dass es von den ausgewählten Individuen stammte. Beerntete Bäume wurden markiert (Abb. 4) und ihre GPS-Koordinaten aufgenommen, um eine spätere Entnahme von Bodenproben zu ermöglichen.

Im ersten Projektjahr (2021) kam es zu einem nahezu vollständigen Ernteausfall bei der Baumart Trauben-Eiche in allen Trägerländern der NW-FVA. Stichprobenartige Bereisungen zeigten, dass weder die erforderlichen Mengen und Qualitäten an Saatgut noch die notwendige Anzahl an Beständen erreichbar waren. Das zweite Projektjahr (2022) schien für eine Vollmast geeignet, bedingt durch die lange und starke Dürre im Sommer dieses Jahres, kam es jedoch nur zu einer Sprengmast. Dies führte dazu, dass in vielen der ausgewählten Bestände wenig Saatgut in ausreichenden Mengen vorhanden war und Ausweichflächen gefunden werden mussten. Zumal das Projekt für die Baumart Trauben-Eiche die ganze Bandbreite der Standorte inklusive der Extremstandorte (trocken <-> nass) für die Saatguternte nutzen wollte. Vor allem unter schwierigen standörtlichen Bedingungen neigen Bäume eher dazu keine unnötigen Energiereserven für die Produktion von Saatgut aufzuwenden.

In Sachsen-Anhalt betrug der Anteil an Flächen die nicht beerntbar waren und nachnominiert werden mussten 48 %, in Niedersachsen 34 % und in Hessen 29 %. In Schleswig-Holstein waren nur zwei Bestände Teil der Auswahl, beide konnten erfolgreich beerntet werden. Zusätzliche konnten zwei Bestände in Nordrhein-Westfalen beerntet werden. Die Abbildung 2 zeigt die geographische Verteilung der aufgesuchten Flächen und den Ernteerfolg.

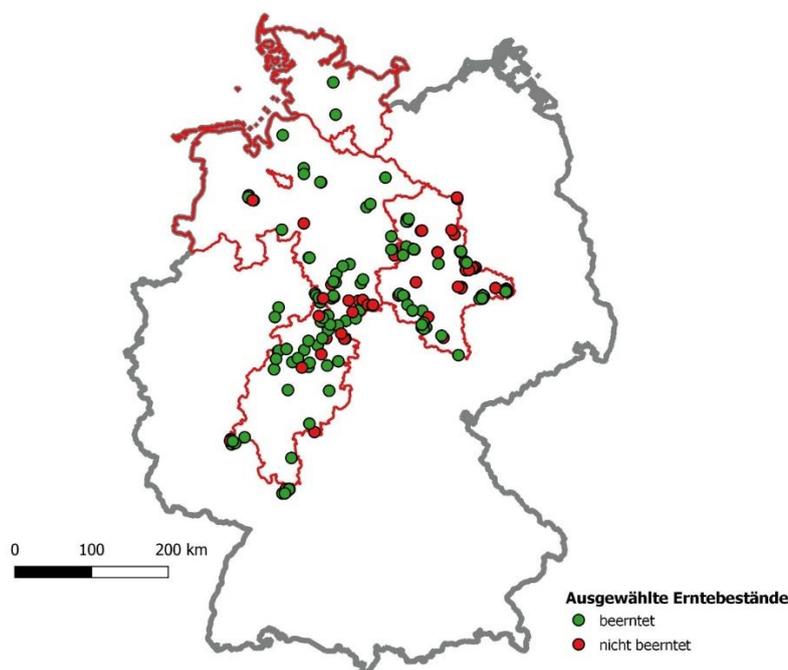


Abb. 2: Geographische Verteilung der ausgewählten Erntebestände in den vier Trägerländern der NW-FVA und NRW.

Insgesamt wurden 184 Bestände mit einer Gesamtfläche von ca. 840 ha auf der Suche nach geeigneten Samenbäumen bereist. Hiervon konnten 109 Bestände aus 26 der ursprünglich geplanten 28 SWB-Stufen mit einer Saatgutausbeute von 1.250 kg erfolgreich beerntet werden. Dank der Unterstützung unserer Kolleginnen und Kollegen in den Darren Oerrel, Hanau-Wolfgang und Annaburg sowie engagierter Försterinnen und Förster konnte außerdem Saatgut von je 10 anerkannten Saatgutbeständen aus Niedersachsen, Hessen und Sachsen-Anhalt in den Versuch integriert werden. Abbildung 3 zeigt die Anzahl beernteter und nicht beernteter Bestände je SWB-Stufe.

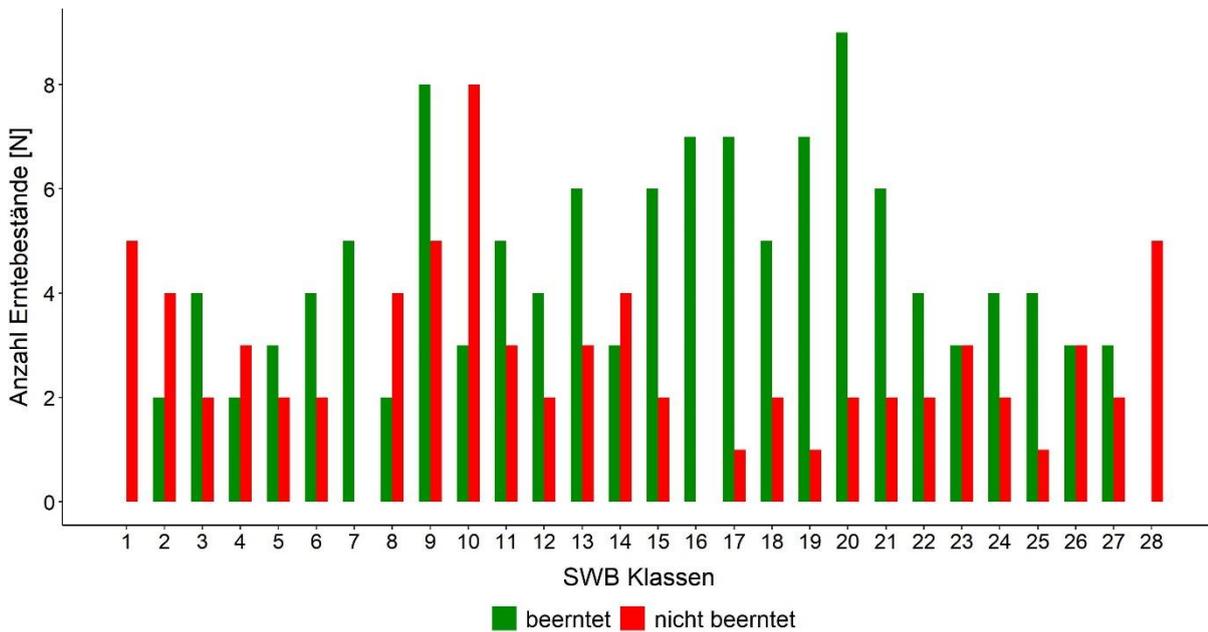


Abb. 3: Übersicht über die beernteten und nicht beernteten Saatgutbestände getrennt nach Standortwasserbilanzklassen.



Abb. 4: Impressionen der Saatguternte 2023. A) Erntebaum mit dauerhafter Markierung. B) Saatgutlager im Kühlraum der NW-FVA bereit für den Weitertransport Richtung Darre. C) Abgeschwemmte Saatgutpartie.

Das Saatgut wurde nach der Ernte am Standort der NW-FVA in Hann. Münden abgeschwemmt (Abb. 4), gewogen und möglichst zeitnah in die Darre Oerrel transportiert. Dort wurde es thermotherapiert und bis zur Aussaat im Frühjahr 2023 eingelagert.

3 Laufende Arbeiten

3.1 Anzucht der Prüfglieder

Das Saatgut der Einzelbäume wird im Frühjahr 2023 nach Beständen getrennt gemischt, wobei darauf zu achten ist, dass die Bäume eines jeden Bestandes auf Grundlage des Tausendkorngewichts mit gleichen Anteilen in der Saatgutmischung vertreten sind.

Die Aussaat und Anzucht der Sämlinge erfolgt im Versuchskamp der NW-FVA Standort Hann. Münden. Für den Trockenstressversuch gedachte Pflanzen werden anschließend in 2 l Container mit Baumschulsubstrat getopft, während die Pflanzen für die Versuchsflächenanalagen ein weiteres Jahr im Kamp verbleiben.

Sobald der Keimungserfolg der einzelnen Bestände ersichtlich ist, wird in allen Beständen, von denen genug Sämlinge auflaufen, eine bodenkundliche Beprobung zur Validierung der SWB vorgenommen.

3.2 Validierung der Standortwasserbilanz

Die Vorauswahl der Erntebestände, erfolgte anhand regionalisierter Werte der SWB. Trotz der vergleichsweise hohen räumlichen Auflösung der modellierten Daten können kleinräumige Unterschiede in der Bodenzusammensetzung nicht abgebildet werden. Dies kann einen großen Einfluss auf die nutzbare Feldkapazität (nFK) des Bodens und somit auf die SWB-Werte der Einzelbäume haben. Um diese Effekte möglichst genau zu berücksichtigen und die Vorauswahl zu validieren, werden Bodenproben, zur Ermittlung der nFK, direkt an den beernteten Bäumen genommen. Die Einzelbaum nFK-Werte dienen anschließend der exakteren Gruppierung der SWB. Nach dieser Rekalibrierung der SWB-Werte, werden die ursprünglich 28 SWB-Stufen in 7 neue Stufen überführt, um eine Anwendbarkeit in der Praxis zu gewährleisten.

3.3 Trockenstressexperimente

Ein Trockenstressexperiment soll im Sommer 2024 und 2025 mit 1- bzw. 2-jährigen Pflanzen aller verfügbaren Herkünfte durchgeführt werden. Je Herkunft werden etwa 10 Pflanzen der Kontrollgruppe und der Versuchsgruppe zugeordnet. Während die Kontrollgruppe regelmäßig bewässert wird, wird die Versuchsgruppe, nach einer letzten Bewässerung auf Feldkapazität, im Frühsommer 2024 einem 6-wöchigen Trockenstress ausgesetzt.

Um die Wasserverluste der Versuchsgruppe zu erfassen, werden die Pflanzcontainer bzw. Pflanzen vor und nach der Trockenstressphase gewogen und vermessen sowie regelmäßige Bodenfeuchtemessungen durchgeführt. Während der gesamten Dauer des Experiments wird die Vitalität der Pflanzen bonitiert. Nach Beendigung der Trockenstressphase werden sowohl die Kontroll- als auch Versuchsgruppe wieder regulär bewässert und überwintert. Im darauf folgenden Sommer 2025 erfolgt eine Wiederholung der Trockenstressphase in der gleichen Aufteilung von Kontroll- und Trockenstressgruppe wie im Jahr zuvor.

3.4 Anlage Feldversuche

Ausgehend von den 7 neuen SWB-Stufen, sollen je Stufe zwei Versuchsflächen im Frühjahr 2025 angelegt werden. Dabei wird ein unvollständiges Blockdesign mit 3 Wiederholungen je Versuchsfläche angestrebt. Auswahlkriterien für die Versuchsflächen sind neben der SWB, die Homogenität und Größe der Fläche. Bodenproben dienen der Ermittlung der tatsächlich vorhandenen nFK und einer genaueren Bestimmung der jeweiligen SWB.

Im Herbst 2025 wird pflanzplatzbezogen das Überleben der Pflanzen sowie der Höhenzuwachs aufgenommen, um die Entwicklung jeder Pflanze über die Zeit abbilden zu können. Des Weiteren werden nennenswerte Schädigungen durch Pilze und Fraß bonitiert, sowie mögliche Trockenschäden erfasst. Die Aufnahmen sollen auch über den Projektzeitraum hinaus weitergeführt werden.

Danksagung

Unser Dank gilt allen an der Ernte beteiligten Försterinnen und Förstern der Trägerländer der NW-FVA, dem Forstamt Hochstift (NRW) sowie den Darren Oerrel (NI), Hanau-Wolfgang (HE) und Annaburg (ST) für Ihre Unterstützung und Zusammenarbeit.

Das Projekt wird aus Mitteln des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) sowie des Bundesministeriums für Umwelt, Naturschutz, nukleare Sicherheit und Verbraucherschutz (BMUV) aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages durch die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR) im Rahmen des Waldklimafonds gefördert (Förderkennzeichen: 2220WK25X4).

Referenzen

- AG DBF/LII-Kronenzustand (2001): Kronenstrukturschlüssel für Alteichen. Arbeitsgemeinschaft Dauerbeobachtungsflächen / Level II - Kronenzustand des Bundes und der Länder.
- AREND M, BREM A, KUSTER T, GÜNTHARDT-GEORG MS (2013): Seasonal photosynthetic responses of European oaks to drought and elevated daytime temperature. *Plant Biology* 15(1): 1-8.
- AUGUSTIN S, BRAUN S (2016): Der Wasserhaushalt der Waldböden. *Züricher Wald* 4, 16-20.
- BECK W (2010): Auswirkungen von Trockenheit und Hitze auf den Waldzustand in Deutschland. In: NAGEL J (Hrsg.): Sektion Ertragskunde Jahrestagung 17.-19. Mai 2010. Deutscher Verband Forstlicher Versuchsanstalten.
- BONFILS P, AREND M, KUSTER T, JUNOD P, GÜNTHARDT-GOERG MS (2013): Die Eiche ist Robust. *Wald und Holz*, Nr. 4 (13): 27-31.
- BONFILS P, RIGLING A, BRÄNDLI U, BRANG P, FORSTER B, ENGESSER R, GUGERLI F, JUNOD P, MÜLLER R, GÜNTHARDT-GEORG MS (2015): Die Eiche im Klimawandel. Zukunftschancen einer Baumart. Eidg. Forschungsanstalt WSL. Merkblatt für die Praxis 55: 1-12.
- BRANG P, BUGMANN H, BÜRGI A, MÜHLENTALER U, RIGLING A, SCHWITTER R (2008): Klimawandel als waldbauliche Herausforderung. *Schweizerische Zeitschrift f. Forstwesen* 159(10):362-373.
- BRAUN S (2014): Die Eignung verschiedener Trockenheitsindices zur Abschätzung des Trockenheitsrisikos für den Wald und ihre standortspezifische Entwicklung bis 2050/2100. Schlussbericht. Forschungsprogramm "Wald und Klimawandel" des Bundesamtes für Umwelt BAFU, Bern und der Eidg. Forschungsanstalt WSL, Birmensdorf 58 S.
- BRUSCHI P (2010): Geographical variation in morphology of *Quercus petraea* (Matt.) Liebl. As related to drought stress. *Plant Biosystems* 144 (2): 298-307.
- BURAS A, SASS-KLASSEN U, VERBEEK I, COPINI P (2020): Provenance selection and site conditions determine growth performance of pedunculated oak. *Dendrochronologia* 61: 1-9.
- CHAKRABORTY D, WANG T, ANDRE K, KONNERT M, LEXER MJ, MATULLA C, SCHUELER S (2015): Selecting Populations for Non-Analogous climate conditions using universal response Functions: The case of Douglas-Fir in central Europe. *PlosOne* 10 (8): 1-21.
- CORREIA I, ALIA R, YAN W, DAVIT T, AGUIAR A, ALMEIDA MH (2010): Genotype x Environment interactions in *Pinus pinaster* at age 10 in a multi-environment trial in Portugal: a maximum likelihood approach. *Annales of Forest Science* 67 (612): 1-9.
- DING M, TIER B, YAN W, WU HX, POWELL MB, McRAE TA (2008): Application of GGE Biplot analysis to evaluate Genotypes (G), Environments E, and GxE Interaction on *Pinus radiata*: a case study. *New Zealand Journal of Forestry Science* 38 (1): 132-142.
- DUNN RJH, ALEXANDER LV, DONAT MG et al. (2020). Development of an updated global land in situ-based data set of temperature and precipitation extremes: HadEX3. *Journal of Geophysical Research. Atmospheres* 125 (16): 1-28.

- FARJAT AE, ISIK F, REICH BJ, WHETTEN RW, MCKEAN SE (2015): Modeling Climate Change Effects on the Height Growth of Loblolly Pine. *Forest Science* 61 (4): 703-715.
- FARSHADFAR E, RASHIDI M, JOWKAR MM, ZALI H (2013): GGE Biplot analysis of genotype x environment interaction in chickpea genotypes. *European Journal of Experimental Biology* 3 (1): 417-423.
- FITFORCLIM (2020): Schlussbericht zum Vorhaben "Bereitstellung von leistungsfähigem und hochwertigem Forstvermehrungsgut für den klima- und standortgerechten Wald der Zukunft (FitForClim), Teilprojekt 1. <https://www.waldklimafonds.de/foerderung/projektdatenbank/projektdatenbankdetails?fkz=22WB400701&cHash=50a57e0843b25de57d1c9da0e699fcdf>
- FRIEDRICHS DA, BÜNTGEN U, FRANK DC, ESPER J, NEUWIRTH B, LÖFFLER J (2009a): Complex climate controls on 20th century oak growth in Central-West Germany. *Tree Physiology* 29 (1): 39-51.
- FRIEDRICHS DA, TROUET V, BÜNTGEN U, FRANK DC, ESPER J, NEUWIRTH B, LÖFFLER J (2009b): Species-specific climate sensitivity of tree growth in Central-West Germany. *Trees* 23 (4): 729-739.
- GAUCH H G, PIEPHO H-P, ANNICCHIARICO P (2008): Statistical Analysis of Yield Trials by AMMI and GGE: Further Considerations. *Crop Science* 48 (3): 866-889.
- GEZAN SA, DE CARVALHO MP, SHERRILL J (2017): Statistical Methods to explore genotype-by-environment interaction for loblolly pine clonal trials. *Tree Genetics and Genomes* 13 (1): 1-11.
- GROTHEHUSMANN H, SCHÖNFELDER E (2011): Comparison of french and german sessile oak (*Quercus petraea* (Matt.) Liebl.) provenances. *Silvae Genetica* 60 (5): 186-196.
- HAMANN A, KOSHY MP, NAMKOOG G, YING CC (2000): Genotype x environment interactions in *Alnus rubra*: developing seed zones and seed-transfer guidelines with spatial statistics and GIS. *Forest Ecology and Management* 136: 107-119.
- HAMANN A, GYLANDER T, CHEN P (2011): Developing seed zones and transfer guidelines with multivariate regression trees. *Tree Genetics & Genomes* 7 (2): 399-408.
- HANEWINKEL M, CULLMANN D, SCHELLHAAS M, NABUURS G, ZIMMERMANN N (2013): Climate change may cause severe loss in the economic value of European forest land. *Nature Climate Change* 3: 203-207.
- HARI V, RAKOVEC O, MARKONIS Y, HANEL M, KUMAR R (2020): Increased Future Occurrences of the Exceptional 2018–2019 Central European Drought under Global Warming. *Scientific Reports* 10 (1): 12207.
- HLÁSNY T, MÁTYÁS C, SEIDL R, KULLA L, MERGANICOVA K, TROMBIK J, DOBOR L, BARCZA Z, KONOPKA B (2016): Climate Change increases the drought risk in Central European forests: What are the options for adaptation? *Central European Forestry Journal* 60 (1): 5-18.
- JANDL R, GSCHWANTNER T, ZIMMERMANN N (2012): Die künftige Verbreitung der Baumarten im Simulationsmodell. *BFW-Praxisinformation* 30: 9-12.
- KAPPELLER S, LEXER ML, GEBUREK T, HIEBL J, SCHUELER S (2012): Intraspecific variation in climate response of Norway spruce in the eastern Alpine range: Selecting appropriate provenances for future climate. *Forest Ecology and Management* 271: 46-57.
- KÄTZEL R, BECKER F, KANTER G, HLAWATI N, LÖFFLER S (2019): Herkunftsversuche als Bewährungsprobe bei Witterungsextremen: Südosteuropäische Herkünfte der Trauben-Eiche (*Quercus petraea* MATT. LIEBL.) in Brandenburg – Eine erste Auswertung. *Eberswalder Forstliche Schriftenreihe Band 67*: 81-98.
- KJELLSTRÖM E, NIKULIN G, STRANDBERG G, BØSSING CHRISTENSEN O, JACOB D, KEULER K, LENDERINK G, VAN MEIJGAARD E, SCHÄR C, SOMOT S, SØRLAND SL, TEICHMANN C, VAUTARD R (2018): European Climate Change at Global Mean Temperature Increases of 1.5 and 2 °C above Pre-Industrial Conditions as Simulated by the EURO-CORDEX Regional Climate Models. *Earth System Dynamics* 9 (2): 459-478.
- KREMER A, RONCE O, ROBLEDO-ARNUNCIANO JJ, GUILLAUME F, BOHRER G, NATHAN R, BRIDLE JR, GOMULKIEWICZ R, KLEIN EK, RITLAND K, KUPARINEN A, GERBER S, SCHUELER S (2012): Long-distance gene flow and adaptation of forest trees to rapid climate change. *Ecology Letters* 15 (4): 378-392.
- KONAPALA G, MISHRA AK, WADA Y, MANN ME (2020): Climate Change Will Affect Global Water Availability through Compounding Changes in Seasonal Precipitation and Evaporation. *Nature Communications* 11 (1): 3044.
- KONNERT M, RÜCKAUF A (2009): Neue Herkunftsempfehlungen für Bayern. *LWF aktuell* 68: 24-25.
- LEITES LP, REHFELDT G, ROBINSON AP, CROOKSTON NL, JAQUISH B (2012): Possibilities and limitations of using historic provenance tests to infer forest species growth responses to climate Change. *Natural Resource Modeling* 25 (3): 409-433.

- LEUCH B, STREIT K, BRANG P (2017): Der Schweizer Wald im Klimawandel: Welche Entwicklung kommen auf uns zu. Eidg. Forschungsanstalt WSL. Merkblatt für die Praxis 59: 1-12.
- LEUSCHNER C, BACKES K, HERTEL D, SCHIPKA F, SCHMITT U, TERBORG O, RUNGE M (2001): Drought response at leaf, stem and fine root levels of competitive *Fagus sylvatica* L. and *Quercus petraea* (Matt.) Liebl. Trees in dry and wet years. *Forest Ecology and Management* 149 (1-3): 33-46.
- LEUZINGER S, ZOTZ G, ASSHOFF R, KORNER C (2005): Responses of Deciduous Forest Trees to Severe Drought in Central Europe. *Tree Physiology* 25 (6): 641-50.
- LHOTKA O, KYSELÝ J, FARDA A (2018): Climate Change Scenarios of Heat Waves in Central Europe and Their Uncertainties. *Theoretical and Applied Climatology* 131 (3): 1043-54.
- LIEPE KJ, HAMANN A, SMETS P, FITZPATRICK CR, AITKEN SN (2016): Adaption of lodgepole pine and interior spruce to climate: implications for reforestation in a warming world. *Evolutionary Applications* 9 (2): 409-419.
- LOH W-Y (2011): Classification and regression trees. *Wires Data mining and knowledge Discovery* 1 (1): 14-23.
- MADSEN SF (1990): International Provenance Trail with *Quercus petraea*. The 1989-Series of Provenance Experiments with *Quercus petraea* (Matt.) Liebl. Description of Seed Stands and Seed collection. Danish Forest Experiment Station. Denmark.
- MÁTYÁS C (1996): Climatic adaption of trees: rediscovering tests. *Euphytica* 92 (1-2): 45-54.
- MERIAN P, BONTEMPS J-D, BERGÈS L, LEBOURGEOIS F (2011): Spatial and temporal instability in climate-growth relationships of sessile oak (*Quercus petraea* [Matt.] Liebl.) under temperate conditions. *Plant Ecology* 212 (11): 1855-1871.
- METTE T, DOLOS K, MEINARDUS C, BRÄUNING A, REINEKING B, BLASCHKE M, PRETSCH H, BEIERKUHLEN C, GOHLKE A, WELLSTEIN C (2013): Climatic turning point for beech and oak under climate change in central Europe. *Ecosphere* 4 (12): 1-19.
- O'NEILL GA, HAMANN A, WANG T (2008): Accounting for population variation improves estimates of the impact of climate change on species' growth and distribution. *Journal of Applied Ecology* 45 (4): 1040-1049.
- PADRÓN RS, GUDMUNDSSON L, DECHARME B, DUCHARNE A, LAWRENCE DM, JIAFU M, PEANO D, KRINNER G, KIM H, SENEVIRATNE SI (2020): Observed Changes in Dry-Season Water Availability Attributed to Human-Induced Climate Change. *Nature Geoscience* 13 (7): 477-481.
- REHFELD GE, TCHEBAKOVA NM, BARNHARDT LK (1999a): Efficacy of climate transfer functions: introduction of Eurasian populations of *Larix* into Alberta. *Canadian Journal of Forest Research* 29 (11): 1660-1668.
- REHFELDT GE, YING CC, SPITTLEHOUSE DL, HAMILTON DA (1999b): Genetic Responses to climate in *Pinus contorta*: Niche, Breadth, climate Change, and Reforestation. *Ecological Monographs* 69 (3): 375-407.
- REMUND J, RIHM B, HUGEUIN-LANDL B (2014): Klimadaten für die Waldmodellierung für das 20. und 21. Jahrhundert. *Meteorotest* 38 S.
- SÁENZ-ROMERO C, LAMY J-B, DUCOUSSO A, MUSCH B, EHRENMANN F, DELZON S, CAVERS S, CHALUPKA W, DAGDAS S, HANSEN JK, LEE SJ, LIESEBACH M, RAU H-M, PSOMAS A, SCHNECK V, STEINER W, ZIMMERMANN N, KREMER A (2017): Adaptive and plastic responses of *Quercus petraea* populations to climate across Europe. *Global Change Biology* 23 (7): 2831-2847.
- SCHERRER D, BADER M, KÖRNER C (2011): Drought-sensitivity ranking of deciduous tree species based on thermal imaging of forest canopies. *Agricultural and Forest Meteorology* 151(12): 1794-1806.
- SCHMIDTLING R C (1994): Use of provenance tests to predict response to climatic change: loblolly pine and Norway spruce. *Tree Physiology* 14(7-8-9): 805-817.
- SCHWARNWEBER T, MANTHEY M, CRIEGEE C, BAUWE A, SCHRÖDER C, WILKIM, M (2011): Drought matters – Declining precipitation influences growth of *Fagus sylvatica* L. and *Quercus robur* L. in north-eastern Germany. *Forest Ecology and Management* 262 (6): 947-961.
- SENEVIRATNE SI, ZHANG X et al. (2021): 11 Chapter 11: Weather and climate extreme events in a changing climate. In: *Climate Change 2021: The Physical Science Basis. Contribution of Working Group I to the Sixth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change*. Cambridge University Press. Cambridge. United Kingdom and New York.
- SPELLMANN H, SUTMÖLLER J, BÖCKMANN T, DÖBBELER H, HAMKENS H, NAGEL R-V (2020): Entscheidungshilfen zur klimaangepassten Baumartenwahl. S. 22-28. In: *Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Hessisches Ministerium für Umwelt, Klimaschutz, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (Hrsg.), Waldzustandsbericht 2020 für Hessen*.
- SPINONI J, VOGT JV, NAUMANN G, BARBOSA P, DOSIO A (2018): Will Drought Events Become More Frequent and Severe in Europe? *International Journal of Climatology* 38 (4): 1718-36.

- SPINONI J, MARINHO FERREIRA BARBOSA P, BUCCHIGNANI E et al. (2020): Future global meteorological drought hotspots: a study based on CORDEX data. *Journal of Climate* 33 (9): 3635-3661.
- STIEHM C, HOFMANN M (2018): Evaluation von Genotyp-Umwelt Interaktionen bei Pappel und Weide auf landwirtschaftlichen Standorten in kurzen Umtriebszeiten – Ergebnisse aus dem ProLoc Verbundvorhaben. *Landbauforschung* 68 (1/2): 67-82.
- THOMSON AM, PARKER WH (2008): Boreal forest provenance tests used to predict optimal growth and response to climate change. 1. Jack pine. *Canadian Journal of Forest Research* 38 (1): 157-170.
- THONFELD F, GESSNER U, HOLZWARTH S, KRIESE J, DA PONTE E, HUTH J, KUENZER C (2022): A First Assessment of Canopy Cover Loss in Germany's Forests after the 2018–2020 Drought Years. *Remote Sensing* 14 (3): 562.
- WANG T, HAMANN A, YANCHUK A, O'NEILL GA, AITKEN SN (2006): Use of response functions in selecting lodgepole pine populations for future climates. *Global Change Biology* 12 (12): 2404-2416.
- WANG T, O'NEILL GA, AITKEN SN (2010): Integrating environmental and genetic effects to predict responses of tree populations to climate. *Ecological Applications* 20 (1): 153-163.
- WENG Y, CHARRETTE P, LU P (2019): Re-examining breeding zones of white spruce in northwestern Ontario, Canada. *New Forests* 50 (5): 845-858.
- XU F-F, TANG F-F, SHAO Y-F, TONG C, BAO J-S (2014): Genotype x Environment Interactions for Agronomic Traits of Rice Revealed by Association Mapping. *Rice Science* 21 (3): 133-141.
- YAN W, HUNT LA (2001): Interpretation of Genotype x Environment Interaction for Winter Wheat Yield in Ontario. *Crop Science* 41 (1): 19-25.
- YAN W, TINKER NA (2006): Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. *Canadian Journal of Plant Science* 86 (3): 623–45.
- YING C, YANCHUK AD (2006): The development of British Columbia's tree seed transfer guidelines: Purpose, concept, methodology, and implementation. *Forest Ecology and Management* 227 (1-2): 1-13.
- ZIMMERMANN J, HAUCK M, DULAMSUREN C, LEUSCHNER C (2015): Climate Warming-Related Growth Decline Affects *Fagus Sylvatica*, But Not Other Broad-Leaved Tree Species in Central European Mixed Forests. *Ecosystems* 18 (4): 560–72.

Autorinnen und Autoren

ANDRÉ HARDTKE, KATHARINA VOLMER, FLORIAN HEIMSCH, MOIRA MÜHLBAUER, MARTIN HOFMANN
Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Prof.-Oelkers-Str. 6, 34346 Hann. Münden
Kontakt: andre.hardtke@nw-fva.de

Ergebnisse der Hybridlärchen-Züchtung der letzten 10 Jahren – aus der Petrischale in das Sägewerk

HEINO WOLF

Zusammenfassung

Aufbauend auf den Ergebnissen der Hybridlärchen-Züchtung seit 1951 führte der Staatsbetrieb Sachsenforst in den letzten 10 Jahren die Forschungsvorhaben DendroMax I bis III und WoodForIndustry durch. Das erste Vorhaben befasste sich, in Zusammenarbeit mit der Humboldt-Universität zu Berlin und in der letzten Projektphase zusätzlich mit den Baumschulen Oberdorla GmbH, mit der Erzeugung von Hybridlärchen-Klonen durch somatische Embryogenese. Im zweiten Verbundvorhaben standen, in Zusammenarbeit mit dem Institut für Holzforschung Dresden gGmbH sowie mit den Instituten für Forstnutzung und Forsttechnik, Pflanzen- und Holzchemie sowie Forstbotanik und Forstzoologie der TU Dresden, die physikalischen, chemischen und biologischen Holzeigenschaften von Hybridlärchen im Vergleich zur Europäischen Lärche im Mittelpunkt des Interesses.

In dem Vorhaben DendroMax konnte ein praxistaugliches Verfahren zur *In-vitro*-Vermehrung, Akklimatisierung und Jungpflanzenanzucht von Hybridlärchen-Klonen entwickelt werden. Die erzeugten Hybridlärchen-Klone wurden mit Untersuchungen zu quantitativen, qualitativen und physiologischen Merkmalen phänotypisiert. Parallel dazu erfolgte die Anlage von Demonstrations- und Versuchsflächen. Die bisherigen Ergebnisse der Untersuchungen wiesen auf eine große Variation der Hybridlärchen-Klone sowohl zwischen als auch innerhalb der verschiedenen Kreuzungsnachkommenschaften hin.

Im Vorhaben WoodForIndustry wurden Hybridlärchen verschiedener Kreuzungskombinationen in einem Alter zwischen 19 und 39 Jahren von unterschiedlichen Standorten im Vergleich zu Europäischen Lärchen gleichen Alters mit einer breiten Palette von Methoden untersucht. Neben Aussagen zu relevanten Holzeigenschaften der untersuchten Bäume konnten auf Grundlage der Ergebnisse Ansätze zu einer stärker verwendungsorientierten Züchtung erarbeitet werden.

Die erzielten Ergebnisse beider Vorhaben unterstreichen das Potential von Hybridlärchen-Kombinationen für eine erfolgreiche Verwendung zur Begründung von Vorwald und als Beimischung auf Zeit auch in klimatisch herausfordernden Zeiten.

Summary

Results of hybrid larch breeding over the last 10 years - from petri dish to te sawmill

Based on the results of hybrid larch breeding since 1951, the Staatsbetrieb Sachsenforst has carried out the research projects DendroMax I to III and WoodForIndustry over the last 10 years. The first project, in cooperation with the Humboldt University in Berlin and, in the last project phase, also with the Oberdorla GmbH nurseries, dealt with the production of hybrid larch clones through somatic embryogenesis. In the second joint project, in cooperation with the Institut für Holzforschung Dresden gGmbH and the Institutes of Forest Utilisation and Technology, Plant and Wood Chemistry as well as Forest Botany and Forest Zoology of the TU Dresden, the physical, chemical and biological wood properties of hybrid larches compared to European larch were the focus of interest.

In the DendroMax project, a practical procedure for *in vitro* propagation, acclimatisation and seedling cultivation of hybrid larch clones was developed. The clones produced were phenotyped with studies on quantitative, qualitative and physiological traits. In parallel, demonstration and trial plots were established. The results of the investigations so far indicated a large variation of the hybrid larch clones both between and within the different progenies.

In the WoodForIndustry project, hybrid larches of different crossing combinations aged between 19 and 39 years from different locations were investigated in comparison to European larches of the same age using a wide range

of methods. In addition to statements on relevant wood properties of the investigated trees, approaches to a more use-oriented breeding could be developed.

The results of both projects underline the potential of hybrid larch combinations for successful use in the establishment of pre-forest and as temporary admixture even in climate change.

1 Ergebnisse der Züchtungsprogramme mit der Gattung Lärche am Standort Graupa

Zwischen den Arten der Gattung Lärche ist, wie bei anderen Baumarten auch, eine Hybridisierung möglich. Dabei kann es zu Heterosis-Effekten kommen, das heißt, dass die Hybriden den Mittelwert der beiden Eltern für ein bestimmtes Merkmal (z. B. Ertrag) deutlich übertreffen. Das allgemein hervorragende Wachstum von spontan entstandenen Hybriden zwischen der Europäischen und der Japanischen Lärche ist bereits Anfang des 20. Jahrhunderts in Dänemark (Schottland) beobachtet worden (DIMPFLMEIER 1959). Angeregt durch diese Beobachtung begann Dengler 1935 in Deutschland mit gelenkten Kreuzungen zwischen Europäischen und Japanischen Lärchen. Nach dem 2. Weltkrieg erfolgte in weiteren europäischen Ländern die systematische Erzeugung und Prüfung von Hybridlärchen (DIMPFLMEIER 1959; LANGNER und SCHNECK 1998; PAQUES et al. 2013; WOLF et al. 2021a).

Im Jahr 1951 begann die Abteilung Forstpflanzenzüchtung, Institut für Forstwissenschaften Tharandt, die Arbeiten mit der Hybridlärche am Standort Graupa. Das Anwachsen der durch SO₂-Immissionen geschädigten Waldfläche seit den 1950er Jahren, vor allem in Lagen über 600 m ü. NN, führte zu einem zunehmenden Interesse an den Arten der Gattung Lärche als potentielle Baumarten-Alternativen. Dem gegenüber stand lange Zeit die Ansicht, dass der Anbau von Lärchen in Lagen oberhalb von 500 bis 600 m ü. NN wirtschaftlich riskant ist (RUBNER 1941, 1953; SCHÖNBACH und HAASEMANN 1968; WACHTER 1962). Die Arbeiten konzentrierten sich somit auf die Ausweitung der vertikalen Anbaugrenze in den ostdeutschen Mittelgebirgen von 500 m ü. NN auf bis zu 800 m ü. NN sowie auf die Widerstandsfähigkeit gegenüber abiotischen und biotischen Schadfaktoren einschließlich der SO₂-Resistenz. Des Weiteren stand die Wüchsigkeit der Lärchen unter den Gegebenheiten der Schadensgebiete im Fokus (HAASEMANN 1972; HERING 1990; HERING und BRAUN 1990, 1992).

Als Lösungsansatz wurde vor allem die Erzeugung und Auswahl von Hybridlärchen-Kreuzungskombinationen verfolgt. Seit 1951 erfolgte die Auslese von ca. 880 Plusbäumen der Europäischen Lärche (*Larix decidua* MILL.) (ELÄ) und Japanischen Lärche (*Larix kaempferi* [LAMB.] CARR.) (JLÄ). Aus diesem Material wurden seit 1956 ca. 500 Lärchen-Hybridkombinationen durch gelenkte Kreuzung und auf 35 Versuchsflächen mit Schwerpunkt in den Hauptschadensgebieten geprüft. Im Ergebnis dieser Arbeiten konnten bis 1990 neun Hybridlärchen-Kreuzungskombinationen (*Larix xeurolepis* HENRY) (HLÄ) als Sorten für den Anbau in den Mittelgebirgen der DDR von 600 bis 800 m ü. NN anerkannt werden (HAASEMANN 1972; HERING 1990; HERING und BRAUN 1990, 1992).

Der Rückgang der SO₂-Emissionen in Verbindung mit der Neuausrichtung der Waldbaustrategien im Sächsischen Landeswald zu Beginn der 1990er Jahre führte zu einer Anpassung der Ziele der Lärchenzüchtung in Sachsen. Die Züchtungsarbeiten bei der Hybridlärche verfolgen seitdem zwei unterschiedliche Ansätze: Für die Verwendung als Energieträger und als Holzstoff steht die Verbesserung der Merkmale Wuchsleistung und Biomasseproduktion bei hoher Standorts- und Stresstoleranz für die Produktion von Dendromasse in kurzen Zeiträumen im Mittelpunkt. Für die stoffliche Nutzung als Stammholz spielt die Verbesserung der Merkmale Holz- und Stammqualität sowie Stresstoleranz bei hoher Lärchenkrebsresistenz für die Produktion von Holz in mittleren bis langen Zeiträumen eine wichtige Rolle (LIESEBACH et al. 2013).

Vor diesem Hintergrund erfolgte nach 1991 sukzessive die Zulassung von Familieneltern und Samenplantagen als Ausgangsmaterial für die Erzeugung von Hybridlärchen-Kombinationen in der Kategorie geprüftes Vermehrungsgut nach den jeweils gültigen gesetzlichen Bestimmungen. Mit Stand vom 31.12.2021 waren fünf Elternbäume der Europäischen und sieben Elternbäume der Japanischen Lärche als Ausgangsmaterial für die Erzeugung von elf Hybridlärchen-Kombinationen zugelassen. Für die Erzeugung von insgesamt acht dieser Hybridlärchen-Kombinationen existieren fünf als Ausgangsmaterial zugelassene Samenplantagen in Sachsen, Sachsen-Anhalt und Thüringen.

Allen Hybridlärchen-Kombinationen, deren Familieneltern als Ausgangsmaterial zugelassen sind, ist ein deutlich besseres Wachstum gegenüber der mit angebauten Europäischen Lärche gemeinsam. Im Unterschied zur

Europäischen Lärche hat das schnelle Wachstum von Hybridlärchen keinen negativen Einfluss auf die Schaftform (WOLF et al. 2021c). Der Anteil an gutgeformten Bäumen liegt bei den Hybriden im Bereich der Absaaten der Bestände der Europäischen Lärche, wie das Beispiel einer europaweiten Hybridlärchen-Nachkommenschaftsprüfung auf vier Flächen in Sachsen und Thüringen im Baumalter von 20 Jahren zeigt (Abb. 1). Erste Beobachtungen zur Trockenhärte von Hybridlärchen in Frankreich und Deutschland weisen deutlich darauf hin, dass Hybridlärchen mit wenigen Ausnahmen widerstandsfähiger gegenüber Trockenheit waren als die Vertreter der Europäischen und Japanischen Lärche (ANONYMUS 2016; PAQUES 2016).

Eine Herausforderung bei der Bereitstellung von Hybridlärchen-Saatgut aus Samenplantagen ist die von Erntejahr zu Erntejahr immer wieder zu beobachtende große Variation sowohl des Vollkornanteils im Saatgut als auch des Anteils von Hybriden im Vollkorn. Diese werden neben dem Grad der Übereinstimmung in der Blühphänologie der Klone auch unmittelbar von den Blüh- und Bestäubungsverhältnissen des jeweiligen Reifejahres beeinflusst. Der Aufbau einer Samenplantage, das heißt die Verteilung und Anordnung der Klone, spielt ebenfalls eine nicht zu unterschätzende Rolle (TRÖBER 2011).

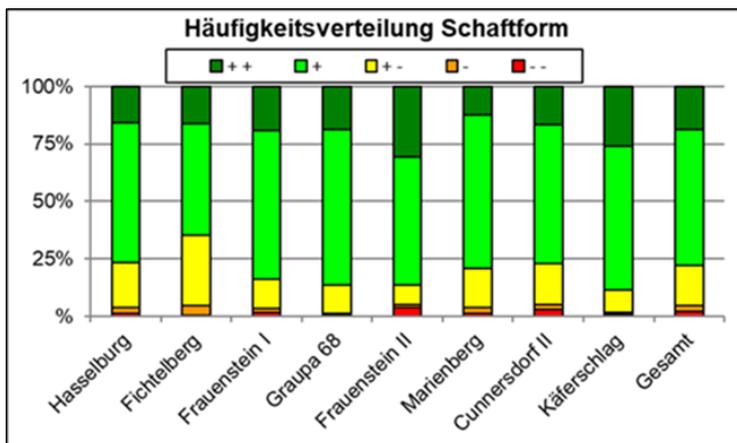


Abb. 1: Häufigkeitsverteilung der Schaftform über vier Versuchsstandorte der in den Untersuchungen berücksichtigten Hybridlärchen-Kombinationen im Vergleich zu den Europäischen Lärchen-Standards Hasselburg (Sachsen-Anhalt) und Käferschlag (Bayern) im Alter 20 Jahre (aus WOLF et al. 2021b).

Für die Nutzung der bisherigen Ergebnisse der Hybridlärchen-Züchtung stellten sich drei Fragen:

- (1) Kann Hybridlärchen-Vermehrungsgut auch auf vegetativem Wege wirtschaftlich erzeugt werden?
- (2) Können die beobachteten Unterschiede in Wachstum, Qualität und Trockenhärte auch auf individueller Basis genutzt werden?
- (3) Hat das beobachtete überdurchschnittliche Wachstum von Hybridlärchen Auswirkungen auf die zu erwartende Holzqualität?

Zur Klärung dieser Fragen konnten mit Förderung des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft auf Grund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages über die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e. V. zwei Forschungsvorhaben durchgeführt werden, die Ende 2020 erfolgreich abgeschlossen wurden. Es handelte sich um das Verbundvorhaben „Entwicklung und Einführung von biotechnologischen Verfahren zur Züchtung, Produktion und Verwendung von Hochleistungssorten ausgewählter Baumarten (DendroMax III)“ und das Verbundvorhaben „Eigenschaftsprofil und Einsatzspektrum von schnellwachsenden Züchtungsprodukten in der holzverarbeitenden Industrie (WoodForIndustry)“. Nachfolgend werden die Ziele, die methodische Herangehensweise sowie die Ergebnisse der Vorhaben zusammenfassend dargestellt.

2 Untersuchungen zur vegetativen Vermehrung der Hybridlärche durch somatische Embryogenese

Das Verbundvorhaben „Entwicklung und Einführung von biotechnologischen Verfahren zur Züchtung, Produktion und Verwendung von Hochleistungssorten ausgewählter Baumarten (DendroMax III)“ hatte die Entwicklung und Überführung einer praxistauglichen Prozesskette für die Massenvermehrung von leistungsfähigen, qualitativ hochwertigen und widerstandsfähigen Klonen unter anderem der Hybridlärche zum Ziel. Das Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung im Kompetenzzentrum für Wald und Forstwirtschaft des Staatsbetriebes Sachsenforst (SBS) bearbeitete von 2019 bis 2020 das Teilvorhaben „Bereitstellung von Ausgangsmaterial, Akklimatisierung und Jungpflanzenanzucht sowie Klonprüfung und Umsetzung (FKZ: 22014918)“ (WOLF et al. 2021b).

2.1 Vegetative Vermehrung, Akklimatisierung und Pflanzenanzucht

Ausgangspunkt der Arbeiten war wie in den von 2011 bis 2018 vorangegangenen Vorhaben DendroMax I (FKZ 22032011) und DendroMax II (FKZ 22034914) die Erzeugung von unreifem Saatgut durch Kreuzung am stehenden Baum am Standort Graupa. In der Hauptsache erfolgten die Kreuzungen mit Familieneltern der Europäischen und der Japanischen Lärche, die bereits als Ausgangsmaterial in der Kategorie „Geprüft“ nach Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) zugelassen waren. Ca. 8 bis 10 Wochen nach der Bestäubung fanden die Ernte und der Versand der unreifen Zapfen zur Arbeitsgemeinschaft Botanik und Arboretum, Institut für Biologie, Humboldt-Universität zu Berlin statt. Hier erfolgten die Induktion der somatischen Embryogenese, die Reifung und Konversion der Klone *in-vitro*. Nach Entwicklung von Keimlingen mit gut ausgebildeten Keimblättern, Primärnadeln und Wurzel, wurden diese von Berlin nach Pirna zum SBS gesendet. Hier ging die Überführung der gelieferten Keimpflanzen in Erde, die Abhärtung der Keimlingspflanzen sowie die weitere Anzucht bis zur auspflanzfähigen Größe vorstatten. Im Ergebnis der Arbeiten standen zum Abschluss des Vorhabens Standardprotokolle für die vegetative Vermehrung durch somatische Embryogenese und die Erzeugung von Keimpflanzen *in-vitro* sowie für deren Überführung zur Verfügung. Der letzte Schritt der Vermehrungskette (Tabelle 1) konnte bis zu einem durchschnittlichen Erfolgsergebnis von ca. 80 % über alle vermehrten Klone verbessert werden. In einer Begleituntersuchung konnten keine negativen Auswirkungen des Vermehrungsverfahrens auf die Wurzelentwicklung festgestellt werden (WOLF et al. 2021b).

Tabelle 1: Standardprotokoll zur Akklimatisierung von Larix-Keimpflanzen (aus WOLF et al. 2021b).

Parameter	Charakteristik	Anmerkung
Substrat	Mini-Jiffy Presstorftöpfe	
Temperatur	22°C tags, 18°C nachts	
Tageslänge	16 Stunden	Assimilationslicht bei Bedarf
Licht	natürliches Licht	Assimilationslicht bei Bedarf
Absenkung der relativen Luftfeuchtigkeit (rLF)	95 % für 2 Wochen, gefolgt von 80 % für 2 Wochen, gefolgt von unregelter rLF für 2 Wochen	
Topfen	ab 7 Wochen nach dem Pikieren	

2.2 Phänotypisierung der erzeugten Hybridlärchen-Klone in Vorprüfung, Gewächshaus und Feldversuch

Von 2016 und 2017 fand in Graupa die Anlage einer Vorprüfung mit insgesamt 122 Hybridlärchen-Klonen statt, die zu 75 % von Familieneltern abstammen, die bereits als Ausgangsmaterial für die Erzeugung von Forstvermehrungsgut in der Kategorie „Geprüft“ zugelassen waren. Von jedem Klon wurden jeweils fünf Pflanzen in zwei Wiederholungen in einem für eine kurzzeitige Beobachtung ausgelegten Verband von 2,0 m x 0,5 m ausgepflanzt. Bei den seit Anlage bis 2019 untersuchten Merkmalen wie Wachstum, Schaffform und Austriebsverhalten variierten die Werte sowohl zwischen den Kombinationen von denen die Klone abstammen

als auch zwischen den Klonen ein und derselben Hybridlärchen-Kombination zum Teil erheblich. Signifikante Unterschiede zwischen den Klonen ein und derselben Familie fanden sich auch bei der Messung der Eindringtiefe als indirekter Weiser für die Holzdicke mit dem Pilodyn-6J-Forest-Gerät von 60 Klonen aus vier Hybridlärchen-Kombinationen zugelassener Familieneltern (Abb. 2). Bei der Durchführung eines Austrocknungsversuchs im Gewächshaus im Frühsommer 2020, bei dem 16 Hybridlärchen-Klone im Vergleich zu einem Klon der Europäischen Lärche einbezogen waren, bestätigte sich die bereits beschriebene Variabilität auch bei dem Merkmal Trockenhärte (Abb. 3). Die Spannweite reichte von Klonen, die gegenüber Wasserentzug sehr empfindlich waren, bis zu Klonen, die auch längere Trockenheit nahezu ohne signifikante Schäden überstehen konnten (WOLF et al. 2021b).

Im Frühjahr 2018 erfolgte die Anlage von drei Versuchsflächen zur Prüfung von insgesamt 16 Hybridlärchen-Klonen und drei Klonen der Europäischen Lärche, die aus innerartlichen Kreuzungen hervorgegangen sind. Als Vergleichsmaterial standen generativ erzeugte Pflanzen aus Erntebeständen der Europäischen Lärche und aus Hybridlärchen-Samenplantagen zur Verfügung. Die ersten Wuchsjahre auf den Versuchsflächen waren deutlich durch die Auswirkungen der langanhaltenden Trockenheit seit Frühjahr 2018 beeinflusst. Dies spiegelte sich neben dem Totalausfall einer Fläche auf einem Kippsubstrat in Ausfall und Wachstum der Klone wieder (Abb. 4). Wie bereits in der Vorprüfung und in den Gewächshausversuchen festgestellt, zeigte sich wiederum eine große Variabilität der Klone in den erhobenen Merkmalen unabhängig von der Zugehörigkeit zu einer bestimmten Kreuzungskombination (WOLF et al. 2021b).

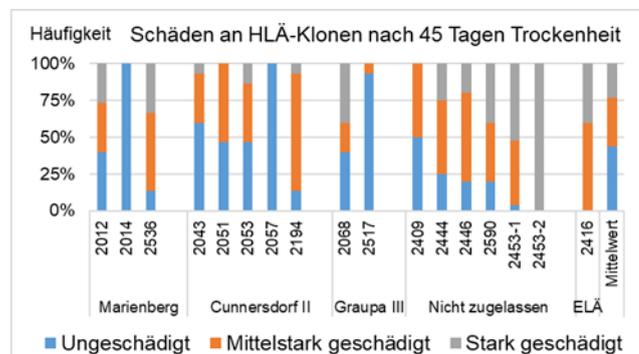
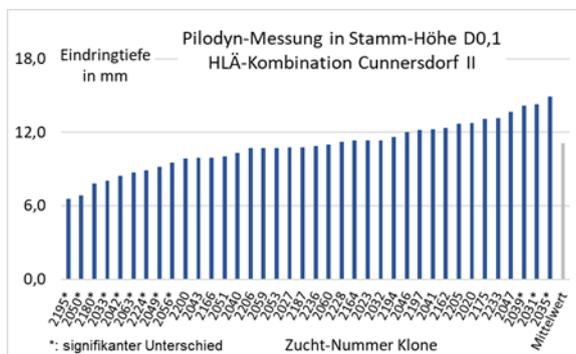


Abb. 2: Mittlere Eindringtiefe des Pilodyn-Messgerätes (in mm) bei den Klonen der untersuchten Hybridlärchen-Kombination Cunnersdorf II (aus WOLF et al. 2021b).

Abb. 3: Variation der Trockenschäden der untersuchten Hybridlärchen-Klone nach 45 Tagen Wasserentzug (aus WOLF et al. 2021b).

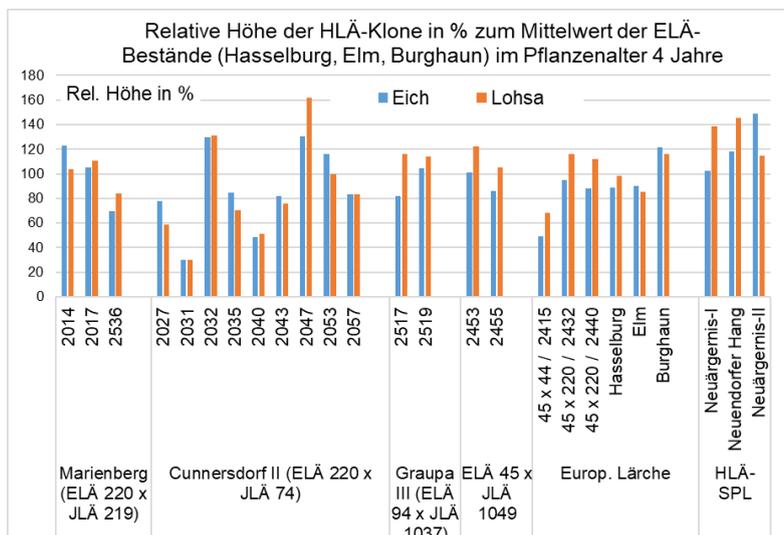


Abb. 4: Relative Höhe der HLÄ-Klone in % zum Mittelwert der ELÄ-Bestände (Hasselburg, Elm, Burghaun) im Pflanzenalter 4 Jahre auf den Versuchsflächen Lohsa und Eich (aus WOLF et al. 2021b).

3 Untersuchungen zur Holzqualität der Hybridlärche im Vergleich zu Europäischer Lärche

Die Fragen in Bezug auf die Holzqualität konnten in dem vom SBS koordinierten Verbundvorhaben „Eigenschaftsprofil und Einsatzspektrum von schnellwachsenden Züchtungsprodukten in der Holzverarbeitenden Industrie (WoodForIndustry) (FKZ 22035014)“ in Zusammenarbeit mit dem Institut für Holztechnologie gGmbH Dresden sowie der Technischen Universität Dresden (Professuren für Forstnutzung, für Forstbotanik, Institut für Pflanzen- und Holzchemie, alle Tharandt) bearbeitet werden. Das Vorhaben verfolgte das Ziel, relevante physikalische, chemische und biologische Merkmale an Holz von wuchsstarken Hybridlärchen-Kombinationen unterschiedlichen Alters im Vergleich zu einer Herkunft der Europäischen Lärche zu erfassen und dessen Verwendbarkeit in der Massivholz-, Holzwerkstoff- und chemischen Industrie einzuschätzen. Zu diesem Zweck erfolgte auf vier Versuchsflächen des SBS und des Forstlichen Forschungs- und Kompetenzzentrums Gotha, ThüringenForst AöR die Entnahme von jeweils fünf Probestämmen im Alter zwischen 19 und 39 Jahren von unterschiedlichen Hybridlärchen-Kombinationen sowie von der Europäischen Lärchen-Herkunft Hasselburg (Sachsen-Anhalt, Forstamt Calvörde, Abt. 3208) als Referenz. Die Fällung der Probestämme, deren Aufarbeitung und Aufteilung in Abschnitte und Scheiben, Transport und weitere Verarbeitung wurden so abgestimmt, dass sie den Anforderungen aller durchzuführenden Untersuchungen möglichst gut entsprachen (Abb. 5). Für diese kamen grundsätzlich standardisierte und normierte Verfahren zur Anwendung (WOLF et al. 2021c).

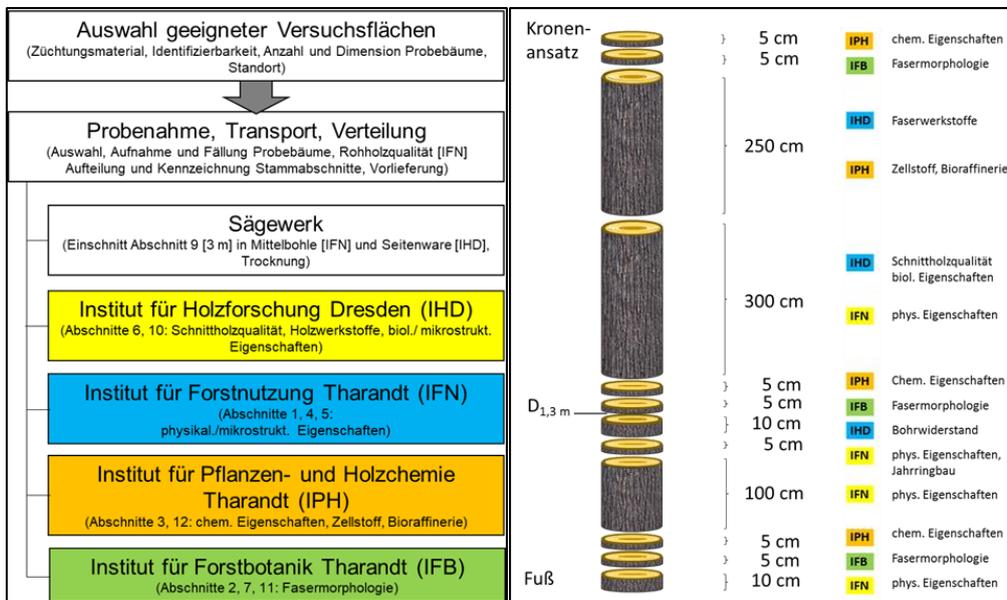


Abb. 5: Ablaufschema für die Bereitstellung der Holzproben (links) und Verteilschema der Stammabschnitte nach Einschlag und Aufteilung des Stammes in Scheiben und Abschnitte (rechts) (aus WOLF et al. 2021c).

3.1 Rundholz- und Schnittholzqualität und physikalische Holzeigenschaften

Bei den untersuchten Hybridlärchen-Nachkommenschaften handelte es im Vergleich zur Europäischen Lärche um sehr wüchsige Hybridlärchen von großer Anbausicherheit mit weitgehend vergleichbaren Schaftformen. Die Ergebnisse zur Rundholz- und Schnittholzqualität zeigten neben dem Einfluss des Baumalters vor allem einen deutlichen Einfluss von Jahrringbreite und Astigkeit des untersuchten Holzes. Eine eindeutige Abhängigkeit von der Herkunft der untersuchten Lärchen bestand nicht. Bei den physikalischen Eigenschaften konnten im Vergleich zur Referenzherkunft bei jüngeren, ca. 19 Jahren alten Stämmen vergleichbare bzw. in Einzelfällen geringfügig höhere Werte der Rohdichte (Abb. 6), der Biege- und Druckfestigkeit sowie deren Elastizitätsmodule im Holz der untersuchten Hybridlärchen-Nachkommenschaften festgestellt werden. Mit dem Älterwerden der Bäume begann sich dieser Trend mit Ausnahmen jedoch umzukehren (WOLF et al. 2021c).

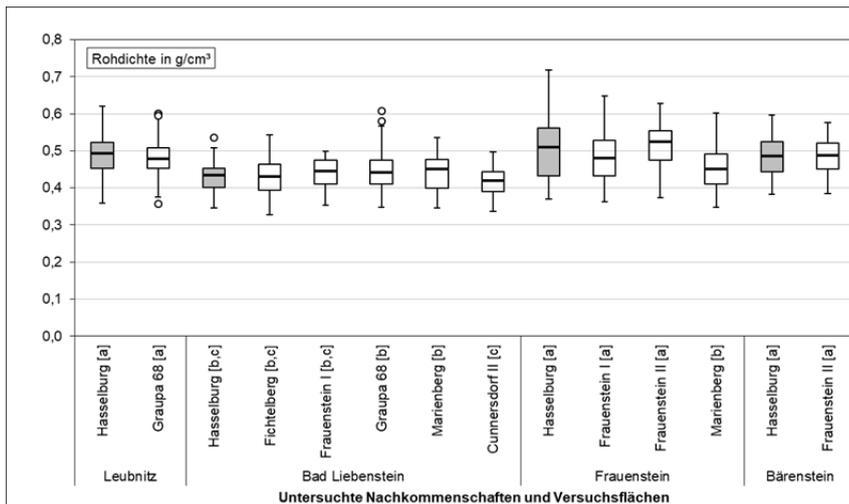


Abb. 6: Rohdichte in g/cm^3 im Holz der untersuchten Lärchen-Nachkommenschaften auf den berücksichtigten Versuchsflächen im Pflanzenalter 19 Jahre (Leubnitz und Bad Liebenstein) sowie 39 Jahre (Frauenstein und Bärenstein) (aus WOLF et al. 2021c). (Nachkommenschaften, die einen gemeinsamen Buchstaben aufweisen, unterscheiden sich nicht signifikant [$p \leq 0,05$]).

3.2 Chemische Holzeigenschaften und Dauerhaftigkeit

Die chemischen Holzeigenschaften der untersuchten Hybridlärchen-Nachkommenschaften bewegten sich mit wenigen Ausnahmen im Bereich der arttypischen Variation der Europäischen Lärche und wiesen keinen erkennbaren Zusammenhang mit der untersuchten Nachkommenschaft auf (Abb. 7). Jahreszeitliche und/oder standörtliche Einflüsse überwiegen bei Merkmalen wie Anteil an Hemicellulose, pH-Wert oder Extraktstoff-Gehalte (WOLF et al. 2021c).

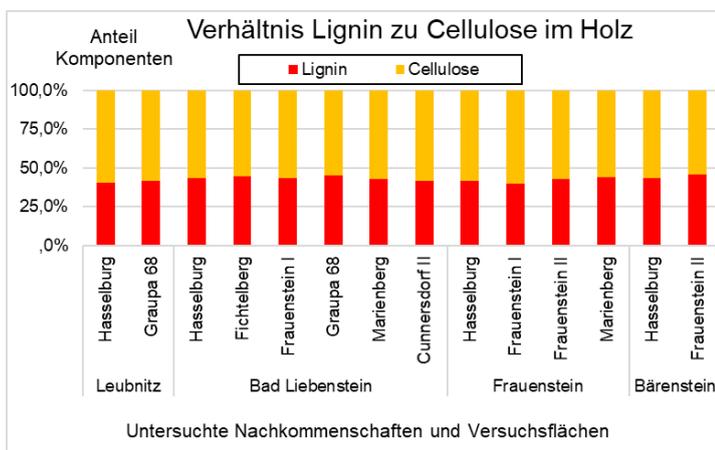


Abb. 7: Verhältnis von Lignin und Cellulose im Holz der untersuchten Lärchen-Nachkommenschaften auf den berücksichtigten Versuchsflächen im Pflanzenalter 19 Jahre (Leubnitz und Bad Liebenstein) sowie 39 Jahre (Frauenstein und Bärenstein) (aus WOLF et al. 2021c).

Die natürliche Dauerhaftigkeit des Holzes der untersuchten Hybridlärchen-Nachkommenschaften wies geringere Werte auf als das Holz der für die Untersuchung in diesem Fall herangezogenen Handelsware von Europäischer Lärche mit einem höheren Alter. Dies wurde auf das geringere Alter der untersuchten Hybridlärchen-Stämme und die folglich noch wenig fortgeschrittene Verkernung zurückgeführt. Bei insgesamt höherem Baumalter der

untersuchten Hybridlärchen-Varianten sind möglicherweise noch Verbesserungen bei dieser Eigenschaft zu erwarten (WOLF et al. 2021c).

3.3 Mikrostrukturelle Holzeigenschaften

Bei den mikrostrukturellen Eigenschaften wiesen die Jahringbreiten auf das signifikant bessere Wachstum der untersuchten Hybridlärchen-Nachkommenschaften im Vergleich zur Referenzherkunft der Europäischen Lärche hin. Die ermittelten jährlichen Spätholzanteile variierten sowohl zwischen den untersuchten Flächen als auch zwischen den untersuchten Nachkommenschaften. Die festgestellten Unterschiede wurden in der Hauptsache als nicht praxisrelevant eingestuft. Der Übergang von juvenilem zum adulten Holz unterlag ebenfalls teilweise einer erheblichen Variation. Zwischen der Gesamtheit der Hybridlärchen-Nachkommenschaften und der Referenzherkunft bestanden keine signifikanten Unterschiede auf den jeweiligen Standorten (WOLF et al. 2021c).

Im Holz der untersuchten Lärchen waren Saugspannungsrisse in unterschiedlichem Ausmaß vorhanden. Zwischen der Anzahl von Saugspannungsrisse und dem Brusthöhendurchmesser des jeweiligen Baumes bestand ein schwach positiver, jedoch nicht signifikanter Zusammenhang (Abb. 8). Die mikroskopische Holzstruktur (Harzkanäle, Holzstrahlen, Fasern, Hoftüpfel) wies bei einer zum Teil erheblichen Variation der Abmessungen von Strukturelementen innerhalb einer Probe keine grundsätzlichen Unterschiede auf. Die Länge der Tracheiden (technisch Fasern) variierte in Abhängigkeit vom kambialen Alter, der Jahreszeit der Bildung (Frühholz/Spätholz) sowie vom Baumstandort und der Nachkommenschaft. Auch innerhalb der untersuchten Hybridlärchen-Nachkommenschaften bestanden Unterschiede. Die Ergebnisse wiesen darauf hin, dass die Längenentwicklung der Zellen für alle Nachkommenschaften und Versuchsflächen mit dem Alter 19 (Erntealter der jungen Versuchsbäume) noch nicht abgeschlossen war und eine Zunahme der Zelllänge bis zu einem Alter von etwa 26 Jahren erwartet werden kann (WOLF et al. 2021c).

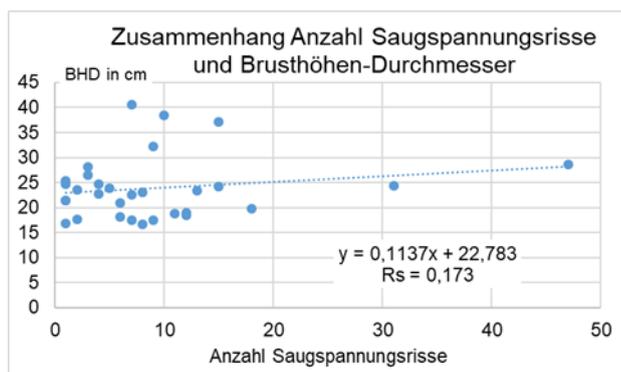


Abb. 8: Zusammenhang zwischen der Anzahl festgestellter Saugspannungsrisse und dem Brusthöhen-Durchmesser der im Vorhaben untersuchten Lärchen (aus WOLF et al. 2021c).

3.4 Holzverarbeitung und Verwendung

Die Herstellung von Hackschnitzeln und Holzpartikeln (Faserstoff und Strands) für Holzwerkstoffe aus den untersuchten Hybridlärchen-Nachkommenschaften war ohne Probleme möglich. Im Vergleich zur Standard-Kiefer als Referenz besaß das Holz der untersuchten Hybridlärchen-Nachkommenschaften grundsätzlich wesentlich weniger aufgefaserter Faserbündel bei einem deutlich höheren Bruchfaseranteil und mehr feinen Faseranteilen. Prinzipiell können aus den Lärchenholzpartikeln mitteldichte Faser- (MDF-) und Grobspan- (OSB)-Platten hergestellt werden (Abb. 9). Allerdings muss die Klebstoffauswahl bzw. die Prozessführung bei der Plattenherstellung an die Holzart angepasst werden, um Plattenfehler wie zum Beispiel Innenrisse, die bei dem Pressvorgang durch Dampfdruck entstehen, zu verhindern (WOLF et al. 2021c).

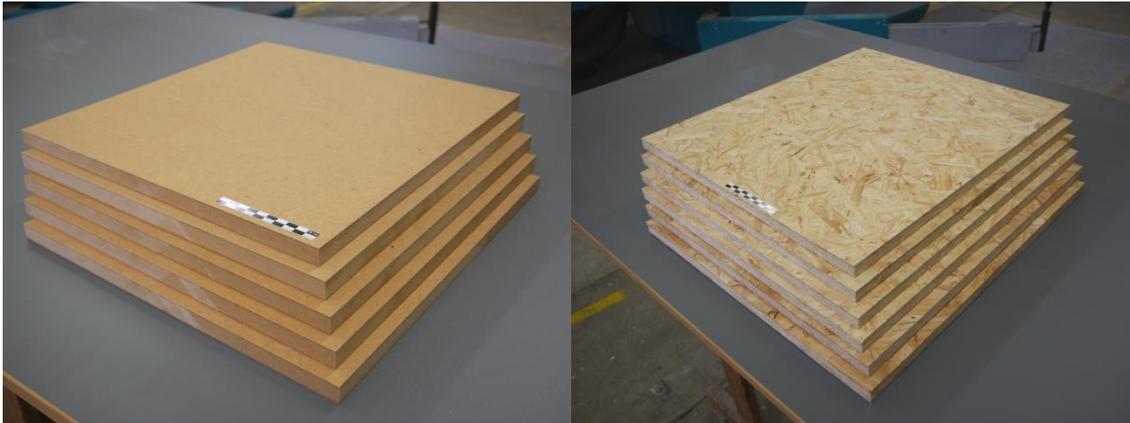


Abb. 9: Aus dem Hybridlärchenholz hergestellte fehlerfreie mitteldichte Faserplatte (MDF) (Fertigmaße (ungeschliffen): 400 x 380 x 17,5 [mm]) (links) und Grobspan-Platte (OSB) (Fertigmaße: 520 x 460 x 18 [mm]) (rechts) (Fotos: P. FLADE, Institut für Holzforschung Dresden gmbH; aus WOLF et al. 2021c).

Das Holz der untersuchten Hybridlärchen-Nachkommenschaften konnte grundsätzlich zu Zellstoff aufgeschlossen werden, wenn auch mit höherem Energie- und Chemikalienaufwand. Die Ausbeuten waren für die einzelnen Hybridlärchen-Nachkommenschaften leicht unterschiedlich. Die resultierenden Zellstoffe hatten eine höhere Kappa-Zahl, also höhere Restlignin-Gehalte, aber auch etwas größere Faserlängen. Daraus resultierten bei adultem Holz geringere statische, aber höhere dynamische Festigkeiten im Vergleich zu einem Zellstoff aus industriellem Hackgut. Papiere aus reinem Hybridlärchen-Zellstoff besitzen in der Regel geringere statische Festigkeiten (Zugindex, Reißlänge und Berstindex) als Papiere aus Industriezellstoff. Eine Beimischung von 10 bis maximal 20 % Hybridlärchenhackgut zu Industriehackgut bewirkte jedoch immer eine Steigerung der statischen Festigkeiten. Eine Erhöhung des Anteils von Lärchenhackgut über 20 % führte zu besseren dynamischen Festigkeiten des Papiers, wobei der Effekt bei juvenilem Holz stärker ausgeprägt war. Durch eine Bleiche in einer total chlorfreien (TCF) Sequenz konnte der Weißgrad des Hybridlärchen-Zellstoffes deutlich erhöht werden, auch wenn der Weißgrad eines zum Vergleich herangezogenen kommerziellen TCF-Zellstoffes von mind. 88,5 % nicht erreicht wurde. Die statischen Festigkeiten wurden durch die Bleiche gesteigert. Dagegen sank die Durchreißfestigkeit mit chemischer und mechanischer Behandlung während der Bleiche. Dennoch war diese beim gebleichten Lärchenzellstoff doppelt so hoch wie bei gebleichtem Industriezellstoff. Die aus Lärchen-Hackgut gewonnenen Zellstoffe eigneten sich aufgrund ihrer Eigenschaften vor allem gut für die Herstellung von Verpackungspapieren (WOLF et al. 2021c).

Für die Untersuchungen zur Anwendbarkeit der Hybridlärche für die Bioraffinerie wurde gemahlenes Holz im Milox-Verfahren aufgeschlossen. Unter optimierten Bedingungen resultierte eine Faserstoffausbeute von 41 % mit einem sehr geringen Restlignin-Gehalt. Unter den gewählten Bedingungen war bereits nach 30 Minuten der größte Teil des Lignins entfernt. Es konnten 73 % des erhaltenen Faserstoffes mit kommerziellen Enzymgemischen zu monomeren Zuckern umgesetzt werden (WOLF et al. 2021c).

Unabhängig von der Lärchen-Art erwiesen sich zusammenfassend Merkmale wie Totastanteil, stärkster Astdurchmesser, Krümmung des Stammes oder Unregelmäßigkeit des Jahrringbaus als besonders qualitätsmindernd. Diese können durch eine entsprechend konsequente waldbauliche Behandlung (weiträumige Begründung, Vermeidung von Dichtstand, Förderung der bestgeformten Individuen, frühzeitige Astung) bei der Hybridlärche ebenso wie bei der Europäischen Lärche minimiert werden (WOLF et al. 2021c).

4 Herausforderungen und Ausblick

Im Rahmen der beschriebenen Forschungsvorhaben ist es gelungen, Standardprotokolle für die vegetative Vermehrung und Anzucht von Hybridlärchen durch somatische Embryogenese zu entwickeln. Vor allem die Akklimatisierung und die nachfolgende Anzucht der Keimlingspflanzen kann mit einer sehr hohen Erfolgsrate durchgeführt werden. Insgesamt konnten aus ca. 260 erzeugten Hybridlärchen-Klonen ca. 70 Klone identifiziert

werden, die sich nach derzeitigem Kenntnisstand für eine weitere Produktion eignen. Der nächste notwendige Schritt zur Umsetzung der Ergebnisse in die Praxis ist die sukzessive Prüfung dieser Klone als Voraussetzung für die Zulassung als Ausgangsmaterial nach FoVG. Von entscheidender Bedeutung ist dabei die Verfügbarkeit von Pflanzen der zu prüfenden Klone in ausreichender Anzahl und Qualität zum erforderlichen Zeitpunkt für die Anlage entsprechender Versuchsflächen. Dies stellt für alle Beteiligten eine sehr große Herausforderung dar und kann nur durch eine auskömmliche Förderung eines entsprechenden Vorhabens verwirklicht werden.

Unabhängig davon hat sich in der ersten Phase der Überführung der Prozesskette in die Baumschulpraxis gezeigt, dass Qualitätsmerkmalen von Pflanzen wie Wurzelentwicklung, Spross/Wurzel-Verhältnis oder Abwesenheit von Krankheiten und Schädlingen unbedingt die erforderliche Aufmerksamkeit geschenkt werden muss. Dies betrifft vor allem Punkte wie das Wasser- und Nährstoff-Management in der Baumschule, die regelmäßige Kontrolle des Pflanzenbestandes, aber auch die Auslieferung von Pflanzen im Ruhezustand.

In Anbetracht der aktuellen und vermutlich auf absehbare Zeit weiter anhaltenden Entwicklungen in den Wäldern Mitteleuropas können die beschriebenen Hybridlärchen-Kombinationen auf Grund ihrer bereits mehrmals auf unterschiedlichen Standorten unter anderem in Deutschland, Frankreich und Österreich geprüften Eigenschaften eine wertvolle Ergänzung des gebietseigenen Baumartenpotenzials darstellen. Sie sind robust, besitzen ein schnelles und über einen langen Zeitraum anhaltendes Wachstum bei nachgewiesenen Holzqualitäten, die mit der Europäischen Lärche vergleichbar sind. Die Hybridlärche weist grundsätzlich als Lichtbaumart und auf Grund ihrer Vermehrungsbiologie keine Tendenzen zur Verdrängung anderer Arten auf.

Für eine unabhängige und nachhaltige Rohstoffversorgung können die beschriebenen Hybridlärchen-Kombinationen in zweierlei Hinsicht einen Beitrag leisten: Auf Grund ihrer Wuchsleistung und Biomasseproduktion bei hoher Standorts- und Stresstoleranz ist die Produktion von Holz für die energetische Verwendung und die stoffliche Nutzung als Holzwerkstoff in kurzen Zeiträumen von bis zu 20 Jahren möglich. Die Holz- und Stammqualitäten sowie die Stresstoleranz bei hoher Lärchenkrebsresistenz bieten die Voraussetzung für die Produktion von Holz zur Nutzung als Massivholz in mittleren bis langen Zeiträumen.

Vor allem die Ergebnisse zur *In-vitro*-Vermehrung eröffnen bei konsequenter Anwendung die Möglichkeit in gewissem Ausmaß Defizite bei der Versorgung mit Forstvermehrungsgut zu puffern. Für die Waldbesitzenden werden Handlungsspielräume bei der Wiederbestockung von Kalamitätsflächen eröffnet.

Letztendlich besteht ein erhebliches Züchtungspotenzial zur Verbesserung der Widerstandsfähigkeit vor allem gegenüber Trockenheit sowie der Leistung und Qualität auf Ebene des Individuums. Erfolgreiche Forstpflanzenzüchtung erfordert gleichwohl kontinuierliches Arbeiten mit langfristig ausgerichteten Konzepten, die den bisher zugebilligten Zeitraum drittmittelbasierter Projekte deutlich übersteigen.

Danksagung

Die beschriebenen Vorhaben wurden durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft auf Grund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages über die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e. V. gefördert. Allen Kolleginnen und Kollegen der beteiligten Institutionen ist an dieser Stelle sehr herzlich für die immer konstruktive, inspirierende und freundschaftliche Art der Zusammenarbeit gedankt.

Referenzen

- ANONYMUS (2016): Verbundvorhaben Entwicklung der biotechnologischen Grundlagen und praxisnaher Anbauverfahren zur Steigerung der Dendromasseproduktion durch Züchtung und Massenvermehrung von Sorten ausgewählter Baumarten. Teilvorhaben 2: Züchtung und Anbau von Hochleistungssorten ausgewählter Baumarten in Land- und Forstwirtschaft (FKZ 22032011). Abschlussbericht, Staatsbetrieb Sachsenforst Pirna, 45 S. (<https://www.fnr.de/index.php?id=11150&fkz=22032011>).
- DIMPFLMEIER R (1959): Die Bastardierung in der Gattung *Larix*. Beihefte zum Forstw. Cbl., 12, 75 S.
- HAASEMANN W (1972): Ergebnisse der Leistungsprüfung 7-jähriger Lärchen-Nachkommenschaften aus gelenkten Kreuzungen. Beitr. f. d. Forstwirtschaft 4: 25-29.

- HERING S (1990): Analysen zur quantitativen Genetik von Lärchenkreuzungs-Nachkommenschaften sowie Stand und Perspektiven der Kreuzungszüchtung bei der Gattung *Larix* unter besonderer Berücksichtigung ihres Anbaus in den Mittelgebirgen Sachsens. Dissertation, TU Dresden, 144 S.
- HERING S, BRAUN H (1990): Hybridlärchenhochzuchtsorten für die Mittelgebirge der DDR. *Soz. Forstwirtschaft* 40: 174-176.
- HERING S, BRAUN H (1992): Some results of larch hybrid breeding at Graupa. In: WEISGERBER, H. (ed.): Results and Future Trends in Larch Breeding on the Basis of Provenance Research. Proceedings, IUFRO Centennial Meeting of the Working Party S 2.02-07: 146-159.
- LANGNER W, SCHNECK V (1998): Ein Beitrag zur Züchtung von Hybridlärchen (*Larix xeurolepis* HENRY): Das Langzeitprogramm der Firma F. von Lochow-Petkus. Sauerländer's Verlag, Frankfurt am Main.
- LIESEBACH M, DEGEN B, GROTEHUSMANN H, JANßen A, KONNERT M, RAU H-M, SCHIRMER R, SCHNECK D, SCHNECK V, STEINER W, WOLF H (2013): Strategie zur mittel- und langfristigen Versorgung mit hochwertigem forstlichem Vermehrungsgut durch Züchtung in Deutschland. Braunschweig: Johann Heinrich von Thünen-Institut, Thünen Rep 7.
- PAQUES L (2016): Experience 3.313 – Test d'évaluation des vergers à graines d'hybridation européens installés dans le cadre du projet européen "Larch". Institut National de la Recherche Agronomique (INRA). Ergebnisbericht, unveröffentlicht, 17 S.
- PAQUES L, FOFFOVA E, HEINZE B, LELU-WALTER M-A, LIESEBACH M, PHILIPPE G (2013): Larches (*Larix* sp.). S. 13-122. In: PAQUES L (ed.): Forest tree breeding in Europe – Current state-of-the-art and perspectives. Springer, Dordrecht, Heidelberg, New York, London.
- RUBNER K (1941): Die Ergebnisse zehnjähriger Lärchenherkunftsversuche im Erzgebirge. *Thar. Forstl. Jb.* 92: 15-48.
- RUBNER K (1953): Die pflanzengeographischen Grundlagen des Waldbaues. 4. völlig überarbeitete Aufl., Neumann-Verlag, Radebeul-Berlin.
- SCHÖNBACH H, HAASEMANN W (1968): Probleme des Lärchenanbaues in höheren Lagen unserer Mittelgebirge. *Soz. Forstwirtschaft* 18, 339-340.
- TRÖBER U (2011): Entwicklung der Saatgutstruktur aus einer Hybridlärchen (*Larix xeurolepis* HENRY) - Samenplantage. *Archiv f. Forstwesen u. Landsch. ökol.* 45: 18-25.
- WACHTER H (1962): Untersuchungen zur Anbaufähigkeit der Europäischen Lärche (*Larix decidua* MILL., *L. europaea* D. CAND.) in Deutschland. *Archiv f. Forstwesen* 11: 458-576.
- WOLF H, SCHNECK V, RÖHE P (2021a): Die Hybridlärche - eine besonders schnellwachsende und standorttolerante Baumart. Gesellschaft zur Förderung schnellwachsender Baumarten in Norddeutschland, Mitteilungen Heft 07/2021, 16 S. (www.gesellschaft-schnellwachsende-baumarten.de).
- WOLF H, KADOLSKY M, DACASA RÜDINGER MDC, HÜLLER W (2021b): Verbundvorhaben Entwicklung und Einführung von biotechnologischen Verfahren zur Züchtung, Produktion und Verwendung von Hochleistungssorten ausgewählter Baumarten. Teilvorhaben 2: Bereitstellung Ausgangsmaterial, Akklimatisierung und Jungpflanzenanzucht sowie Klonprüfung und Umsetzung (FKZ 22014918). Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft im Staatsbetrieb Sachsenforst Pirna. Abschlussbericht, 66 S. (<https://www.fnr.de/index.php?id=11150&fkz=22014918>).
- WOLF H, WEIß B, BUES C-T, BREMER M, KRABEL D (2021c): Verbundvorhaben Eigenschaftsprofil und Einsatzspektrum von schnellwachsenden Züchtungsprodukten am Beispiel der Hybridlärche in der Holzverarbeitenden Industrie (FKZ 22035014). Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft im Staatsbetrieb Sachsenforst Pirna. Abschlussbericht, 72 S. (<https://www.fnr.de/index.php?id=11150&fkz=22035014>)

Autor

HEINO WOLF

Staatsbetrieb Sachsenforst, Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft,
Referat Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna
Kontakt: Heino.Wolf@smekul.sachsen.de

Entwicklung des süddeutschen Schwarzkiefern-Herkunftsversuchs nach 12 Jahren

RANDOLF SCHIRMER, MARTIN TUBES, MUHIDIN ŠEHO, GERHARD HUBER

Zusammenfassung

Für den Anbau von Schwarzkiefer in der forstlichen Praxis ist festzuhalten:

- Bei der Einbringung von Alternativherkünften sollte vermehrt auf Plantagensaatgut zurückgegriffen werden, da es hinsichtlich Qualität, Wuchsleistung sowie Vitalität, Krankheitsanfälligkeit und genetischer Vielfalt selektiert wurde. Die Nachkommenschaften der französischen *Laricio* - Plantage „Sologne“ sind überdurchschnittlich wüchsig und daher vorrangig zu verwenden. Auch die Absaaten der Plantage „Mertener Heide“ aus Nordrhein-Westfalen überzeugen durch eine sehr gute Entwicklung.
- Herkünfte der Unterart *Laricio* sind wegen ihrer überdurchschnittlichen Entwicklung künftig vorrangig zu verwenden. Besonders die korsischen Sekundärherkünfte aus Zentralfrankreich lassen die besten Erträge erwarten.

Bei Verwendung korsischer Originalherkünften ist zu beachten, dass es auf Grund der kleinräumigen Reliefunterschiede auf der Insel erhebliche lokale Unterschiede bei Niederschlag und Temperatur gibt, die sich auf das Wuchsverhalten der Herkünfte auswirken. Auch die kalabrischen Herkünfte aus Höhenlagen von 1400 – 1500 m NN des süditalienischen Silanationalparks östlich von Cosenza sind sehr gut geeignet. Kontrollierten, nach Höhenlagen differenzierten Ernten kommt bei der Saatgutbeschaffung hohe Bedeutung zu.

Alle *Laricio*-Herkünfte kommen aus Gebirgsregionen mit über 1200 mm Jahresniederschlag, aber langanhaltender Sommertrockenheit. Der erfolgreiche Anbau korsischer Sekundärherkünfte im niederschlagsarmen Regionen Frankreichs unterstreicht die gute Anpassungsfähigkeit an Trockenperioden.

- Für Praxisanbauversuche auf Trockenstandorten kommen auch spanische Herkünfte der Unterart *Salzmannii* in Betracht. Allerdings ist bei dieser Unterart die Saatgutversorgung nicht gesichert.
- Die bisher in Deutschland häufig angebaute Unterart *Nigra* vor allem aus den nördlichen Regionen ihrer natürlichen Verbreitung kann in der Wuchsleistung nicht mit der Unterart *Laricio* mithalten und ist nicht mehr vorrangig zu verwenden. Wegen der sehr hohen Leistungsunterschiede innerhalb dieser Unterart ist nur auf einzelne, besonders hochwertige Saatguterntebestände (z.B. Erntebestand Zellingen) zurückzugreifen.
- Die stark unterdurchschnittliche Entwicklung der unbekanntes *Nigra*-Herkunft aus dem Pflanzenhandel unterstreicht die Notwendigkeit, ausschließlich Vermehrungsgut aus hinsichtlich Zugehörigkeit zu einer Unterart und Vielfalt genetisch überprüften Beständen mit hoher Vitalität zu verwenden. Saatgut von Erntebeständen eines Herkunftsgebiets sollte nicht gemischt, sondern nur bestandsbezogen auf den Markt kommen.
- Türkische Herkünfte der Unterart *Pallasiana* sind wegen hoher Ausfälle und geringer Wuchsleistung vor allem aus dem östlichen Verbreitungsgebiet ungeeignet. In Praxisanbauversuchen können jedoch griechische Tieflagenherkünfte getestet werden.

1 Verbreitung, Unterarten und Risiken

Die Schwarzkiefer wird in die Unterarten *Pinus nigra salzmanii*, *Pinus nigra laricio*, *Pinus nigra nigra*, *Pinus nigra pallasiana* und *Pinus nigra dalmatica* eingeteilt (TUTIN et al. 1993). Grundlage für ihre Abgrenzung sind morphologische Unterschiede, voneinander abweichende genetische Strukturen sowie geografisch getrennte Vorkommensregionen (Abb. 1).



Abb. 1: Verbreitung der Schwarzkiefer und ihrer Unterarten (Kartengrundlage: EUFORGEN).

Wegen des Vorkommens der Schwarzkiefer in heiss-trockenen Regionen zählt diese Baumart zu den wichtigen Alternativbaumarten im Klimawandel.

Allerdings sind mit dem Anbau dieser Art auch zahlreiche Risiken verbunden: Eine hohe Anfälligkeit gegenüber Pilzen ist für diese Art kennzeichnend. Diplodia-Triebsterben (*Diplodia pinea*), Kieferntriebschwinden (*Cenangium ferruginosum* Fr.) und Scleroderrisbefall (*Gremmeniella abietina*) sind nur Beispiele für pilzliche Erreger. Auf einer Versuchspflanzung des Amtes für Waldgenetik trat nach 12 Jahren guter Entwicklung bei der Unterart *Laricio* massiver Befall durch die aus den USA eingeschleppte Kiefernadelbräune (*Dothistroma pini*) auf (Abb. 2). Es ist noch offen, ob es nur zu einer Schwächung oder zu einem kompletten Absterben der Kultur kommt.



Abb. 2: 12-jährige korsische und kalabrische Schwarzkiefernherkünfte mit Befall von *Dothistroma pini* auf der Demonstrationsfläche Freilassing.

Ein weiterer Risikofaktor für Schwarzkiefern-anbau ist die Frostgefährdung: Eingeschränkte Winterfrosthärte und Früh- bzw. Spätfrostgefährdung wird dieser Baumart wegen der südlichen Verbreitung und der im Vergleich zur

Waldkiefer verlängerten Vegetationszeit nachgesagt. Kulturerschwerend ist das deutlich langsamere Jugendwachstum als das der heimischen Kiefer.

2 Zielsetzung und Versuchsbeschreibung

Das Klima im Verbreitungsgebiet der im Versuch verwendeten Herkünfte weist deutliche Unterschiede auf. Die Herkünfte der Unterart *Laricio* stammen aus den Berglagen von Kalabrien und Korsika mit Jahresniederschlägen meist über 1000 mm überwiegend im Winterhalbjahr, aber ausgeprägter mehrmonatiger Sommertrockenheit. Die Herkünfte der Unterart *Nigra* kommen aus weniger niederschlagsreichen Regionen des Balkans mit Regenmengen um 750 mm. In beiden Vorkommensregionen treten Jahresmitteltemperaturen um 9°C auf. Sie entsprechen der Durchschnittstemperatur in vielen Regionen Deutschlands.

Die Herkünfte der Unterarten *Salzmanii* und insbesondere *Pallasiana* wachsen in sehr trocken -heißen Gebieten Spaniens, des Balkans und der Türkei mit weniger als 600 mm Jahresniederschlag und Mitteltemperaturen um 12°C. In den südöstlichen Vorkommensgebieten der Unterart *Pallasiana* wachsen Schwarzkiefern dagegen in weniger trockenen Bergregionen mit erhöhtem Winterniederschlag.

Zur Bewertung der Herkunftsunterschiede zwischen und innerhalb der Unterarten wurden im Jahr 2009 Pflanzen von 40 autochthonen, vitalen Saatguterntebeständen und Samenplantagen aus dem gesamten Verbreitungsgebiet (Tabelle 1, Abb. 1) auf sechs, vorwiegend mäßig trockenen Versuchsflächen in Bayern, Baden-Württemberg und Hessen ausgebracht (Tabelle 2). Nur die türkischen und rumänischen Herkünfte wurden ein Jahr später gepflanzt. Da original korsische Bestandesabsaaten der Unterart *Laricio* nicht verfügbar waren, wurden Sekundärherkünfte aus Zentralfrankreich verwendet (Abb. 9 rechts). Zu Vergleichszwecken wurde der Versuch mit Herkünften von Waldkiefer (*Pinus sylvestris*) ergänzt.

Der Großteil der angebauten Herkünfte kommt aus Gebieten mit 550 bis 880 mm Jahresniederschlag. Diese Niederschlagsverhältnisse sind auch auf vielen Versuchsflächen vorherrschend. Nur die Herkünfte der Unterart *Laricio* kommen aus Regionen mit Jahresniederschlägen um 1200 mm.

Versuchsdesign war ein Blockmodell mit dreifacher Wiederholung. Je Parzelle wurden 50 Containerpflanzen (Alter 2/0) einer Herkunft im Pflanzverband 2 x 1 m ausgebracht (Abb. 3). Auf allen Versuchsflächen wurde im Zeitraum 1991 - 2020 im Vergleich zur Periode 1971 - 2000 ein Rückgang der Jahresniederschläge um etwa 5 % bei gleichzeitiger Zunahme der Jahresmitteltemperaturen um 1,1 – 1,8°C beobachtet. Die trockenste Fläche befindet sich im hessischen Kirchhain bei Marburg, die wärmste in Liliental bei Freiburg (Tabelle 2).



Abb. 3: Versuchsfläche Geibenstetten mit unterschiedlich entwickelten Versuchsparzellen (Bilder © 2022 GeoBasis-DE/BKG, GeoContent, Maxar Technologies, Kartendaten © 2022 GeoBasis-DE/BKG).

Tabelle 1: Übersicht der ausgepflanzten Arten, Unterarten und Herkünfte.

Art	Unterart	Herkunftsland	Herkunftsname	Breitengrad N	Längengrad O	Höhe [m NN]	Niederschlag [mm] Jahr (VZ)	Temperatur [°C] Jahr (VZ)
<i>Pinus nigra</i>	<i>Laricio</i> (Korsika)	Frankreich	Yvoy-de-Marron	47° 38' 01"	01° 51' 12"	115	656	10,9
			Plantage Sologne	44° 33' 52"	01° 23' 15"	320	820	12,3
			Ponteils-et-Bresis	44° 24' 18"	03° 58' 39"	581	745	10,8
	<i>Laricio</i> (Kalabrien)	Italien	Calabria 1 (Sila-Cosenza)	39° 26' 58"	16° 36' 41"	1400	1300	9,0
			Calabria 3 (Sila di Fossiatà)	39° 25' 15"	16° 44' 59"	1450	1447	8,4
			Calabria 2 (Sila-Cosenza)	39° 18' 08"	16° 20' 22"	1500	1300	9,0
	<i>Salzmannii</i>	Spanien	Soria	41° 47' 26"	03° 05' 22" W	1100	682 (107)	9,7
			Alcarria	40° 40' 20"	02° 02' 13" W	1060	679 (93)	10,9
			Beticas	37° 55' 00"	02° 55' 00" W	1350	779 (55)	12,8
	<i>Nigra</i>	Serbien	Prijepolje	43° 28' 48"	19° 33' 36"	1232	892	7,5 (17,5)
			Kremanske	43° 49' 39"	19° 35' 22"	866	964	8,7 (14,9)
		Bulgarien	Osogovo	42° 02' 48"	22° 50' 41"	1150	678	8,1 (13,8)
			Zadapni Rhodopi	41° 43' 40"	24° 16' 59"	950	625	12,2 (18,0)
		Italien	Viletta Barrea	42° 00' 30"	13° 53' 57"	800	480	7,0
			Triestino (Carso)	45° 38' 43"	13° 53' 40"	372	1212	11,4
		Frankreich	Valbelle	44° 09' 10"	05° 52' 30"	549	789	10,7
			Lanuejols	44° 30' 04"	03° 34' 18"	854	769	8,8
		Bosnien	Bugojno	44° 01' 00"	17° 38' 00"	950	826	8,8 (14,8)
			Dubostica (Olovo)	44° 13' 00"	18° 26' 00"	335	1183	9,8 (15,8)
		Deutschland	Plantage Mertener Heide	50° 46' 29"	06° 48' 43"	111	785	9,8
			Zellingen	49° 53' 17"	09° 43' 16"	290	587	9,2 (15,8)
			Leinach	49° 47' 02"	09° 54' 57"	320	634	9,9 (16,8)
			„Handelsware“	-	-	-	-	-
Österreich		Dreistetten	47° 46' 00"	16° 11' 00"	369	629	10,5 (15,9)	
		Friesenecker	47° 54' 00"	16° 08' 00"	423	739	8 (15,4)	
Kroatien		Visocica	44° 33' 00"	15° 21' 00"	565	712	8,4 (16,6)	
		Imotski	43° 26' 00"	17° 13' 00"	256	1023	13,2 (17,0)	
Rumänien		Baile Herculane*	44° 52' 57"	22° 25' 40"	593	822	7,4 (15,0)	
<i>Pallasiana</i>	Griechenland	Chaldiki	40° 07' 54"	23° 51' 03"	800	568	12,0	
		Milia Metsovo	39° 47' 57"	21° 16' 59"	1309	894	14,5	
	Türkei (*Pflanzung ein Jahr später)	Dirgine*	41° 01' 18"	31° 54' 57"	350	768	13,8 (19,3)	
		Degirmenegrek*	39° 25' 50"	28° 34' 10"	1.242	592	12,1 (16,2)	
		Gölköy*	41° 10' 48"	35° 03' 00"	900	412	13,9 (15,9)	
		Gölcük*	39° 25' 39"	29° 34' 22"	1050	592	12,1 (16,6)	
		Karadere*	41° 09' 55"	34° 02' 30"	1275	450	9,8 (15,2)	
		Sogukoguluk*	37° 37' 40"	35° 14' 40"	1200	557	11,0	
		Akifiye*	37° 44' 25"	36° 21' 45"	1450	640	8,2	
		B. Camurlu*	36° 51' 36"	36° 23' 05"	1650	595	9,4 (21,3)	
Elmalar*	37° 44' 25"	36° 41' 45"	1450	662	10,5 (22,1)			
<i>Dalmatica</i>	Kroatien	Brac	43° 17' 35"	16° 34' 50"	606	941	16,3 (19,1)	
<i>Pinus sylvestris</i>	Deutschland	Eltmann	49° 57' 36"	10° 40' 23"	237	579	9,6 (14,6)	
		Tirschenreuth	49° 12' 19"	12° 20' 57"	504	752	6,7	
	Rumänien	Rupea	46° 01' 22"	25° 14' 43"	540	999	7,6 (13,5)	

Tabelle 2: Übersicht der Versuchsflächenstandorte (Quelle Klimadaten: <https://meteostat.net>).

Versuchsfläche (Bundesland)	Anlage	Fläche [ha]	Ausfall- rate [%]	Breitengrad Längengrad	Höhe [m NN]	Mittlerer Jahresniederschlag (in Vegetationszeit) [mm] 1971-2000 (1991 – 2020)	Jahresmittel- temperatur (in Vegetationszeit) [°C] 1971-2000 (1991- 2020)
Kirchhain (HE)	3/2010	0,7	50	50° 53' 16.00"N 09° 01' 81.00" O	320	- 599 (429)	- 9,5 (13,1)
Bad Windsheim (BY)	5/2010	0,5	43	49° 29' 30.00"N 10° 29' 57.00"O	451	704 (348) 647 (437)	8,1 (15,2) 9,9 (13,6)
Gickelhausen (BY)	11/2009	0,9	25	49° 27' 55.21"N 10° 10' 45.17"O	430	709 (350) 670 (453)	8,3 (15,2) 9,5 (13,3)
Vilseck (BY)	11/2009	2,1	14	49° 37' 55.42"N 11° 58' 10.57"O	441	715 (340) 681 (416)	7,9 (15,1) 9,0 (14,1)
Geibenstetten (BY)	11/2009	1,8	50	48° 44' 17.89"N 11° 47' 33.13"O	436	749 (414) 723 (492)	8,3 (15,4) 9,4 (14,5)
Liliental/Freiburg (BW)	11/2011	0,5	5	48° 4' 14.56 N 7° 40' 25.77" O	350	- 879 (643)	- 11,4 (15,0)

3 Entwicklung der Flächen

Zehn Jahre nach Anlage der Versuche hatten die Pflanzen im Mittel aller Flächen einen BHD von 6,1 cm und eine Höhe von 3,9 m. Die besten Schwarzkiefernherkünfte erreichten Mittelhöhen von 4,8 m. Einzelne Bäume wiesen Höhen bis zu 7,8 m auf. Es zeigten sich deutliche Unterschiede in der Standortleistungskraft (Abb. 4): Im Norden (Versuch Kirchhain: hellblau) und Osten (Versuch Vilseck: hellgrün) entwickelten sich die Versuchsplantungen deutlich langsamer als auf den weiter im Süden bzw. Westen gelegenen Flächen Geibenstetten bei Ingolstadt (orange) und Gickelhausen bei Rothenburg (gelb).

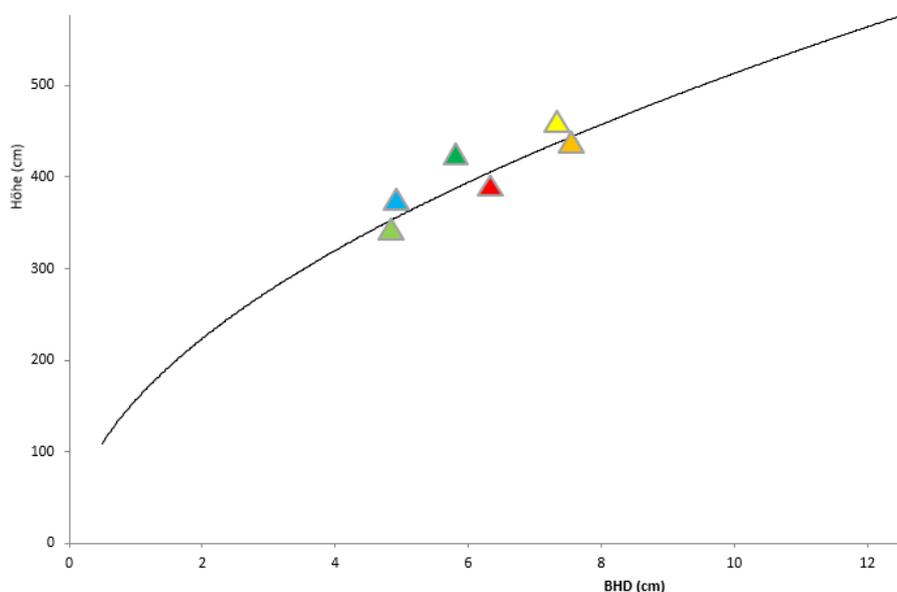


Abb. 4: Zusammenhang zwischen BHD und Höhe der Bäume auf den sechs Versuchsflächen. Farblich gekennzeichnet ist der jeweilige Versuchsflächenmittelstamm (Vfl. Kirchhain: blau, Vilseck: hellgrün, Liliental: dunkelgrün, Windsheim: rot, Gickelhausen: gelb, Geibenstetten: orange)

Die Ausfallrate über alle Flächen betrug 31 %. Deutlich überdurchschnittliche Verluste mit 50 % waren in Kirchhain und Geibenstetten zu beobachten. Dagegen fielen in Liliental nur 5 % der Pflanzen aus. Die Ausfälle in Geibenstetten wurden vorrangig durch Hallimasch verursacht. Die Herkünfte Valbelle, Brac, Lanuejols und die korsischen Laricioherkünfte waren dort vor allem betroffen. Ein Befall durch Diplodiapilze wurde bei einer Stichprobeninventur im Jahr 2019 bei keiner Herkunft nachgewiesen.

4 Bewertung der Unterarten und Herkünfte

Zwischen den Unterarten waren signifikante Unterschiede in der Entwicklung zu beobachten. Vor Aussaat zeigte bereits das Saatgut unterschiedliche Eigenschaften: Westliche Unterarten hatten ein 1000-Korngewicht unter 20 g, die östliche Unterart *Pallasiana* dagegen bis zu 34 g.

4.1 Ausfälle

Heimische Waldkiefernherkünfte wiesen mit 21 % deutlich niedrigere Ausfallraten auf als Schwarzkieferprovenienzen, die im Mittel 10 % höhere Verluste zeigten (Abb. 5). Dieses Ergebnis kann als Ausdruck einer hohen lokalen Anpassung der heimischen Waldkiefer an die Freifläche gewertet werden.

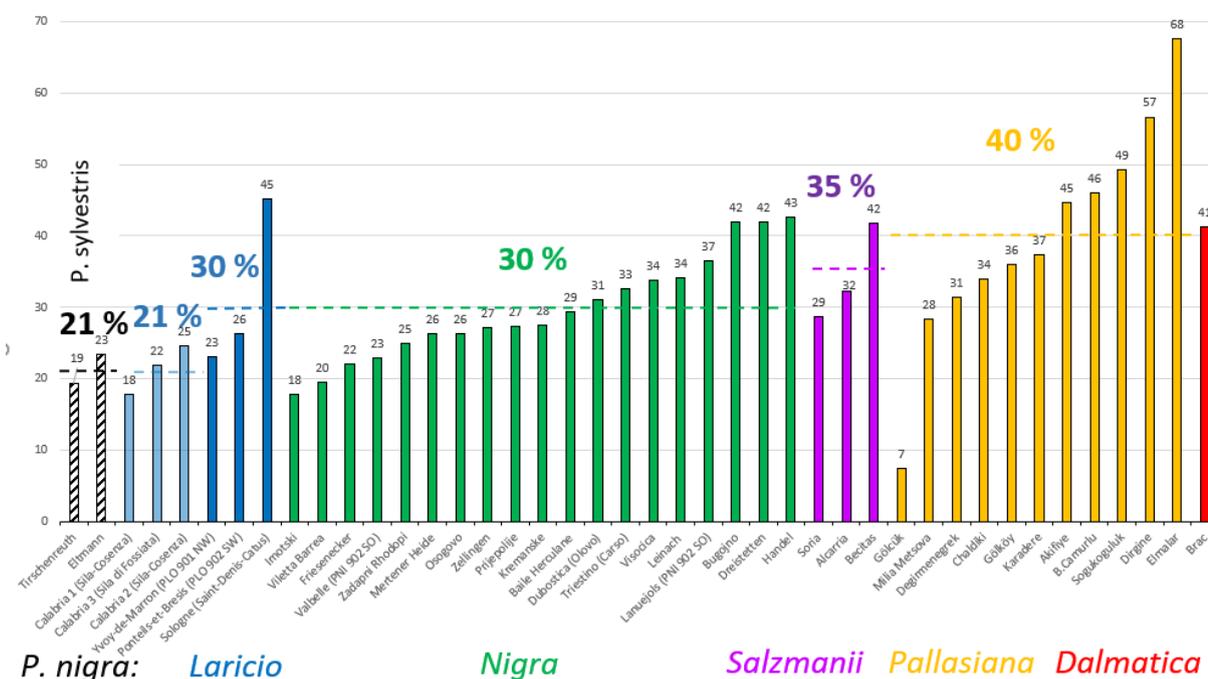


Abb. 5: Ausfallraten von Waldkiefern- und Schwarzkieferherkünften im Vergleich.

Durch Frühjahrstrockenheit entstanden auch bei den Schwarzkiefern traten keine Schäden. Selbst im Trockensommer 2015 waren keine Verluste zu beobachten. Bei den wüchsigsten Herkünften konnte in diesem Jahr sogar eine Zuwachssteigerung beobachtet werden (Huber und Šeho 2016). Wesentlicher herkunftsbedingter Ausfallfaktor kann Spät- bzw. strenger Winterfrost sein. Trotz intensivem Spätfrost (- 5 °C) im Frühjahr 2011 und einer langanhaltenden Winterfrostphase im Folgejahr (bis - 20 °C) wurden auf den Versuchsflächen auch bei den südlicheren Unterarten keine Schäden beobachtet. Eine besondere Spätfrostanfälligkeit wie in der Literatur besonders für korsische Herkünfte beschrieben, konnte nicht bestätigt werden.

Die Schwarzkiefernunterart *Laricio* schnitt hinsichtlich der Ausfälle besser ab als die anderen Unterarten. Dabei hatten die kalabrischen Herkünfte die geringsten Ausfälle. An zweiter Stelle überzeugten die korsischen Sekundärherkünfte dieser Unterart aus Beständen in Südwestfrankreich.

Die Unterart *Nigra* lag mit 30 % Ausfall im Mittelfeld. Sie wies eine sehr breite Streuung der Ausfallraten auf: Die Herkünfte Imotski (HR), Viletta Barea (I), Friesenecker (A) und Valbelle (F) waren Beispiele für unterdurchschnittliche Ausfälle. Leinach (D), Dreistetten (A), Bugojno (BiH) und eine undefinierte Herkunft aus dem Pflanzenhandel hatten dagegen sehr hohe Ausfälle.

Die Unterarten *Salzmannii*, *Pallasiana* und *Dalmatica* waren durch überdurchschnittliche Ausfälle gekennzeichnet: Da die Herkünfte dieser Unterarten vorwiegend aus Regionen mit besonders ausgeprägter Sommertrockenheit stammen, kann das Ausfallverhalten ein Hinweis auf mangelnde örtliche Anpassung sein.

Viele Herkünfte der südosteuropäischen Unterart *Pallasiana* zeigten die höchsten Ausfallraten. Besonders die Ausfälle der türkischen Herkünfte dieser Unterart hatten im Versuchszeitraum laufend zugenommen und konnten - aufgrund von mehr als 50 % Ausfall - nicht überzeugen. Wie schon aus dem Rohmeder-Versuch von 1957/60 im unterfränkischen Zellingen hervorgeht, scheinen Herkünfte dieser Unterart mit den mitteleuropäischen Klimabedingungen sowie starker Begleitvegetation und Pilzbefall nicht gut zurecht zu kommen (Schuster, 1988).

Ein Zusammenhang zwischen Ausfallrate und Wuchsleistung war nicht nachweisbar.

4.2 Wuchsleistung

Bei allen Herkünften bestand eine enge Korrelation zwischen BHD- und Höhenentwicklung. Aus diesem Grund wird nachfolgend ausschließlich die standraumunabhängige Baumhöhe als Maßstab für die Bewertung der Wuchsleistung betrachtet.

Die Waldkiefer als lichtbedürftige Pionierbaumart entwickelte sich mit 5,2 m Mittelhöhe signifikant besser als die auch für Halbschatten geeignete Schwarzkiefer. Die heimischen Waldkiefernherkünfte Eltmann und Tirschenreuth lagen mit 5,7 m Mittelhöhe an der Spitze aller Herkünfte. Dagegen erreichte die rumänische Waldkiefernherkunft Rupea aus den Karpaten nur 80 % dieser Leistung.

Die Schwarzkiefern wiesen im Durchschnitt etwa 70 % der Höhe der heimischen Waldkiefernherkünfte auf. Bei Schwarzkiefernprovenienzen aus Regionen mit sehr hohen Sommermitteltemperaturen und besonders geringen Niederschlägen war dieser Unterschied in der Baumhöhe noch stärker ausgeprägt.

Bei vielen Schwarzkiefernherkünften zeigten Tieflagenprovenienzen tendenziell bessere Höhenwuchsleistungen als solche aus Hochlagen (Abb. 6 links). Ein Zusammenhang zwischen Wuchsleistung und West – Ost Verbreitung der Herkünfte war nur bei Herkünften innerhalb der Unterart *Pallasiana* zu beobachten (Abb. 6 rechts): Die westlichen, griechischen Herkünfte Chaldiki und Milia Metsova wuchsen deutlich besser als die östlichen, türkischen Herkünfte. Auch innerhalb der türkischen Herkünfte war dieser Trend erkennbar.

Beim Vergleich der Wuchsleistung der Unterarten waren signifikante Unterschiede festzustellen:

Die beste Wuchsleistung mit Mittelhöhen von 4,48 m zeigten Herkünfte der Unterart *Laricio*. Ein Wuchsvorsprung gegenüber anderen Unterarten war bereits bei der Erstaufnahme zwei Jahre nach Pflanzung nachweisbar. Auch die Samenplantagenabsaat Sologne lag bereits zu diesem Zeitpunkt in der Höhenwuchsleistung deutlich vor allen anderen Herkünften. *Laricio* - Herkünfte konnten ihre Spitzenposition während der Laufzeit des Versuchs weiter ausbauen. Innerhalb dieser Unterart erreichten die korsischen Herkünfte Pontails-et-Bresis und Yvoy-de-Marron 10 % mehr Höhe als die kalabrischen Provenienzen (Abb. 9). Die Unterart *Laricio* weist derzeit 86 % der Höhe der heimischen Waldkiefernherkünfte auf.

Die Unterart *Salzmannii* aus den spanischen Hochlagen über 1000 m NN bewegte sich im Beobachtungszeitraum über dem Niveau der Unterart *Nigra*.

Die Herkünfte der Unterart *Nigra* lagen im vierten Wuchsjahr im Mittelfeld und entwickelten sich bis zum Alter 12 im Vergleich zu *Laricio* zunehmend unterdurchschnittlich. Serbische und bulgarische Herkünfte aus höheren Lagen des Balkans (z. B. HK Zadapni Rhodopni, Prijepolje) wuchsen besser als Tieflagenprovenienzen (z. B.

Dubostica, Lanuejols). Die bayerische Herkunft Zellingen – vermutlich aus österreichischen Saatgutquellen - lag über dem Durchschnitt und erreichte das Niveau von Laricioherkünften. Die nicht definierte „Handelsware“ war dagegen am schwachwüchsigsten.

Innerhalb der Unterart *Pallasiana* hatten nur die griechischen Herkünfte überdurchschnittliche Leistungen.

Dalmatica mit der einzigen Herkunft Brac zeigte die geringste Höhenentwicklung aller Unterarten (Abb. 7).

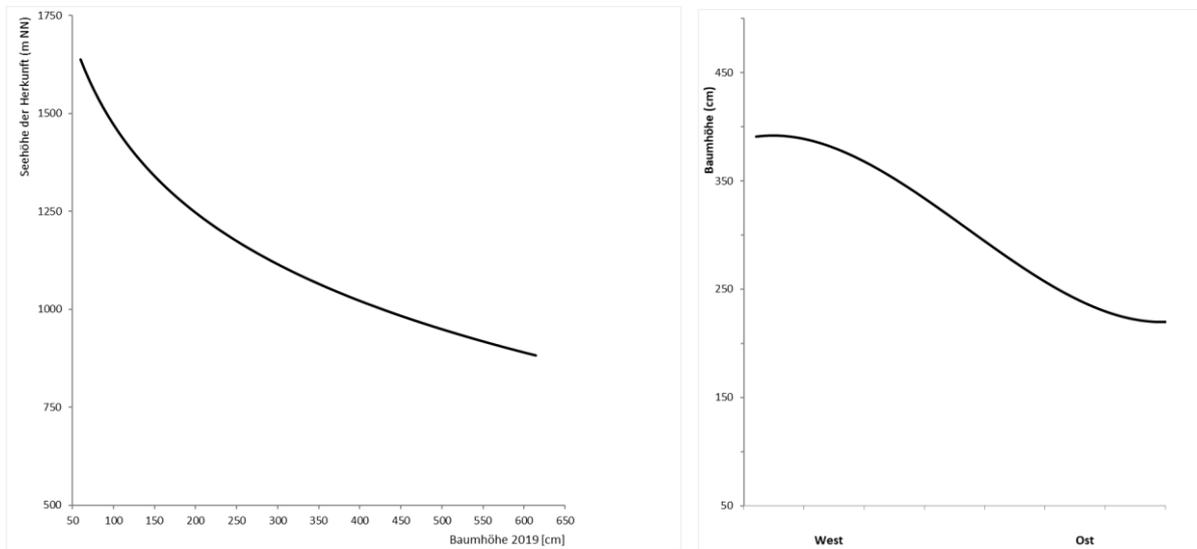


Abb. 6: Zusammenhang zwischen Seehöhe der Herkunft und Baumhöhe (alle Herkünfte, links) sowie zwischen Baumhöhe und West/Ost-Verbreitung (Herkünfte der Unterart *Pallasiana*, rechts).

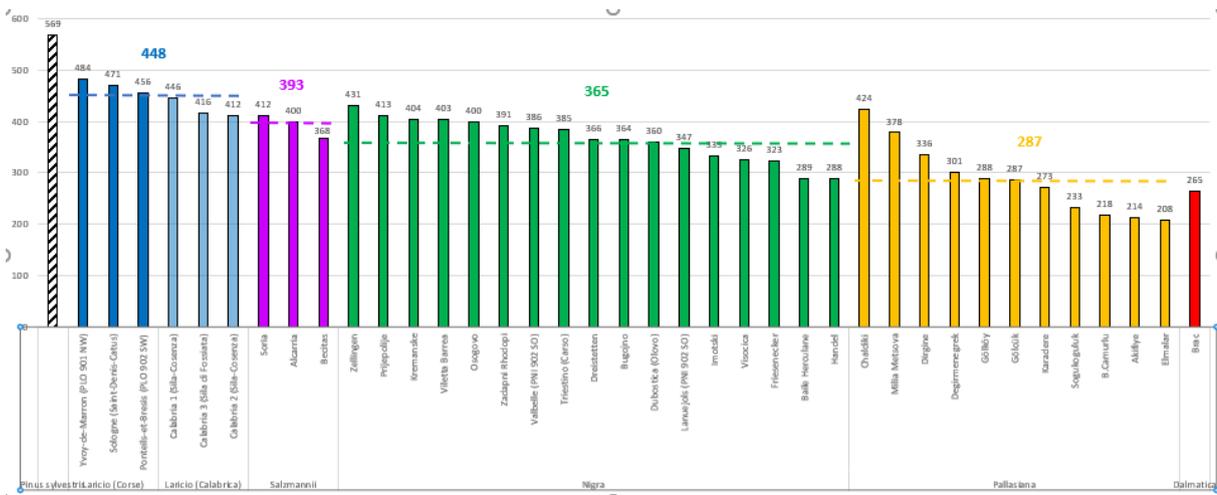


Abb. 7: Mittelhöhen der Herkünfte heimischer Waldkiefern (links) im Vergleich zu den Schwarzkiefernherkünften gruppiert nach Unterarten.

5 Schlussfolgerungen für die Praxis

Maßstab für die Bewertung der Jugendentwicklung der Herkünfte war ihre Höhen- und Durchmesserentwicklung. Es wurde unterstellt, dass der Standort zwar das Niveau der Wuchsleistung der Versuchsfläche beeinflusst, ein vergleichbarer herkunftsbedingter und damit genetischer Einfluss aber zu einer ähnlichen Rangfolge bei den Herkünften führt: Empfehlenswerte, anpassungsfähige Herkünfte zeigten auf allen

Standorten eine höhere Wüchsigkeit. Abbildung 8 veranschaulicht die ausgezeichnete Wuchsleistung der Unterart *Laricio*. Die besondere Wüchsigkeit dieser Unterart wurde auch schon in älteren Versuchen beobachtet (RÖHRIG 1966). Die Bäume der Unterart *Salzmannii* wiesen trotz überdurchschnittlicher Durchmesserentwicklung geringere Höhen als *Laricio* auf. Offensichtlich neigen diese spanischen Herkünfte zu höherer Abholzigkeit. Bei der Unterart *Nigra* war eine sehr uneinheitliche Entwicklung mit starker Streuung der Wuchsleistung zwischen einzelnen Herkünften festzustellen. Die Nachkommenschaften der Samenplantage Mertener Heide zeigten überdurchschnittliche Höhenwuchsleistungen.

Die Unterart *Pallasiana* hatte – abgesehen von griechischen Herkünften - unbefriedigende Leistungen und sollte daher bestenfalls in Praxisanbauversuchen verwendet werden.

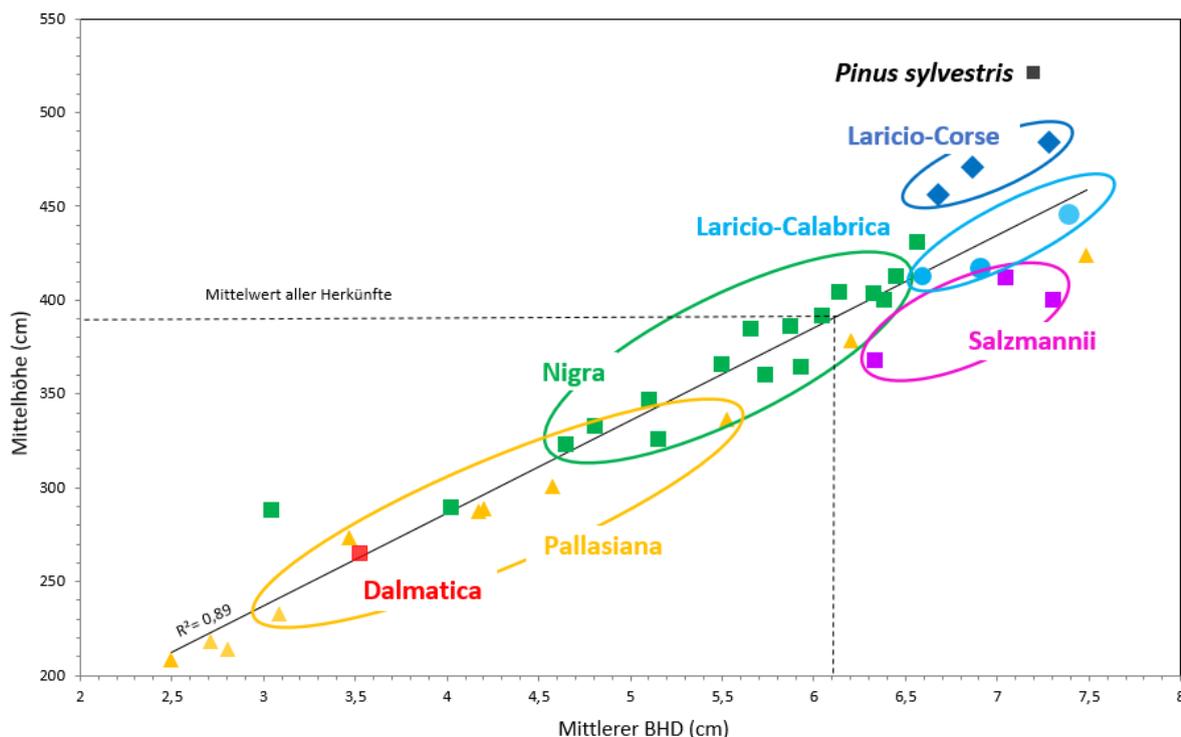


Abb. 8: Wuchsleistung der Unterarten in Abhängigkeit von Höhe und BHD im Alter 12: Markiert sind die Mittelwerte der Herkünfte.

Die Einstufung der getesteten Schwarzkiefernherkünfte erfolgte in vier Kategorien nach ihrer Höhen- und Durchmesserwuchsleistung unter Berücksichtigung der Ausfälle (Tabelle 3). Qualitätskriterien werden erst im höheren Alter bewertet.

Bis zum Alter 12 konnten die Schwarzkiefernherkünfte hinsichtlich Wuchsleistung und Überlebensrate nicht mit der Waldkiefer konkurrieren. Es gibt jedoch Hinweise, dass in höherem Alter Schwarzkiefern auf ausreichend wasserversorgten Standorten die Gesamtwuchsleistung der Waldkieferherkünfte übertreffen können (ŠEHO et al. 2010).

Bei zunehmenden Temperaturextremen sowie ausgeprägter Sommertrockenheit bleibt abzuwarten, wie sich die Wuchsverhältnisse der Herkünfte auf den Versuchsflächen in den kommenden Jahren verschieben werden. Der Versuch liefert jedoch schon heute wichtige Daten und ist Grundlage für die in Bayern zum 01.01.2023 aktualisierten Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen.

Tabelle 3: Gesamtbewertung der Schwarzkiefernherkünfte

Kategorie	Unterart				
	<i>Laricio</i>	<i>Salzmanii</i>	<i>Nigra</i>	<i>Pallasiana</i>	<i>Dalmatica</i>
Deutlich überdurchschnittliche Herkünfte	Yvoy-de—Marron (F/Corse) Ponteils-et-Bresis (F/Corse) Sila-Consenza 1 (I/Kalabrien) Sila-Consenza 2 (I/Kalabrien) Sila di Fossiata (I/Kalabrien)		SPL Mertener Heide (D/NRW)		
Überdurchschnittliche Herkünfte	SPL Sologne (F/Corse)	Soria (E/Castilla y Leon) Alcarria (E/Guadalajara))	Zellingen (D/Ufr) Prijepolje (SRB/Zlatibor) Kremanske (SRB/Zlatibor) Viletta Barrea (I/Abruzzen) Osogovo (BG/Kjustendil)	Chaldiki (GR – Macedonia)	
Unterdurchschnittliche Herkünfte)	Beticas (E/Andalusien- Jaen)	Leinach (D/Unterfranken) Zadapni Rhodopi (BG/Pazardzhik) Valbelle (F/Provence) Triestino (I/Friaul) Dreistetten (A/NÖ) Bogojino (BiH) Dubostica (BiH) Lanuejols (F/Languedoc) Imotski (HR/Split)	Mila Metsova (GR – Epirus) Gölcük (TR/Kütahya)	
Deutlich unterdurchschnittliche Herkünfte			Visocica (HR/Senj) Friesenecker (A – NÖ) Baile Herculane (RO/Caras) „Handelsware“	Dirgine (TR/Zonguldag) Degirmenegrek (TR/Balikesir) Gölköy (TR/Samsun) Karadere (TR/Kastamonu) Sogukoguluk (TR/Adana) B. Camurlu (TR/Hatay) Akifye (TR/Kahramanramas) Elmalar (TR/ Kahramanramas)	Brac (HR/Split)

Dank

Wir bedanken uns für die Aufnahme und Bereitstellung von Versuchsdaten aus Baden-Württemberg und Hessen durch MANUEL KAROPKA (FVA Freiburg) und MARTIN HOFFMANN (NW-FVA Hann. Münden).



Abb. 9: 350 Jahre alter Schwarzkiefernbestand im Sila-Nationalpark, Kalabrien (Foto: G. HUBER, links); Ernteorte der französischen Laricioherkünfte (rechts).

Referenzen

TUTIN et al. (1993): Flora Europea. Vol. I-V, Cambridge University Press, Cambridge.

EUFORGEN: <http://www.euforgen.org/species/pinus-nigra/>

HUBER G, ŠEHO M (2016): Die Schwarzkiefer – Eine Alternative für warm-trockene Regionen; Erste Ergebnisse des bayerischen Herkunftsversuchs bestätigen Trockenresistenz; LWF aktuell 3: 17-20.

HUBER G (2011): Neue Tests für Schwarzkiefern-Herkünfte in Bayern im Hinblick auf den Klimawandel. Forstarchiv 82, 134 – 141.

HUBER G et al (2012): Anlage eines Herkunftsversuchs zur Prüfung der Anbauwürdigkeit von Schwarzkiefernherkünften (Pinus nigra) in Bayern angesichts zukünftiger Klimaänderungen; Abschlussbericht AWG Teisendorf Projekt ST 226

RÖHRIG E (1966) Die Schwarzkiefer (Pinus nigra Arnold) und ihre Formen, Silv. Gen., 15, 21-26

SCHUSTER M 1988. Untersuchungen zur Wuchsleistung und Anbauwürdigkeit verschiedener Schwarzkiefernprovenienzen auf trockenen Muschelstandorten, Diplomarbeit Ludwig-Maximilians-Universität München, 91 S.

ŠEHO M, KOHNLE U, ALBRECHT A, LENK E (2010): Wachstumsanalysen von vier Schwarzkiefer-Provenienzen (Pinus nigra) auf trockenen Standorten in Baden-Württemberg. Allg. Forst- u. J.-Ztg. 181: 104-116.

Autoren

RANDOLF SCHIRMER, MARTIN TUBES, MUHIDIN ŠEHO, GERHARD HUBER
 Bayerisches Amt für Forstgenetik (AWG), Forstamtplatz, Teisendorf
 Kontakt: randolf.schirmer@awg.bayern.de

Wuchsleistung und genetische Variation unterschiedlicher Küstentannenherkünfte

ANDRÉ HARDTKE, OLIVER CARÉ, SOFIA RUBIN, WILFRIED STEINER, LUDGER LEINEMANN, OLIVER GAILING

Zusammenfassung

Die Küstentanne (*Abies grandis* (DOUG. EX D. DON) LINDL.) ist eine der wichtigsten Alternativbaumarten für Deutschland, mit einem großen Potential zur nachhaltigen Sicherung aller Waldfunktionen. Vor dem Hintergrund der prognostizierten Klimaänderungen ist sie eine interessante Mischbaumart und kann die großflächig ausgefallene Fichte in Teilen ersetzen. Der verstärkte Anbau dieser Baumart setzt Kenntnisse über das adaptive Potential und die genetischen Strukturen der nordamerikanischen und heimischen Saatgutquellen voraus. Während waldwachstumskundliche Kenntnisse über die Eignung einzelner Ursprungsregionen für die Verwendung in Deutschland existieren, fehlen Informationen über die geografisch-genetische Variation sowohl im Ursprungsgebiet als auch in Deutschland nahezu gänzlich. Das 2021 gestartete Projekt (HerKueTaSaat) widmet sich nun der Entwicklung und Etablierung von molekularen Markern zur Erfassung von räumlich-genetischen Strukturen und der Assoziation zwischen molekulargenetischer Variation und Vitalität und Wuchsleistung von.

Mit 65 Originalherkünften aus dem natürlichen Verbreitungsgebiet der USA und Kanada aus der IUFRO-Versuchsserie der Jahre 1978 und 1979 steht eine geeignete Versuchsserie zur Verfügung. Erstmals können Wuchsdaten der Küstentannenherkünfte mit genetischen Daten verschnitten werden. Die Ergebnisse zeigen, dass sich das Wuchspotential der einzelnen Herkünfte deutlich unterscheidet. Dabei verhalten sich fast alle Herkünfte wuchsstabil auf den einzelnen Versuchsflächen, Standortinteraktionen konnten nur im geringen Maße festgestellt werden. Geeignete Herkünfte finden sich größtenteils im nordwestlichen Verbreitungsgebiet der Küstentanne. Genetische Analysen ausgewählter Herkünfte (N=58) aus der IUFRO-Versuchsserie sollen räumlich-genetische Strukturen des Ursprungsgebietes untersuchen. Dies wird einerseits eine Grundlage zur genetischen Variation der Küstentanne schaffen, andererseits soll eine Zuordnung deutscher Bestände zu den Herkunftsregionen in Nordamerika erfolgen. Dies könnte für Saatgutbestände genutzt werden, um über die Herkunftszuordnung eine Prognose der Anbaueignung anhand der Wuchsdaten aus der IUFRO-Versuchsserie zu ermöglichen.

Abstract

Growth performance and genetic variation of different provenances of grand fir

The grand fir (*Abies grandis* (DOUG. EX D. DON) LINDL.) is one of the most important alternative tree species for Germany, with a great potential for sustainably securing all forest functions. Against the background of the predicted climate change, it is an interesting tree species in mixed forests and can partially replace Norway spruce, which has failed over large areas. Increased cultivation of this tree species requires knowledge of the adaptive potential and genetic structures of north american and indigenous seed sources. While knowledge on forest growth and yield suggests the suitability of individual regions of origin for use in Germany, information on the geographical genetic variation both in the region of origin and in Germany is almost completely lacking. The project (HerKueTaSaat), which started in 2021, is dedicated to the development and establishment of molecular markers to record spatial genetic structures and the association between molecular genetic variation and vitality and growth performance of provenances.

With 65 original provenances from the natural range of the USA and Canada from the IUFRO trial series of 1978 and 1979, a suitable trial series is available. For the first time, growth data of grand fir provenances can be intersected with genetic data. The results show that the growth potential of the individual species differs significantly. Almost all the provenances are stable in growth on the individual trial plots, and site interactions could only be determined to a small extent. Suitable provenances are mostly found in the north-western distribution area of grand fir. Genetic analyses of selected provenances (N=58) from the IUFRO trial series are intended to reveal spatial genetic structures in the area of origin. On the one hand, this will provide basic

information on the genetic variation of the grand fir, on the other hand, to infer the geographic origin of German plantations will be carried out. This could be used for seed stocks to enable a prognosis of cultivation suitability based on the growth data from the IUFRO trial series.

1 Projektvorstellung

Die Küstentanne ist eine der wichtigsten Alternativbaumarten für Deutschland, mit einem großen Potential zur nachhaltigen Sicherung aller Waldfunktionen. Dies gilt insbesondere vor dem Hintergrund prognostizierter Klimaänderungen. Das Projekt „HerKüTaSaat“ (Entwicklung genetischer Methoden zur Bestimmung der Herkunft und des adaptiven Potentials von Küstentanne (*Abies grandis*) in Deutschland als Basis und Aufbau hochwertiger Saatgutquellen) möchte die genetischen Grundlagen schaffen, um die Küstentanne auf größerer Fläche als ertragsstarke und ökologisch verträgliche Baumart zu etablieren. Dazu sind genetische Methoden und Verfahren notwendig, welche die geografisch-genetische Variation im nordamerikanischen Ursprungsgebiet charakterisieren und diese Referenzbestände mit in Deutschland bereits vorhandenen Beständen vergleichen. Ziel dieses Vergleichs ist die Bestimmung der Provenienz deutscher Bestände und die Einschätzung des adaptiven Potentials dieser Bestände im Vergleich zu Ursprungsregionen. Dies geschieht im Hinblick auf die Erzeugung von Vermehrungsgut, das auf der Grundlage eines ausreichend variablen Genpools und unter Ausschluss ungeeigneter Provenienzen die bestmöglichen Grundlagen für den Anbau dieser Baumart in Deutschland legt.

Gleichzeitig soll eine Auswahl von Plusbäumen in vorhandenen Versuchsflächen auf Grundlage umfangreicher Auswertungen sowie deren Sicherung erfolgen. Im Vordergrund stehen insbesondere die Genotyp-Umweltbeziehungen der einzelnen Originalherkünfte. Das Projekt wird gemeinsam von der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt, Abteilung Waldgenressourcen und der Georg-August Universität, Abteilung Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung bearbeitet. In diesem Beitrag sollen erste ertragskundliche Ergebnisse des Projektes präsentiert werden.

2 Die Küstentanne als Alternativbaumart

Das natürliche Verbreitungsgebiet der Küstentanne umfasst die Ostseite von Vancouver Island, den Südwesten British Columbias, die westlichen Hälften von Washington und Oregon und einen schmalen Küstenstreifen in Nordkalifornien. Weiter im Inland liegen die Hauptvorkommen in British Columbia und Idaho. Isoliertere Vorkommen liegen im Nordosten von Oregon und im Nordwesten von Montana (FOILES 1959, HERMANN 1978). In küstennahen Gebieten ist sie in Höhenlagen bis 350 m zu finden. In den Kaskaden steigt sie auf bis zu 1000 m, in den Blue Mountains und den Rocky Mountains ist sie in Höhen bis 1800 m zu finden (FRANKLIN UND DYRNESS 1973; BURNS und HONKALA 1990). Die Niederschläge im Verbreitungsgebiet reichen von 600 mm bis 2500 mm, Regionen mit extrem hohen Niederschlägen meidet sie (RUETZ 2011). Die Küstentanne ist auf Böden unterschiedlichen Ausgangsmaterials zu finden und stellt keine besonderen Ansprüche (ROHMEDE 1953; FOILES 1959).

In Deutschland gedeiht die Küstentanne auf einer breiten Standortpalette (RÖHRIG 1978; DONG et al. 1993; SCHÖBER und SPELLMANN 2001; TRAUBOTH 2005; SPELLMANN et al. 2010; SPELLMANN et al. 2015) und wird in Bezug auf Wasser- und Nährstoffansprüche als bodenvag eingestuft (WELLER 2018). Dicht gelagerte Böden mit Staunässe und Sauerstoffarmut behagen ihr nicht (ROERING 1988). Auf diesen und trockeneren ärmeren Sandböden ist sie dennoch der Douglasie vorzuziehen. Strenge Tone sind für den Anbau ungeeignet (STRATMANN 1988). Insgesamt wird die Küstentanne als bodenpfleglich und nicht invasiv eingestuft (SPELLMANN et al. 2015; FVA-BW 2021; NAGEL 2022).

Im natürlichen Verbreitungsgebiet fallen die Niederschläge vermehrt in den Wintermonaten, die Sommermonate können recht trocken ausfallen (FOILES 1959; BURNS und HONKALA 1990). Die Küstentanne ist daher in der Lage Sommertrockenzeiten von mehreren Monaten gut zu überstehen (ROHMEDE 1953). Ähnliche Beobachtungen,

dass die Küstentanne in unseren Breiten Trockenzeiten ohne massive Schäden übersteht, wurden ebenfalls berichtet (BURCHARD 1960; ROERING 1988; WOLF und Ruetz 1988).

Mit dem großflächigen Ausfall der Fichtenbestände in den letzten Jahren und den sich weiter abzeichnenden Auswirkungen des Klimawandels werden Baumarten wie die Küstentanne vermehrt als mögliche Alternativen diskutiert. Danach kann die Küstentanne im kontinental getönten Tiefland die Baumartenpalette erweitern und im Bergland zum Teil die Fichte ersetzen (NAGEL 2022). In vielen Landesforsten wird die Küstentanne als Alternative und beizumischende Baumart empfohlen (MULE SACHSEN-ANHALT 2010; LWF 2020; BÖCKMANN et al. 2019; DÖBBELER et al. 2020; FVA-BW 2021; WALD UND HOLZ NRW 2022).

3 Die IUFRO-Versuchsserie aus den Jahren 1978 und 1979

Für den Küstentannen-Provenienzversuch wurde von 65 Herkünften Saatgut beschafft (Abb. 1). Dieses stammt von 15 bis 30 Mutterbäumen je Herkunft und wurde größtenteils durch Klettern der Erntebäume gewonnen. Das Material wurde 1976 und 1977 ausgesät. In den Jahren 1978 und 1979 wurden über Deutschland verteilt 27 Versuchsflächen angelegt (Abb. 2), auf denen jedoch nicht alle Herkünfte vertreten sind. Die Versuchsserie sollte Erkenntnisse über die Veranlagung verschiedener Herkünfte der Küstentanne liefern und den Anbau mit hochwertigem Material in Deutschland gewährleisten. Die Versuchsserie wurde bereits mehrfach ausgewertet (vgl. RAU et al. 1991, 1998, 2008). Im aktuellen Projekt liegt der Auswertungsfokus verstärkt auf Genotyp-Umwelt-Interaktionen und der Selektion geeigneter Herkünfte für die Plusbaumauswahl.

Die IUFRO Versuchsserie ist leider nicht vollständig orthogonal angelegt. So schwankt die ausgepflanzte Prüfgliedzahl je Fläche von 9 (Fläche Kronach) bis 32 (Fläche Lauterberg). Viele Auswertungsmethoden setzen aber ein orthogonales Versuchsdesign voraus. Für die Berechnungen wurden daher Versuchsstandorte ausgewählt, auf denen zwei direkt benachbarte Versuchsflächen mit sich ergänzenden Herkünften wachsen. Über Höhenkurven konnten die unterschiedlichen Aufnahmealter der Bäume angeglichen werden. Somit konnten für die Genotyp-Umwelt Analysen 7 Flächenkomplexe mit 46 Prüfgliedern verwendet werden (Abb. 1 und 2). Die Auswertungen beruhen auf Höhenwerten im Pflanzenalter 29.

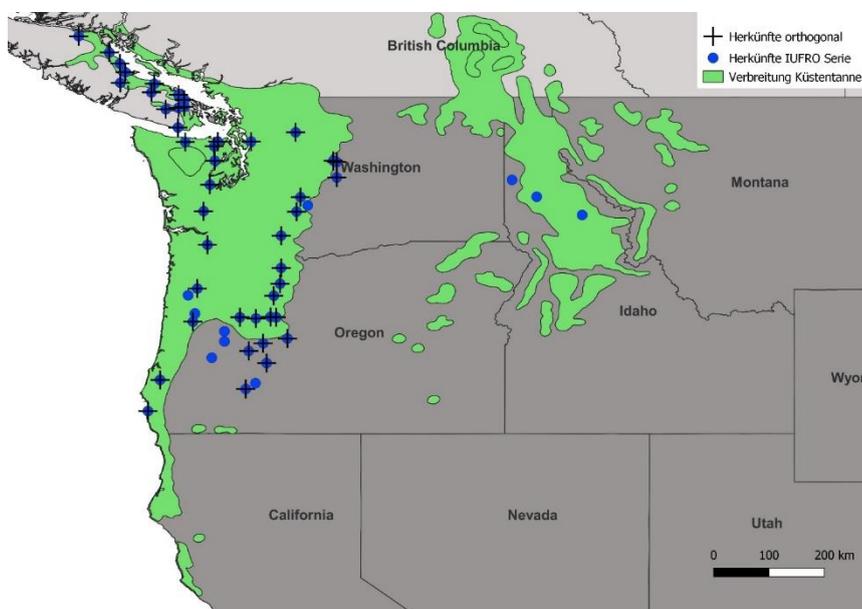


Abb. 1: Natürliche Verbreitung der Küstentanne in Nordamerika (grüne Flächen), Lage der in der IUFRO-Versuchsserie vertretenden Herkünfte (blauer Kreis) und die für die Auswertung genutzten Herkünfte (schwarzes Kreuz), Verbreitung nach LITTLE (1971).



Abb. 2: Lage der IUFRO-Versuchsflächen in Deutschland (blauer Kreis, z. T. befinden sich 2 Versuchsflächen an einem Punkt) und Auswahl der in der Auswertung verwendeten Flächen (schwarzes Kreuz).

4 Das Wuchsverhalten der Prüfglieder

Genotyp-Umwelt-Interaktionen können mit Hilfe von Finlay-Wilkinson Regressionen beschrieben werden (VOLTAS et al. 2018). Bei dem Verfahren wird die Wuchsleistung der einzelnen Herkünfte der durchschnittlichen Wuchshöhe aller beteiligten Herkünfte gegenüber gestellt (FINLAY und WILKINSON 1963). Mit Hilfe dieser Abbildung kann die Produktivität einer betrachteten Herkunft mit den Umwelten in Verbindung gebracht werden und die Adaption und Stabilität dieser Herkunft bestimmt werden (FINLAY & WILKINSON 1963; HARDWICK und WOOD 1972; YAMADA und MIYAUURA 2004).

Insgesamt zeigt sich, dass die Küstentannenherkünfte auf den Berglandstandorten, die den Braunerden zugeordnet werden können (Arnsberg, Hochstift und Lauterberg), eine bessere Wachstumsperformance zeigen (Abb. 3). Auf den Flachlandstandorten (Meppen NI/NW, SHLF Mitte/Nord) bestehend aus überwiegend ärmeren Sandböden, die wechselfeucht und z.T. stark grundwasserbeeinflusst sind, bleiben die Herkünfte im Wachstumspotential zurück. Andere Anbauversuche zeigten ebenfalls, dass sich stark wechselfeuchte oder zu nasse Standorte negativ auf das Wachstum der Küstentanne auswirken (SCHÖBER und SPELLMANN 2001; SPELLMANN et al. 2010). Die einzelnen Herkünfte verhalten sich hinsichtlich ihres Wachstumspotentials auf den Versuchsstandorten sehr stabil. Vielfach verlaufen die Regressionskurven der Herkünfte annähernd parallel zu der Regressionskurve der Versuchsserie (Abb. 3a – 3d). In nur wenigen Fällen (Prüfglied 7) ist eine mäßige Interaktion zu erkennen. Ebenfalls zeigen sich Herkünfte mit überlegenden (Prüfglied 43) und unterlegenden Wuchs (Prüfglied 60).

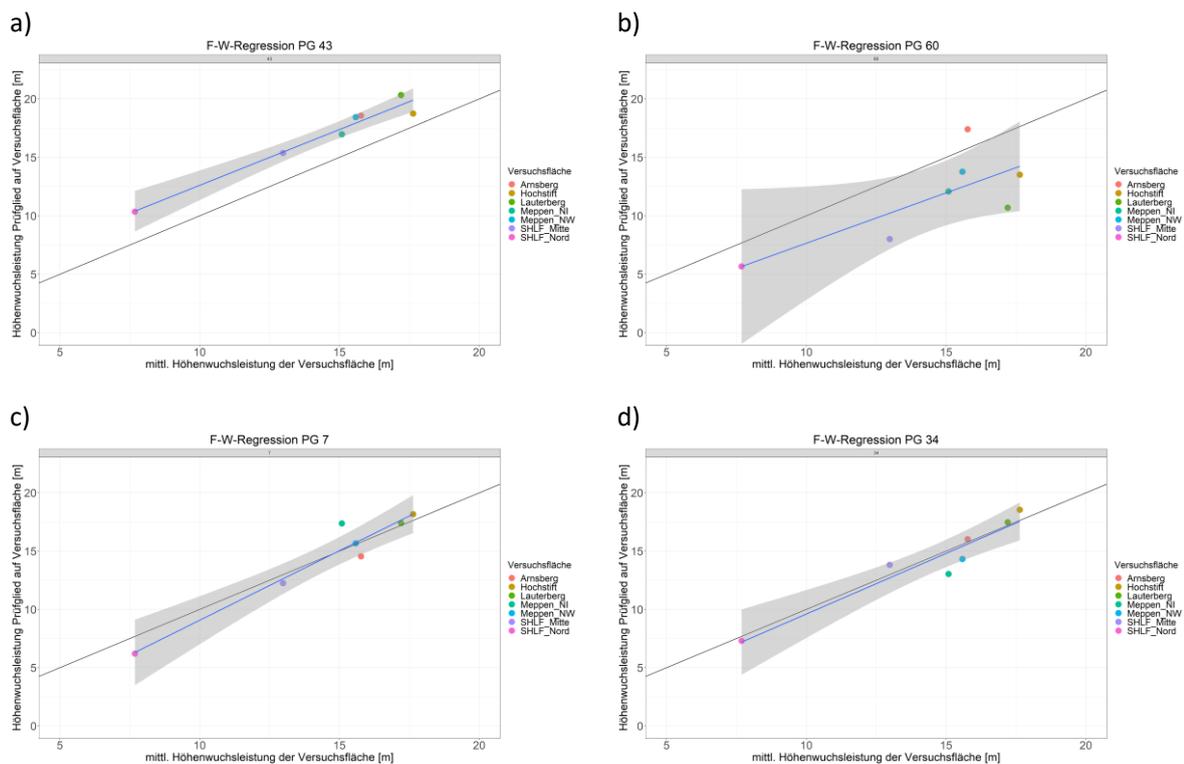


Abb. 3: Finlay-Wilkinson Regression der Prüfglieder 43 (Salmon River), 60 (Otter Point), 7 (Eagle Creek) und 34 (Santiam R Sweet Home).

Als weitere Auswertungsmethode für Umwelt-Genotyp-Interaktionen können GGE-Biplots genutzt werden, die erstmalig von GABRIEL (1971) beschrieben wurden. Das Verfahren stellt eine graphische Darstellung der Multiplikation einer Rang-2-Matrix mit zwei Spalten und Zeilen dar. Jede Zeile (Genotyp) und jede Spalte (Umwelt) kann als ein Vektor dargestellt werden. Die Methode ist eine besonders nützliche Darstellungsform für große Matrizen, insbesondere Kreuztabellen (GABRIEL 1971; YAN 2014). Mit dieser Darstellungsform können Unterschiede zwischen Genotypen und Umwelten festgestellt und Genotyp-Umwelt-Interaktionen identifiziert werden. Das Verfahren findet große Anwendung in der Landwirtschaft (YAN und HUNT 2001; GAUCH et al. 2008; FARSHADFAR et al. 2013; XU et al. 2014) aber auch im forstlichen Bereich (STIEHM und HOFMANN 2018; DING et al. 2008; CORREIA et al. 2010; GEZAN et al. 2017). Die folgenden Analysen wurden mit dem R-Paket „Methan“ durchgeführt (OLIVOTO 2021).

In Abbildung 4 ist das Ergebnis der Biplot-Analyse dargestellt. Die in der Auswertung berücksichtigten Versuchsflächen zeigen eine recht geklumpte Verteilung. Lediglich die Fläche Arnsberg weicht im größeren Maßstab von den restlichen Flächen ab. Die Anordnung der Prüfglieder zeigt ebenfalls, dass es durchweg überlegene (z.B. Prüfglied 43) und unterdurchschnittliche (z. B. Prüfglied 59) Herkünfte gibt (Abb. 4). Die GGE-Biplot-Analyse bestätigt damit die Ergebnisse der Finlay-Wilkinson Regressionen. Ebenso zeigt sich auch hier, dass die Küstentannenherkünfte sehr wuchsstabil auf unterschiedliche Umwelten reagieren und Wechselwirkungen in nur geringem Maße vorhanden sind.

Mit dem genannten R-Paket ist es ebenfalls möglich, für jede Versuchsfläche eine Rangfolge der Prüfglieder zu ermitteln. Dadurch ist es möglich, Generalisten oder Spezialisten für die einzelnen Standortgruppen (Berg und Flachland) auszuweisen. In Tabelle 1 ist für einige ausgewählte Prüfglieder die Rangfolge getrennt nach Versuchsflächen aufgelistet. Ein Großteil der Prüfglieder kann als „Generalist“ eingestuft werden mit entweder durchweg guten oder schlechten Leistungen. Einige wenige zeigen eine Spezialisierung auf der jeweiligen Standortgruppe, die aber nur sehr schwach ausgeprägt ist (Prüfglied 15 und 31).

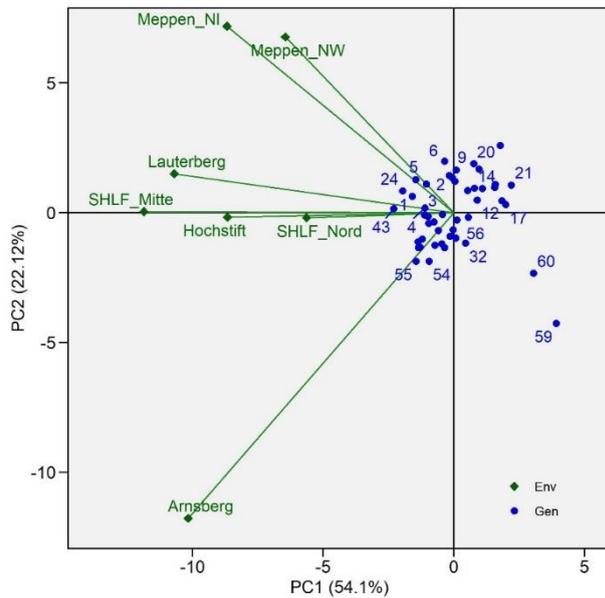


Abb. 4: Ergebnis der GGE-Biplot-Analyse für sieben Flächenkomplexe (grüne Raute) mit orthogonalen Prüfgliedern (blauer Kreis), aus KORMANN 2021.

Tabelle 1: Rangfolgen ausgewählter Herkünfte auf den 7 Versuchsflächen (Berglandstandorte: Arnsberg, Hochstift und Lauterberg; Flachlandstandorte: Meppen NI, Meppen NRW, SHLF Mitte und SHLF Nord).

Prüfglied	Arnsberg	Hochstift	Lauterberg	Meppen NI	Meppen NRW	SHLF Mitte	SHLF Nord	Eigenschaft
43	5	13	1	11	1	2	2	Generalist gut
24	13	8	3	1	12	5	14	Generalist gut
59	20	39	45	46	46	46	46	Generalist schlecht
60	14	46	46	45	42	45	45	Generalist schlecht
15	35	29	27	12	15	27	4	Spezialist Flachland
31	21	19	22	41	11	30	38	Spezialist Bergland

5 Räumlich geografische Muster

Zur räumlichen Darstellung wurden die einzelnen Rangstufen zu Rangklassen zusammengefasst. In Abbildung 5 sind die in der Auswertung berücksichtigten Prüfglieder und ihre jeweiligen Rangklassen dargestellt. Daraus ergibt sich ein deutliches Muster für den Anbau in Deutschland geeigneter Herkünfte. Leistungsfähige Herkünfte stammen vornehmlich aus den Regionen Vancouver Island, der Olympischen Halbinsel und Puget Sound (Abb. 6). Herkünfte aus den östlicheren und südlicheren Regionen zeigen deutlich geringere Wachstumsleistungen. Die

Ergebnisse vorheriger Auswertungen konnten demnach bestätigt werden (RAU et al. 1991, 1998, 2008). Weitere Versuche mit gleichem oder anderem Material kommen ebenfalls zu dem Ergebnis (KRAMER 1978; SCHWERIN 1978; KÖNIG 1995; KULEJ und SOCHA 2008).

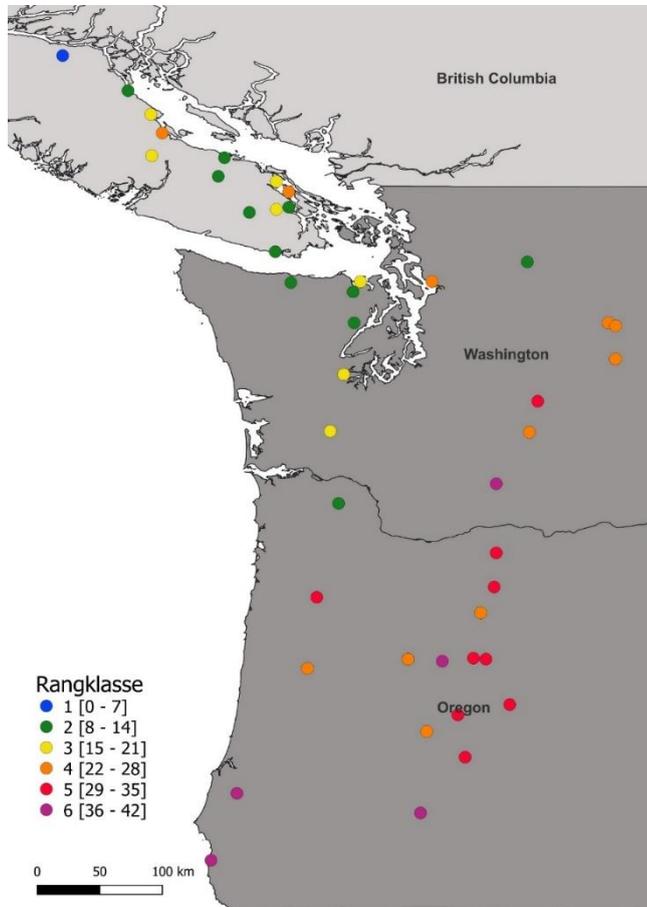


Abb. 5: Räumliche Darstellung der Herkünfte und ihrer Rangklassen.

In Abbildung 6 sind für die verwendeten Herkünfte ausgewählte geografische und klimatische Parameter getrennt nach Rangklassen abgetragen. Anhand der vorliegenden Informationen können die räumlichen Wachstumsmuster nicht exakt erklärt werden. So zeigen die Parameter mittlerer Jahresniederschlag und mittlere Jahrestemperatur keine deutliche Unterscheidung zwischen den Rangklassen. Lediglich bei der Höhenlage ist ein leichter Trend zu erkennen, dass die besseren Herkünfte eher aus tieferen Lagen stammen.

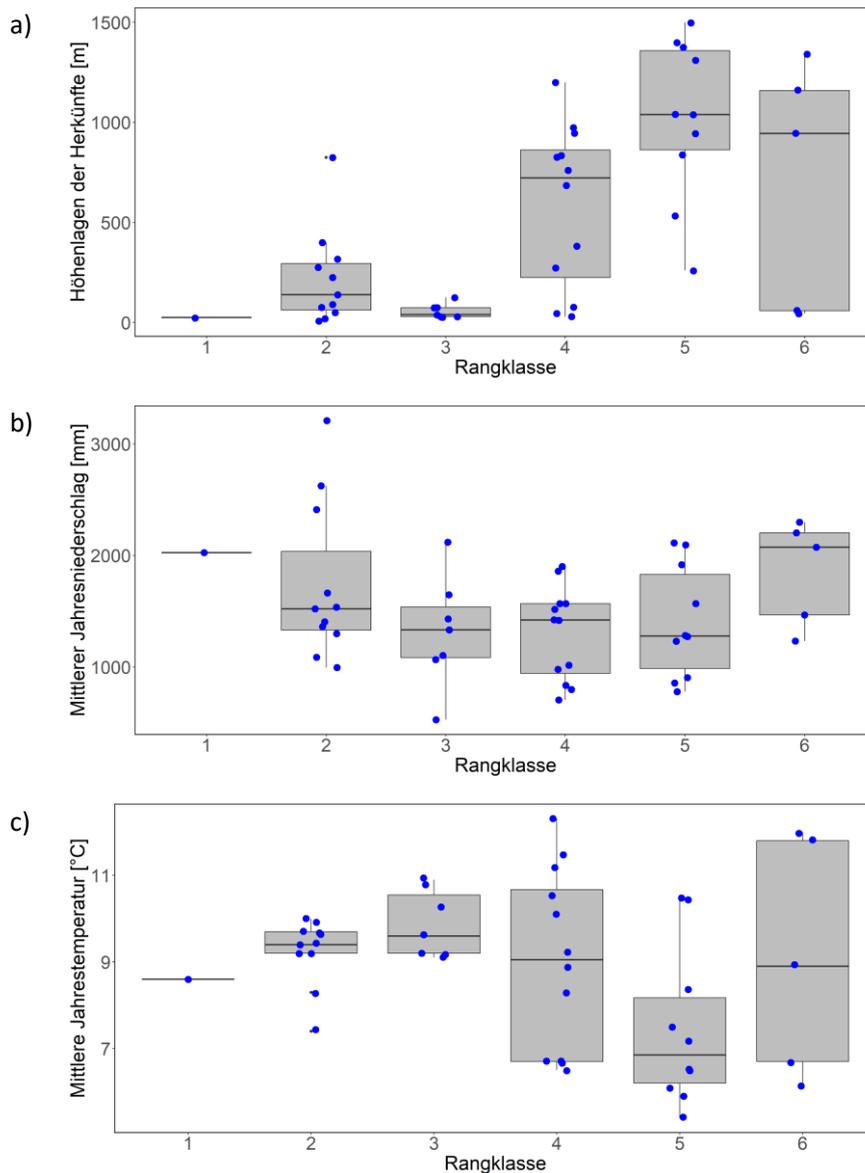


Abb. 6: Höhenlage, mittlerer Jahresniederschlag und mittlere Jahrestemperatur der Herkünfte getrennt nach Rangklassen.

6 Genetische Strukturen nordamerikanischer Saatgutquellen

Die in Abbildung 7 dargestellte Untergliederung in Herkunftsgruppen geht auf RAU et al. (1998) zurück, die sich an der ökologischen Gliederung nach FRANKLIN und DYRNESS (1973) des natürlichen Verbreitungsgebietes orientiert. Erkenntnisse zur genetischen Differenzierung, putativ adaptiver Genorte und räumlich-geographischer Strukturen sind jedoch spärlich bis nicht vorhanden. Lediglich KONNERT und RUETZ (1996) und OTT (2014) untersuchten diese Art bisher anhand molekularer und genetischer Marker. KONNERT und RUETZ (1996) nutzen hierzu Isoenzyme an elf ausgewählten Herkünften von der Versuchsfläche „Buchenau“. Hierbei wurde eine Differenzierung der Inlands- und Küstenbestände, sowie eine Nord-Süd-Differenzierung entlang der Küste festgestellt, wobei die Autoren bereits auf einen möglichen Einfluss der Hybridisierung zwischen *A. grandis* und *A. concolor* auf die Differenzierung hinwiesen. Mit dieser Frage befasste sich umfassend OTT (2014) anhand von Kern-Mikrosatelliten und Sequenzen der Chloroplasten- und Mitochondrien-Genome. Die Coloradotanne (*A. concolor*) wird in zwei Varietäten aufgeteilt var. *concolor* (Utah, Colorado, Arizona, New Mexico) im Inland

und var. *lowiana* hauptsächlich in Kalifornien mit Übergang nach Süd-Oregon. Hier trifft *A. concolor* var. *lowiana* auf das Verbreitungsgebiet von *A. grandis* (Abb. 1). OTT (2014) stellte fest, dass Hybridisierung zwischen *A. grandis* als Pollenelter und *A. concolor* var. *lowiana* als Samenelter auftritt. Die Hybridisierungszone erstreckt sich hierbei von Kalifornien über ganz Oregon bis nach Idaho.

Um detaillierte Erkenntnisse über die genetischen Strukturen im Ursprungsgebiet der Küstentanne zu schaffen, wurden an vier Standorten der IUFRO-Serie 58 Herkünfte mit insgesamt 2022 Einzelbaumproben gewonnen, welche alle Herkunftsgruppen abdecken (Abb. 8). Der Hauptteil des Probenmaterials stammt von den Flächen „Hochstift“ und „Lauterberg“. Ergänzend wurden die Flächen „Frankenberg“ und „Langen“ einbezogen, da hier insbesondere zwei Herkünfte aus dem Binnenland stocken. Zur genetischen Charakterisierung sollen

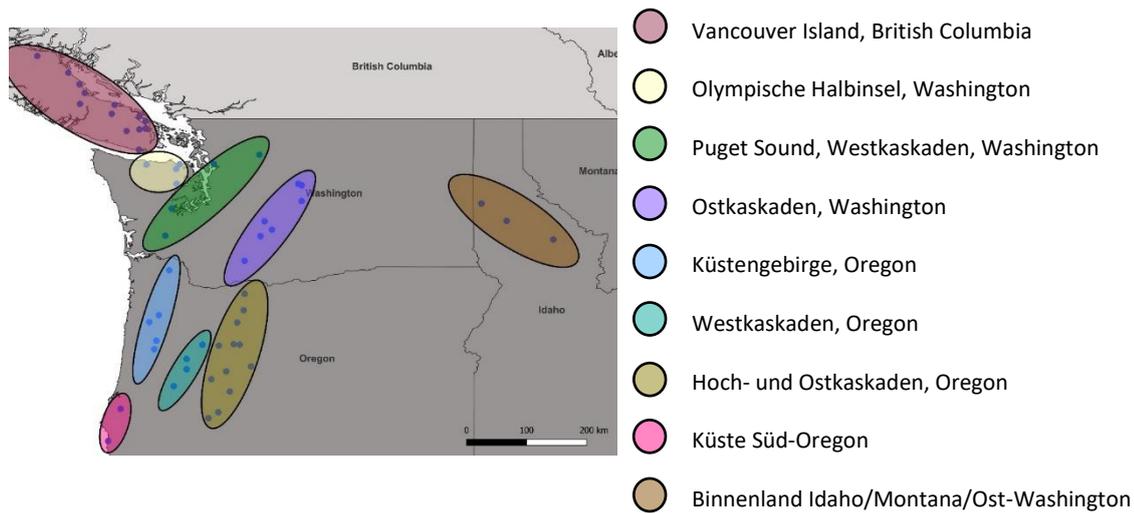


Abb. 7: Lage der Herkünfte und deren Zuordnung zu Herkunftsgruppen der Küstentanne in den USA, nach RAU et al. (2008) verändert.

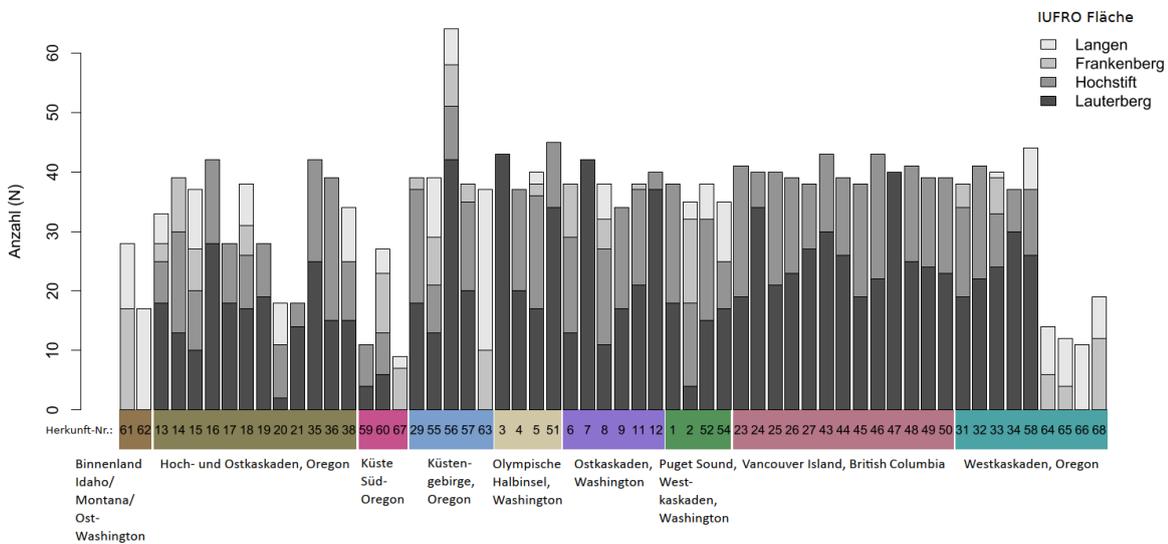


Abb. 8: Anzahl der beprobten Individuen für die genetischen Untersuchungen. Unterteilung der Balken in Graustufen nach dem Ort der Probenahme in vier IUFRO-Flächen. Farbliche Zuordnung zu Herkunftsgruppen in Nordamerika auf der x-Achse, nach RAU et al. (2008).

Mikrosatelliten-Multiplexe entwickelt werden, sowie Primer für Chloroplasten (cp) und Mitochondrien (mt) Marker getestet und angewandt werden. Für die Multiplex Erstellung wurden bisher 36 Primerpaare getestet, wobei 24 für die Erstellung der Multiplexe als geeignet erscheinen. Die Primersequenzen wurden größtenteils aus der Literatur entnommen und sind für diverse *Abies* spp. entwickelt worden (CREMER et al. 2006; SAITO et al. 2005; JOSSERAND et al. 2006; HANSEN et al. 2005; LIAN et al. 2007; POSTOLACHE et al. 2014; RASMUSSEN et al. 2008). Fünf der getesteten Primerpaare wurden für *A. alba* entwickelt, bisher jedoch nicht veröffentlicht. Tests an bereits publizierten Organellen-Markern (JARAMILLO-CORREA et al. 2004, 2013; TSUMURA und SUYAMA 1998; HIPKINS et al. 1990; DEMESURE et al. 1995; HIRATSUKA et al. 1989; PARDUCCI und SZMIDT 1999; GRAHAM und OLMSTEAD 2000; SPERISEN et al, 2001; VENDRAMIN et al. 1996; LIEPELT et al. 2001) sind in Vorbereitung. Weiterhin ist für die Entwicklung von Einzelnukleotidpolymorphismen eine ddRAD Sequenzierung ausgewählter Proben geplant.

7 Genetische Strukturen deutscher Saatgutquellen

Neben nordamerikanischen Herkünften sollen auch deutsche Vorkommen genetisch analysiert werden. Ziel ist es, die heimischen Bestände den Herkunftsgruppen zuordnen zu können. Dafür wurden Bestände, Saatguterntebestände und Sonderherkünfte in den Bundesländern Hessen, Niedersachsen und Schleswig-Holstein ausgewählt, die sich hinsichtlich ihrer Leistungsfähigkeit und ihrer phänotypischen Ausstattung unterschieden. Zusätzlich wurden je ein Saatguterntebestand in Mecklenburg-Vorpommern und Brandenburg einbezogen (Tabelle 2). Je Bestand wurden 50 Bäume zufällig beprobt oder eine Vollbeprobung durchgeführt.

Tabelle 2: Übersicht der für die genetischen Beprobungen vorgesehenen deutschen Bestände und Saatgutquellen.

Bundesland	Status	Bemerkung
Niedersachsen	FoA Münden, Bestand	sehr gute Form, LKL 19
	FoA Münden, Bestand	recht gute Form, LKL 14
	FoA Fuhrberg, Bestand	gute Form, LKL 14
	FoA Fuhrberg, Bestand	schlechte Form, LKL 14
	FoA Nienburg, Bestand	gute Form, LKL 14
	FoA Nienburg, Bestand	sehr schlechte Form, LKL 13
	FoA Ahlhorn, Saatguterntebestand	befriedigende Form, LKL 16
	FoA Ahlhorn, Bestand	phänotypische Durchforstung, sehr gute Form, LKL 17
	FoA Ahlhorn, Bestand	alter Bestand, LKL 15
	FoA Ahlhorn, Bestand	gute Qualität, LKL 16
	FoA Ahlhorn, Bestand	sehr alter Bestand
	SHK Görde	gute Leistung und Qualität
	SHK Hohe Heide	schlechte Qualität
Hessen	FoA Fulda, Bestand	sehr gute Leistung und Form
	FoA Wehretal, Bestand	gute Leistung und Form
	FoA Rüdesheim, Saatguterntebestand	gute Leistung und Form
	FoA Wolfhagen, Saatguterntebestand	gute Leistung und Form
Schleswig-Holstein	SHK Lensahn	lichte Kronen, viel Zwieselwuchs
	SHK Plön 1	gute Leistung und Formen
	SHK Plön 2	sehr astig
Mecklenburg-Vorpommern	SHK Radelübbe	gute Leistung und Form, vital, reichlich verjüngt
Brandenburg	FoA Oderberg, Saatguterntebestand	mittlere Qualität

8 Ausblick

Die Auswertungen für die Plusbaumauswahl sind abgeschlossen und die Plusbäume wurden ausgewählt. Im Frühjahr wurden alle Genotypen durch Pfropfung vermehrt und stehen noch ein weiteres Jahr bis zur Auspflanzung im Versuchskamp der NW-FVA. Die Auswertungen hinsichtlich der Genotyp-Umwelt-Interaktionen werden weitergeführt.

Die Probennahme aller ausgewählten Herkünfte und Bestände aus Deutschland ist abgeschlossen. Die Genotypisierung erfolgt anhand der in den laufenden Voruntersuchungen als zuverlässig erarbeiteten SSR-, cp- und mt-Marker. Anhand dieser Daten werden die genetischen Strukturen im Ursprungsgebiet charakterisiert und mit denen der deutschen Bestände verglichen.

Danksagung

Das Verbundprojekt „HerKüTaSaat“ wird durch die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe (FNR) vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft und dem Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit aufgrund eines Beschlusses des deutschen Bundestages gefördert (Förderkennzeichen 2220NR313B).

Referenzen

- BURCHHARDT (1960): Westfälische Erfahrungen mit der großen Küstentanne. AFZ 15 (7): 81-84.
- BURNS RW, HONKALA BH (1990): Silvics of North America: Volume 1. Conifers. Agriculture Handbook 654. U.S. Department of Agriculture. Forest Service, Washington DC S. 52-59.
- BÖCKMANN T, HANSEN J, HAUSKELLER-BULLERJAHN K et al. (2019): Klimaangepasste Baumartenwahl in den Niedersächsischen Landesforsten. Aus dem Walde-Schriftenreihe Waldentwicklung in Niedersachsen Bd. 61.
- CORREIA I, ALIA R, YAN W, DAVIT T, AGUIAR A, ALMEIDA MH (2010): Genotype x Environment inter-actions in *Pinus pinaster* at age 10 in a multi-environment trail in Portugal: a maximum likelihood approach. *Annales of Forest Science* 67 (612): 1-9.
- CREMER E, LIEPELT S, SEBASTIANI F, BUONAMICI A, MICHALCZYK IM, ZIEGENHAGEN B, VENDRAMIN GG (2006): Identification and characterization of nuclear microsatellite loci in *Abies alba* Mill. *Molecular Ecology Notes* 6 (2): 374-376.
- DEMASURE B, SODZI N, PETIT RJ (1995): A set of universal primers for amplification of polymorphic non-coding regions of mitochondrial and chloroplast DNA in plants. *Molecular Ecology* 4 (1): 129-134.
- DING M, TIER B, YAN W, WU HX, POWELL MB, McRAE TA (2008): Application of GGE Biplot analysis to evaluate Genotypes (G), Environments E, and GxE Interaction on *Pinus radiata*: a case study. *New Zealand Journal of Forestry Science* 38 (1): 132-142.
- DONG PH, ROEDER A, ADAM H (1993): Zum Wachstum der Großen Küstentanne in Rheinland-Pfalz. *Forst und Holz* 48 (4): 86-90.
- DÖBBELER H, NAGEL R-V, SPELLMANN H, HAMKENS H (2020): Waldentwicklungsziele (WEZ) für den hessischen Kommunal- und Privatwald, Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, 33 S. https://www.nwfva.de/fileadmin/nwfva/common/unterstuetzen/pdf/software/WEZ-Katalog_KuPW_HE_NW-FVA_2020.pdf
- FARSHADFAR E, RASHIDI M, JOWKAR MM, ZALI H (2013): GGE Biplot analysis of genotype x environment interaction in chickpea genotypes. *European Journal of Experimental Biology* 3(1): 417-423.
- FOILES, MW (1959): Silvics of Grand Fir. In: Intermountain Forest and Range Experiment Station 21: 1-12.
- FINLAY KW, WILKINSON GN (1963): The analysis of adaption in plant-breeding programme. *Australian Journal of Agricultural Research* 14:742-745.
- FRANKLIN JF, DYRNESS CT (1973): Natural vegetation of Oregon and Washington. Gen. Tech. Rep. PNW-8. Portland OR: U.S. Department of Agriculture. Forest Service. Pacific NW-Forest and Range Exp. Stat. 417 S.
- FVA-BW (2021): Alternative Baumarten im Klimawandel - eine Stoffsammlung. Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg 122 S.

- GABRIEL KR (1971): The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika* 58 (3):453-467.
- GAUCH HG, PIEPHO, H-P, ANNICCHIARICO P (2008): Statistical Analysis of Yield Trials by AMMI and GGE: Further Considerations. *Crop Science* 48 (3): 866-889.
- GEZAN SA, DE CARVALHO MP, SHERRILL J (2017): Statistical Methods to explore genotype-by-environment interaction for loblolly pine clonal trials. *Tree Genetics and Genomes* 13 (1): 1-11.
- GRAHAM SW, OLMSTEAD RG (2000): Utility of 17 chloroplast genes for inferring the phylogeny of the basal angiosperms. *American Journal of Botany* 87 (11): 1712-1730.
- HANSEN OK, VENDRAMIN GG, SEBASTIANI F, EDWARDS KJ (2005): Development of microsatellite markers in *Abies nordmanniana* (Stev.) Spach and cross-species amplification in the *Abies* genus. *Molecular Ecology Notes* 5 (4): 784-787.
- HARDWICK RC, WOOD JT (1972): Regression Methods for studying Genotype-Environment Interactions. *Heredity* 28 (2): 209-222.
- HERMANN K (1978): *Abies grandis* in ihrem Heimatland. In: RÖHRIG E (Hrsg.): Grundlagen für den Anbau von *Abies grandis*. Schriften aus der Forstlichen Fakultät der Universität Göttingen und der Niedersächsischen Forstlichen Versuchsanstalt. Band 54 J.D. Sauerländer's Verlag Frankfurt am Main 95 S.
- HIRATSUKA J, SHIMADA H, WHITTIER R, ISHIBASHI T, SAKAMOTO M, MORI M, KONDO C, HONJI Y, SUN CR, MENG BY, LI YQ, KANNO A, NISHIZAWA Y, HIRAI A, SHINOZAKI K, SUGIURA M (1989): The complete sequence of the rice (*Oryza sativa*) chloroplast genome: Intermolecular recombination between distinct tRNA genes accounts for a major plastid DNA inversion during the evolution of the cereals. *MGG Molecular & General Genetics* 217 (2-3): 185-194.
- HIPKINS VD, TSAI CH, STRAUSS S H (1990): Sequence of the gene for the large subunit of ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase from a gymnosperm, Douglas fir. *Plant Molecular Biology* 15 (3): 505-507.
- JARAMILLO-CORREA JP, BEAULIEU J, BOUSQUET J (2004): Variation in mitochondrial DNA reveals multiple distant glacial refugia in black spruce (*Picea mariana*), a transcontinental North American conifer. *Molecular Ecology* 13 (9): 2735-2747.
- JARAMILLO-CORREA JP, AGUIRRE-PLANTER E, EGUIARTE LE, KHASA DP, BOUSQUET J (2013): Evolution of an ancient microsatellite hotspot in the conifer mitochondrial genome and comparison with other plants. *Journal of Molecular Evolution* 76 (3): 146-157.
- JOSSERAND SA, POTTER KM, JOHNSON G, BOWEN JA, FRAMPTON J, NELSON CD (2006): Isolation and characterization of microsatellite markers in Fraser fir (*Abies fraseri*). *Molecular Ecology Notes* 6 (1): 65-68.
- KONNERT M, RUETZ W (1997): Genetic variation among provenances of *Abies grandis* from the Pacific northwest. *Forest Genetics* 4 (2): 77-84.
- KORMANN J (2021): Auswahl von Plusbäumen im Rahmen der Auswertungen der Versuchsflächen des westdeutschen IUFRO-Küstentannen-Provenienzversuches. Masterarbeit an der Georg-August-Universität Göttingen. Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie.
- KRAMER W (1978): Erfahrungen über den Anbau von *Abies grandis* im Forstamt Syke. In: RÖHRIG, E. Hrsg., Grundlagen für den Anbau von *Abies grandis*. Schriften aus der Forstlichen Fakultät der Universität Göttingen und der Niedersächsischen Forstlichen Versuchsanstalt. Band 54.
- KULEJ M, SOCHA J (2008): Effect of provenance on the volume increment of grand fir (*Abies grandis* Lindl.) under mountain conditions of Poland. *Journal of Forest Science* 54 (1): 1-8.
- KÖNIG A (1995): Geographic variation of *Abies grandis*-provenances grown in Northwestern Germany. *Sivae Genetica* 44 (5/6): 248-255.
- LIAN C, GOTO S, HOGETSU T (2007): Microsatellite markers for Sachalin fir (*Abies sachalinensis* Masters). *Molecular Ecology Notes* 7 (5): 896-898.
- LIEPELT S, KUHNENKAMP V, ANZIDEI M, VENDRAMIN GG, ZIEGENHAGEN B (2001): Pitfalls in determining size homoplasy of microsatellite loci. *Molecular Ecology Notes* 1 (4): 332-335.
- Little EL (1971): Atlas of the United States trees. Volume 1 Conifers and important hardwoods. Miscellaneous Publication 1146. Washington DC: Department of Agriculture. Forest Service. 9 S.
- LWF (2020): Paxishilfe Klima-Boden-Baumartenwahl Band II. Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft. Freising. 124 S.
- MULE Sachsen-Anhalt (2010): Entscheidungshilfen zur klimaangepassten Baumartenwahl im Land Sachsen-Anhalt. Ministerium für Umwelt, Landwirtschaft und Energie des Landes Sachsen-Anhalt. 72 S.

- NAGEL RV (2022): Geht da noch mehr? Eingeführte Baumarten in Nordwestdeutschland für Vielfalt und Klimaanpassung. *proWALD* (2): 4-8.
- OLIVOTO T (2021): Methan. Multi Environment Trial Analysis. Version 1.15.0.
- OTT T (2014): The geographic and ecological patterns of genetic variation in the *Abies grandis*-*Abies concolor* complex. Dissertation. University of Idaho.
- PARDUCCI L, SZMIDT AE (1999): PCR-RFLP analysis of cpDNA in the genus *Abies*. *Theoretical and Applied Genetics* 98 (5): 802-808.
- POSTOLACHE D, LEONARDUZZI C, PIOTTI A, SPANU I, ROIG A, FADY B, ROSCHANSKI A, LIEPELT S, VENDRAMIN GG (2014): Transcriptome versus genomic microsatellite markers: Highly informative multiplexes for genotyping *Abies alba* Mill. and congeneric species. *Plant Molecular Biology Reporter* 32(3): 750-760.
- RAU H-M, WEISGERBER H, KLEINSCHMIT J, SVOLBA J, DIMPFELMEIER R, RUETZ W (1991): Vorläufige Erfahrungen mit Küstentannenprovenienzen in Westdeutschland. *Forst und Holz* 46 (9): 245-249.
- RAU H-M, KLEINSCHMIT J, RUETZ W, KÖNIG A, SVOLBA J (1998): Provenienzversuche mit Küstentanne (*Abies grandis* Lindl.) in Westdeutschland. *AFZ* 169 (6/7): 109-115.
- RAU H-M, KÖNIG A, RUETZ W, RUMPF H, SCHÖNFELDER E (2008): Ergebnisse des westdeutschen IUFRO-Küstentannen-Provenienzversuches im Alter 27. Beiträge aus der NW-FVA Band 4.
- RASMUSSEN KK, ANDERSEN US, FRAUENFELDER N, KOLLMANN J (2008): Microsatellite markers for the endangered fir *Abies guatemalensis* (Pinaceae). *Molecular Ecology Resources* 8(6): 1307-1309.
- ROEHRING H-W (1988): Waldbauliche Erfahrungen mit der Großen Küstentanne in Schleswig-Holstein. *AFZ* 43 (25): 697-698.
- ROHMEDER E (1953): Anbauversuche mit *Abies grandis* in Bayern. *AFZ* 8 (52): 577-580.
- RUETZ W (2011): *Abies grandis*. Enzyklopädie der Holzgewächse – 57. Erg.Lfg. 03/11.
- RÖHRIG E (1978): Anbauversuche mit *Abies grandis* in Deutschland. In: RÖHRIG E (Hrsg.): Grundlagen für den Anbau von *Abies grandis*. Schriften aus der Forstlichen Fakultät der Universität Göttingen und der Niedersächsischen Forstlichen Versuchsanstalt. Band 54.
- SAITO Y, LIAN CL, HOGETSU T, IDE Y (2005): Development and characterization of microsatellite markers in *Abies firma* and interspecific amplification in other Japanese *Abies* species. *Molecular Ecology Notes* 5 (2): 234-235.
- SCHOBER R, SPELLMANN H (2001): Von Anbauversuchen mit Tannen und anderen Koniferen aus Japan, Nordamerika und Europa. Schriften aus der Forstlichen Fakultät der Universität Göttingen und der Niedersächsischen Forstlichen Versuchsanstalt. Band 130.
- SCHWERIN V. I (1978): Wachstum und Austreiben von 20 *Abies grandis* Herkünften, In: RÖHRIG E (Hrsg.): Grundlagen für den Anbau von *Abies grandis*. Schriften aus der Forstlichen Fakultät der Universität Göttingen und der Niedersächsischen Forstlichen Versuchsanstalt. Band 54.
- SPELLMANN H, GEB M, NAGEL J, SCHMIDT M (2010): Verwendungsorientierte Managementstrategien für Buchen-Küstentannen-Mischbestände. *Forst und Holz* 65 (1): 12-19.
- SPELLMANN H, BRANG P, HEIN S, GEB M (2015): Baumartenportraits. Große Küstentanne (*Abies grandis* Dougl. Ex D. Don. Lindl.). In: VOR T, SPELLMANN H, BOLTE A, AMMER C (Hrsg.): Potentiale und Risiken eingeführter Baumarten. Göttinger Forstwissenschaften Band 7.
- SPERISEN C, BÜCHLER U, GUGERLI F, MÁTYÁS G, GEBUREK T, VENDRAMIN GG (2001): Tandem repeats in plant mitochondrial genomes: Application to the analysis of population differentiation in the conifer Norway spruce. *Molecular Ecology* 10 (1): 257-263.
- STIEHM C, HOFMANN M (2018): Evaluation von Genotyp-Umwelt Interaktionen bei Pappel und Weide auf landwirtschaftlichen Standorten in kurzen Umtriebszeiten – Ergebnisse aus dem ProLoc Verbundvorhaben. *Landbauforschung Applied Agricultural and Forestry Research* 68(1/2):67-82.
- STRATMANN J (1988): Ausländeranbau in Niedersachsen und den angrenzenden Gebieten. Schriften aus der Forstlichen Fakultät der Universität Göttingen und der Niedersächsischen Forstlichen Versuchsanstalt. Band 91.
- TRAUBOTH V (2005): Anbauten der Großen Küstentanne in Thüringen. *AFZ-DerWald* 60 (16): 841-843.
- TSUMURA Y, SUYAMA Y (1998): Differentiation of mitochondrial DNA polymorphisms in populations of five Japanese *Abies* species. *Evolution* 52 (4): 1031-1042.
- VENDRAMIN GG, LELLI L, ROSSI P, MORGANTE M (1996): A set of primers for the amplification of 20 chloroplast microsatellites in Pinaceae. *Molecular Ecology* 5 (4): 595-598.

- VOLTAS J, SHESTAKOVA TA, PATSIU T, DI MATTEO G, KLEIN T (2018): Ecotypic variation and stability in growth performance of the thermophilic conifer *Pinus halepensis* across the Mediterranean basin. *Forest Ecology and Management* 424: 205-215.
- WELLER A (2018): Analyse des Wachstums von Großer Küstentanne und Douglasie entlang klimatischer und bodenkundlicher Gradienten in Nordwestdeutschland. *Austrian Journal of Forest Science* 135(1): 53-89.
- WALD UND HOLZ NRW (2022): Eingeführte Baumarten in Nordrhein-Westfalen, Neue Baumarten an neuen Orten – Chancen und Möglichkeiten im Fokus des Klimawandels. *Wald und Holz NRW*. 88 S.
- WOLF H, RUETZ W (1988): Ergebnisse älterer und jüngerer *Abies grandis*-Versuchsanbauten in Bayern. *AFZ* 43 (25):707-710.
- XU F-F, TANG F-F, SHAO Y-F, TONG C, BAO J-S (2014): Genotype x Environment Interactions for Agronomic Traits of Rice Revealed by Association Mapping. *Rice Science* 21 (3): 133-141.
- YAMADA H, MIYAURA T (2004): An examination on the site-family interaction of tree height of open-pollinated families of hinoki (*Chamaecyparis obtusa*) plus trees in the Kansai Forest tree breeding region. *Journal of Forest Research* 9: 81-84.
- YAN W (2014): *Crop Variety Trials. Data Management and Analysis*. 1. Auflage Wiley-Blackwell.
- YAN W, HUNT LA (2001): Interpretation of Genotype x Environment Interaction for Winter Wheat Yield in Ontario. *Crop Science* 41 (1): 19-25.

Autorin und Autoren

ANDRÉ HARDTKE, SOFIA RUBIN, WILFRIED STEINER

Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA), Abteilung C Waldgenressourcen, Prof.-Oelkers-Str. 6, 34346 Hann. Münden

Kontakt: andre.hardtke@nw-fva.de

OLIVER CARÉ, LUDGER LEINEMANN, OLIVER GAILING

Georg-August-Universität Göttingen, Abteilung Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Büsgenweg 2, 37077 Göttingen

Etablierung und Evaluierung von Sämlingssamenplantagen als Beitrag zum Erhalt von *Malus sylvestris* im Osterzgebirge

JAKOB QUEGWER, STEFANIE REIM, MONIKA HÖFER, ANKE PROFT, UTE TRÖBER

Zusammenfassung

Im Rahmen des von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung geförderten Modell- und Demonstrationsvorhabens „Erhaltung von *Malus sylvestris* unter *in-situ*-Bedingungen im Osterzgebirge“ wurden potentielle Wild-Apfel-Individuen im Osterzgebirge kartiert, morphologisch und genetisch charakterisiert und bezüglich der Einkreuzung von *M. x domestica*, verschiedener Resistenzmerkmale sowie des Vitamin C-Gehaltes beurteilt. Im Ergebnis des Projektes sind 2010 zwei Generhaltungsflächen im Forstbezirk Bärenfels entstanden, die gleichzeitig auch als Samenplantagen zur Erzeugung von Generhaltungs-Saatgut genutzt werden sollen.

Die Plantagen wurden mit Sämlingen angelegt. Diese stammen zum Teil aus gelenkten Kreuzungen und zum Teil aus freier Abblüte von Eltern, die morphologisch als weitestgehend artreine Wildäpfel bestimmt worden waren. Da es sich dabei um eine Näherung handelt und außerdem bei freiabgeblühten Nachkommen das Risiko einer Introgression von *M. x domestica* durch den Pollen besteht, wurde die Plantage von vornherein mit der Perspektive einer späteren Reduktion angelegt: Aus Kleinparzellen von je 4 Pflanzen einer Nachkommenschaft sollte nach Pflegemaßnahmen jeweils eine genetisch und morphologisch geprüfte Wild-Apfel-Pflanze in den Plantagen-Bestand übernommen werden.

Im Folgenden wird über die durchgeführten molekulargenetischen Analysen und das nachfolgende Auswahlverfahren berichtet.

1 Einleitung

Malus sylvestris ist die einzige in Mitteleuropa heimische *Malus* Art und spielte für die Züchtung des Kulturapfels (*M. x domestica*) eine große Rolle (CORNILLE et al. 2012, 2013). An der Entstehung von *M. x domestica* sind neben der zentralasiatischen Wildart *M. sieversii* einige weitere asiatische Apfelarten beteiligt (Cornille et al. 2015). Bei seiner Ausbreitung über den Eurasischen Kontinent in Richtung Westen ist es dann im ursprünglichen Verbreitungsgebiet des europäischen Wildapfels *M. sylvestris* offenbar über lange Zeiträume hinweg zu wechselseitigem Genaustausch gekommen. Deshalb ist von einer langfristigen Beeinflussung von *M. sylvestris* durch *M. x domestica* auszugehen und artspezifische Allele sind nicht bekannt. Dennoch hat sich der Wildapfel als Art erhalten, was seine Bedeutung im Ökosystem unterstreicht. Die Früchte weisen einen hohen Vitamin C-Gehalt auf, allerdings sind sie aufgrund ihres sauren Geschmacks für den Menschen von geringer Bedeutung. Das Holz kann vor allem für dekorative Holzerzeugnisse verwendet werden. Der Baum hat als Nistplatz und Nahrungsquelle für Vögel, Säugetiere und Insekten eine nicht zu verachtende ökologische Bedeutung. Das potentielle Verbreitungsgebiet von *M. sylvestris* ist sehr groß und erstreckt sich fast über ganz Europa. Lediglich im Süden der iberischen Halbinsel, im Norden Skandinaviens und den hohen Lagen der Alpen ist der Wildapfel nicht zu erwarten. *M. sylvestris* wächst vor allem in strukturreichen, lichten Eichen- und Laubmischwäldern oder an Waldrändern (JANSSEN 2019; Abschlussbericht 2017). Da *M. sylvestris* wärmeliebend und trockenresistent ist, bieten auch karge Steinrücken gute Wachstumsbedingungen. Allerdings ist *M. sylvestris* in forstwirtschaftlich genutzten Gebieten eher konkurrenzschwach. Aus diesem Grund sind die heutigen Vorkommen sehr vereinzelt und isoliert. Durch diese Inseleffekte ist die genetische Diversität der sächsischen Wildapfel Populationen stark gefährdet. Darüber hinaus kann es zur Hybridisierung mit Kulturapfelsorten kommen (LARSEN et al. 2006). Durch diese Introgression besteht die Gefahr Wildapfel-spezifische und potentiell züchtungsrelevante Merkmale zu verlieren.

Um das Vorkommen vom Wildapfel im Osterzgebirge zu erfassen und Maßnahmen zur Erhaltung durchzuführen wurde das Projekt „Erhaltung von *Malus sylvestris* unter *In-situ*-Bedingungen im Osterzgebirge“ (2007 – 2011) durchgeführt. Im Rahmen dieses Projektes wurden Wildapfelvorkommen im Osterzgebirge kartiert. Hybride und *M. sylvestris* Individuen wurden dabei zunächst aufgrund morphologischer Merkmale unterschieden. Als *M.*

sylvestris wurden Bäume eingestuft mit unbehaarten Blättern und Blüten bzw. kleinen, grünen Früchten. Zunehmende Blatt- und Blütenbehaarung oder rötliche Deckfarbe der Früchte wurde als Hybridmerkmal gedeutet. Zusätzlich wurden die Individuen genetisch untersucht und anhand von genetischen Markern einer als *M. sylvestris* oder Hybrid eingestuft. Durch In situ Erhaltungsmaßnahmen, wie die Freistellung von Wildapfelindividuen durch Freischnitt am Standort sowie 156 Nachpflanzungen mit Saatgut aus gelenkten Kreuzungen, wurde der Bestand in der Region stabilisiert. Darüber hinaus wurden 2010 zwei Sämlingssamenplantagen angelegt. Das dafür verwendete Saatgut wurde zum Teil durch gelenkte Kreuzungen zwischen ausgewählten Mutterbäumen und Pollen aus der Obstgenbank des Julius Kühn-Institut (Institut für Zuchtforschung an Obst) in Pillnitz erzeugt. Um eine höhere genetische Vielfalt auf den Samenplantagen zu erhalten, wurde zusätzlich Saatgut aus freier Abblüte von ausgewählten Mutterbäumen geerntet und verwendet. Die Anlage von Sämlingssamenplantagen wurde bewusst einer Plantage mit veredelten Individuen vorgezogen. Zwar stellen Samenplantagen mit veredelten Individuen sicher, dass von Anfang an artreine Klone in ausreichender Anzahl im Bestand vorhanden sind. Außerdem fruktifizieren veredelte Individuen aufgrund des höheren physiologischen Alters in der Regel früher als Sämlinge. Allerdings birgt das manuelle Veredeln und die folgende begleitende Kontrolle des Bestandes beispielsweise auf durchwachsende Unterlagen einen hohen Arbeitsaufwand. Der Vorteil von Sämlingssamenplantagen besteht darin, dass keine Reiserernte und manuelle Veredlung nötig sind. Durch die Anzucht aus dem gewonnenen Saatgut von ausgewählten Mutterbäumen kann eine hohe Anzahl an Individuen zur Verfügung gestellt werden. In Sämlingssamenplantagen kann so in der Regel eine höhere genetische Diversität erreicht werden. Allerdings besteht eine Unsicherheit bei der Artzugehörigkeit und Gefahr der Introgression durch Bestäubung von Kulturapfel Individuen im Umkreis der beernteten Mutterbäume. Dieser Umstand erfordert eine nachträgliche genetische Prüfung der Individuen der Sämlingssamenplantage um sie als echten Wildapfel oder Hybride klassifizieren zu können. Für die Artzuordnung wurden in der vorliegenden Studie Individuen von den Sämlingssamenplantagen in Oberfrauendorf und Klingenberg mittels Kernsatellitenmarkern genetisch charakterisiert und analysiert. Das Ziel war die Überführung der Flächen in produktive Samenplantagen.

2 Material und Methoden

2.1 Pflanzenmaterial

Beide Samenplantagen, Oberfrauendorf und Klingenberg, enthalten die gleichen 32 Versuchsglieder, von denen 22 freiabgeblühte Nachkommen definierter Wildapfel-Bäume enthalten und 10 die Nachkommen aus der gelenkten Kreuzung von je einem Wildapfel-Mutterbaum mit ein bis fünf Wildapfel-Pollenspendern. Die Plantage Oberfrauendorf besteht aus 128 Parzellen, also vier Wiederholungen jeder Nachkommenschaft, die Plantage Klingenberg aus 315 Parzellen (32 plus drei zusätzlichen Nachkommenschaften und je neun Wiederholungen). Jede Parzelle wurde ursprünglich mit 4 Individuen der jeweiligen Nachkommenschaft bepflanzt (REIM et al. 2013). Der Pflanzabstand betrug 3 m x 2 m.

Für die ersten Analysen wurden, soweit vorhanden, je 2 Pflanzen pro Parzelle berücksichtigt. Die Auswahl erfolgte vor Ort basierend auf der Art- und Vitalitätsbonitur durch die Grüne Liga Osterzgebirge so, dass möglichst von den morphologisch als Wildapfel angesprochenen Pflanzen einer Parzelle die beiden vitalsten beprobt wurden. Waren solche Proben nicht vorhanden, wurde auf die Individuen ausgewichen, die dem am nächsten kamen. Die ersten Beprobungen wurde im August 2017 in Oberfrauendorf bzw. Frühsommer 2018 in Klingenberg durchgeführt. Dabei wurden Blätter der Bäume für die Analyse verwendet.

In allen Parzellen in denen nur ein oder kein echtes Wildapfelindividuum bei der ersten Analyse identifiziert wurde, wurden im Dezember 2021 bzw. Februar 2022, soweit vorhanden, die anderen Bäume ebenfalls beprobt. Hier wurden die Knospen gesammelt. Zusätzlich wurden in Klingenberg Randbäume beprobt. Dabei handelt es sich um Wildapfelsämlinge, die nach der Anlage der Sämlingssamenplantage noch zur Verfügung standen und in direkter Nachbarschaft zu den Parzellen gepflanzt wurden. Es handelt sich bei diesen Individuen also auch um potentielle Wildäpfel, die Mutterbäume sind für diese Randbäume jedoch nicht dokumentiert. Insgesamt wurden so 1021 Individuen genetisch analysiert.

2.2 Genetische Analyse

Für die genetische Analyse wurden 9 verschiedenen Kern-Mikrosatelliten Marker verwendet (Tabelle 1). Die DNA der ersten Proben wurde durch die Firma LGC Genomics Berlin extrahiert. Die DNA-Extraktion der Proben aus dem Winter 2021/2022 wurde mit dem C16 (Analytik Jena) und dem Kit (Innuscreen) durchgeführt. Die PCR wurde in 3 Multiplexen angesetzt. Die Fragmentanalyse erfolgte im CEQ von Beckman Coulter. Die Auswertung der Fragmentdaten wurde mithilfe des Programms Genome Lab™ GeXP von Beckman Coulter durchgeführt.

Tabelle 1: Verwendete Kernmikrosatellitenmarker für die genetische Analyse.

Marker	Länge [bp]	Quelle
CH01H01	111 - 141	LIEBHARD et al. (2002)
CH04C07	96 - 136	LIEBHARD et al. (2002)
CH01H10	86 - 140	LIEBHARD et al. (2002)
Hi02C07	96 - 148	SILFVERBERG-DILWORTH et al. (2006)
GD147	133 - 157	HOKANSON et al. (1998)
CH01F03b	138 - 180	LIEBHARD et al. (2002)
GD12	141 - 193	HOKANSON et al. (1998)
CH01F02	160 - 210	LIEBHARD et al. (2002)
CH02C09	234 - 258	LIEBHARD et al. (2002)

2.3 Artzuordnung und populationsgenetische Analysen

Aufgrund fehlender artspezifischer Allele erfolgte die Unterscheidung zwischen „echten Wildapfel“ und Hybriden durch den Vergleich genetischer Strukturen mithilfe des Programms Structure 2.3.4. Die als Wildapfel-Kandidaten untersuchten Individuen werden einem künstlichen Kollektiv „Wildapfel“ zugeordnet und gegen das Kollektiv „Kulturapfel“ geprüft, das eine Zusammenstellung von 17 in Sachsen häufig verwendeten Apfelsorten und je einer Probe *M. floribunda* und *M. robusta* beinhaltet. Mit Hilfe des Programms STRUCTURE 2.3.4, Modell POPINFO, wird für die Genotypen jeder einzelnen Probe die Wahrscheinlichkeit der richtigen Gruppenzuordnung geschätzt (PRITCHARD et al. 2000, 2009). Dabei erfolgt die relative Zuordnung aller Individuen aus diesen Kollektiven zu potentiellen Populationen. Mit einer modellbasierten Bayesischen Clusteranalyse werden für alle Genotypen genetische Mischungsanteile quantifiziert, auf deren Grundlage sie individuell entweder *M. × domestica* oder *Malus sylvestris* zugeordnet werden. Für die Analyse wurden folgende Annahmen zugrunde gelegt: Zwischen den Populationen herrscht genetischer Austausch („admixture model“) und die Allelhäufigkeiten korrelieren („correlated allele frequency model“). Die vermutete Populationszugehörigkeit wird im Modell berücksichtigt („use pop info“). Die Schätzung basiert auf dem Mittelwert aus zehn Iterationen, die jeweils aus 50.000 „burn in“-Schritten und 100.000 Schritten zur eigentlichen Simulation bestanden. Nach den resultierenden Wahrscheinlichkeiten für die richtige Zuordnung zum Kollektiv „Wildapfel“ wurden die untersuchten Individuen in Kategorien eingeteilt (Tabelle 2). Das Ziel war nur untersuchte Individuen, die mit einer Wahrscheinlichkeit $p > 0,95$ der Gruppe „Wildapfel“ zuzuordnen sind, in den Plantagen zu belassen.

Tabelle 2: Schema für die Artzuordnung und Einteilung in Kategorien (echter Wildapfel, Hybrid oder Kulturapfel) der potentiellen Wildapfel Individuen. Maß für die Zuordnung ist die durch das Programm STRUCTURE 2.3.4 berechnete Wahrscheinlichkeit (p). p gibt an, mit welcher Wahrscheinlichkeit ein Individuum zum Kollektiv „Wildapfel“ zuzuordnen ist.

Kategorie	p (Kollektiv „Wildapfel“)	Art
echter Apfel > 0,99	$p > 0,99$	Wildapfel
echter Apfel > 0,95	$0,99 \geq p > 0,95$	Wildapfel
Hybrid > 0,90	$0,95 \geq p > 0,90$	kein Wildapfel
Hybird > 0,50	$0,90 \geq p > 0,50$	kein Wildapfel
Kulturapfel	$0,50 \geq p$	kein Wildapfel

2.4 Genetische Variation

Nach Ausschluss aller Nachkommen, deren Wahrscheinlichkeit, zur Gruppe „Wildapfel“ zu gehören $p > 0,95$ beträgt, wurden zunächst die verbleibenden Nachkommenschaften als Teilpopulationen betrachtet und mithilfe des Programms GenAlEx populationsgenetisch beschrieben. Dann wurden die verbleibenden Plantagen-Kollektive als Populationen zusammengefasst, da sie die zukünftigen Bestäubungseinheiten bilden sollen, und mit den regionalen Vorkommen des Osterzgebirges verglichen. Das Kollektiv „Kulturapfel“ aus 17 Kulturapfelsorten und 2 Vertretern anderer Arten wird in den Abbildungen mit „Kulturform“ bezeichnet.

3 Ergebnis

Von den insgesamt 1021 analysierten Individuen wurden 798 als echte Wildäpfel und 223 als Hybride identifiziert (Abb. 1). Nachkommenschaften beginnend mit „VG“ und „ID“ stammen aus freier Abblüte und wurden von ausgewählten Mutterbäumen gewonnen. Die Nachkommenschaften beginnend mit „MAL“ stammen aus gelenkten Kreuzungen. Neben 66 Randbäumen wurden pro Nachkommenschaft mindestens 18 (VG34 und VG35) und maximal 41 (ID305) Individuen analysiert.

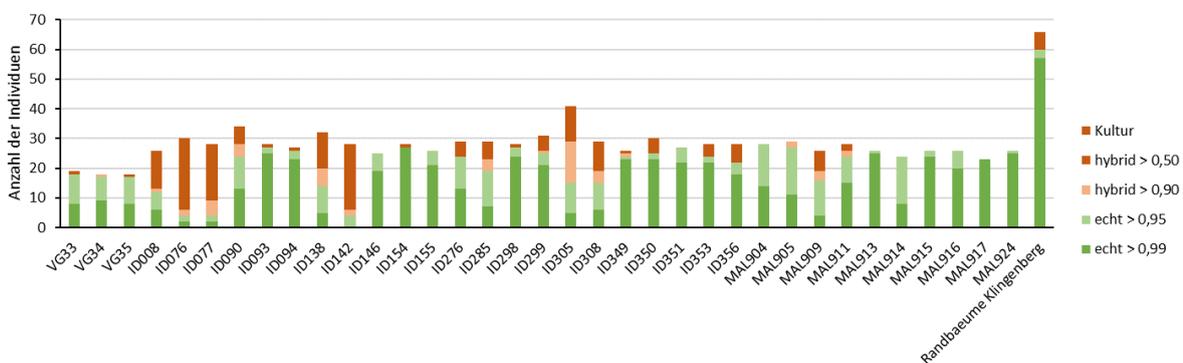


Abb. 1: Verteilung der Artkategorien für die einzelnen Nachkommenschaften auf den Flächen Klingenberg und Oberfrauendorf über alle analysierten Individuen.

Der Anteil von echten Wildapfel-Pflanzen schwankte stark zwischen den Nachkommenschaften. Während für einige Nachkommenschaften alle analysierten Individuen als echte Wildäpfel eingestuft wurden, zeigten einige einen sehr hohen Anteil an Hybriden. Den höchsten Anteil an Hybriden unter den untersuchten Individuen wurden bei den Nachkommenschaften ID076, ID077 und ID142 (87% oder 86% bzw. 26 oder 24 Individuen)

beobachtet Da bei diesen Nachkommenschaften davon auszugehen war, dass entgegen der Einordnung anhand morphologischer Merkmale der Mutterbaum genetisch einen hohen Kulturapfelanteil trägt, wurden alle Individuen dieser Nachkommenschaften von den Flächen entfernt. Wie erwartet wurden bei den Nachkommenschaften der gelenkten Kreuzungen sehr wenige Hybrid-Individuen identifiziert. Allerdings wies MAL909 mit 62 % (16 Individuen) einen zu geringen Anteil an echten Wildäpfeln auf. Daher wurden ebenfalls alle Individuen diese Nachkommenschaft von den Flächen entfernt.

Von allen anderen Nachkommenschaften wurden pro Parzelle alle als Hybriden identifizierten oder nicht analysierten Individuen entfernt, so dass pro Parzelle maximal 2 Individuen auf den Flächen verblieben. Standen in einer Parzelle mehr als 2 als echte Wildäpfel identifizierte Bäume, so wurden die mit augenscheinlich besserem Wuchs oder besserer Vitalität auf der Fläche belassen.

Durch diese Auswahl und den natürlichen Ausfall einiger Individuen standen im Jahr 2022 auf den Flächen 549 (Klingenberg, inklusive 60 Randbäume) bzw. 186 (Oberfrauendorf) Bäume, die als echte Wildäpfel eingestuft wurden.

3.1 Populationsgenetische Parameter

Die Wildapfel Nachkommenschaften zeigten eine geringe mittlere Allelzahl (N_a) im Vergleich zu den Kulturäpfeln (Abb. 2). Erwartungsgemäß weisen die Nachkommenschaften der gelenkten Kreuzungen durchschnittlich geringere Allelzahlen als die Nachkommenschaften aus freier Abblüte auf, da bei den gelenkten Kreuzungen wenige ausgewählte Individuen verwendet wurden. Jedoch ist der Unterschied bei der Anzahl der effektiven Allele (N_e) weniger deutlich. Bei den Kulturäpfeln wurden jeweils doppelt so hohe Werte für N_a und N_e beobachtet.

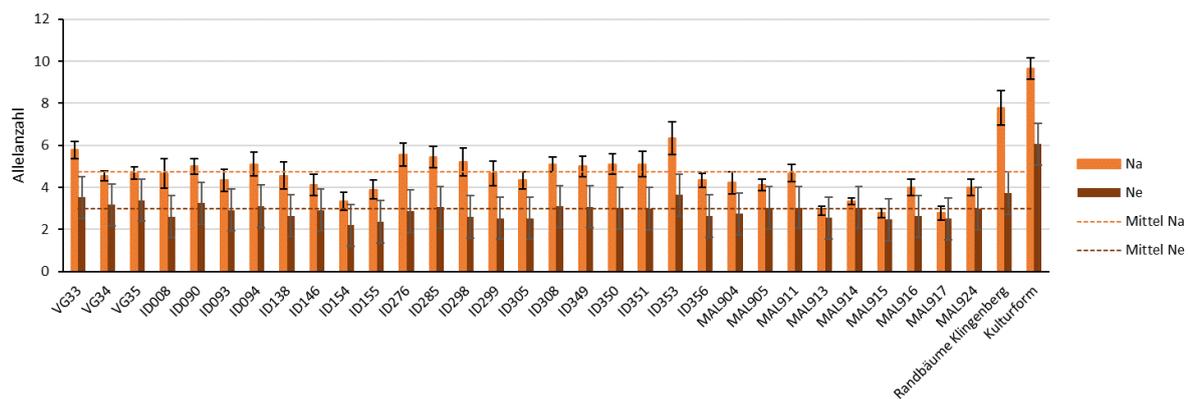


Abb. 2: Anzahl der festgestellten Allele (N_a) und effektive Allelzahl (N_e) im Mittel mit Standardabweichung über alle untersuchten Marker für alle Nachkommenschaften. Die gestrichelten Linien zeigen jeweils den Mittelwert für N_a bzw. N_e über alle Nachkommenschaften.

Alle Nachkommenschaften weisen eine hohe Heterozygotie auf (Abb.3). Die mittlere beobachtete Heterozygotie (H_o) der Nachkommenschaften über alle Marker liegt nur wenig unterhalb von den Kulturäpfeln. Für alle Nachkommenschaften und die Kulturäpfel wurde ein Heterozygotenüberschuss beobachtet. In acht Wildapfel Nachkommenschaften wurde jeweils ein privates Allel beobachtet (ID008, ID094, ID138, ID146, ID276, ID298, MAL915 und MAL924). Für das Kulturapfel-Kollektiv wurden drei Allele beobachtet, die in den Wildäpfeln nicht auftraten.

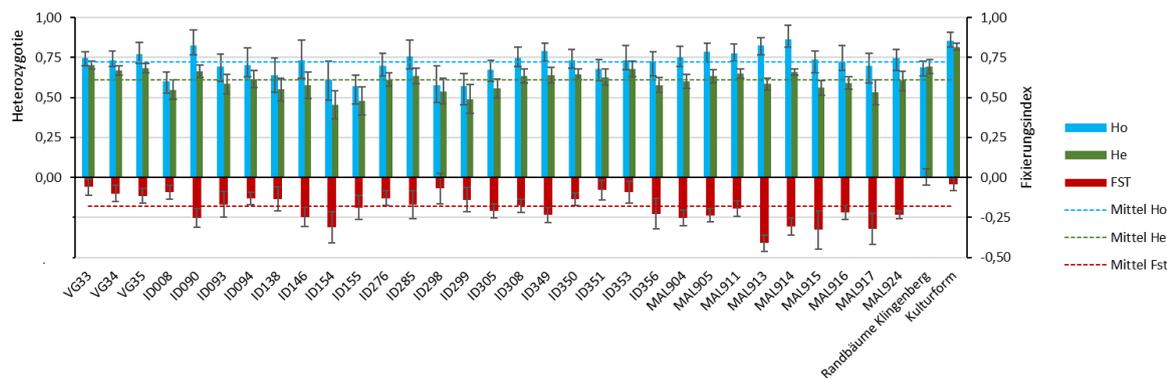


Abb. 3: Mittelwerte der Beobachteten (Ho) und erwarteten Heterozygotie (He) sowie des Fixierungsindex (Fst) mit Standardabweichung über alle untersuchten Marker für alle Nachkommenschaften. Die gestrichelten Linien zeigen jeweils den Mittelwert für Ho, He bzw. Fst über alle Nachkommenschaften.

Im Vergleich zu sächsischen Wildapfel Populationen wurden bei beiden Wildapfelplantagen ähnliche oder leicht geringere Werte für populationsgenetische Kenngrößen im Vergleich zu anderen sächsischen Wildapfelpopulationen ermittelt (Tabelle 3). Die durchschnittliche Anzahl der effektiven Allele (N_e) pro Marker liegen für die Samenplantagen jedoch unter dem Durchschnitt der anderen sächsischen Populationen. Darüber hinaus wurden auf den Flächen in Klingenberg und Oberfrauendorf 12 bzw. 3 private Allele beobachtet. Dies weist darauf hin, dass es bei Generhaltungsmaßnahmen trotz Verwendung von generativ erzeugtem Pflanzenmaterials und relativ hoher Individuenzahl die Gefahr von genetischer Drift besteht. Die populationsgenetische Charakterisierung der Flächen zeigt, dass die genetische Vielfalt und Diversität der sächsischen Wildapfelpopulationen zu einem großen Teil, jedoch nicht vollständig, erhalten werden kann.

Tabelle 3: Populationsgenetische Parameter zur Einschätzung der genetischen Diversität in den jeweils verbleibenden Kollektiven der beiden Samenplantagen (SPI) und weiteren *M. sylvestris*-Populationen in Sachsen (Abschlussbericht 2017). N: Anzahl verbliebener/untersuchter Individuen; Na: mittlere Anzahl unterschiedlicher Allele über alle Marker; Ne: mittlere Anzahl effektiver Allele über alle Marker ($= 1 / \sum p_i^2$ mit p_i : relative Häufigkeit des i . Allels); Ho: mittlere beobachtete Heterozygotie über alle Marker ($= \text{Anzahl der Heterozygoten} / N$); He: mittlere erwartete Heterozygotie über alle Marker ($= 1 - \sum p_i^2$); F: Mittelwert für Fixierungsindex über alle Marker ($= 1 - Ho / He$).

Population	N	Na	Ne	Ho	He	F
SPI Klingenberg	489	11	4,75	0,70	0,73	0,04
SPI Oberfrauendorf	185	8	4,05	0,77	0,72	-0,07
Bahretal	63	11	5,09	0,74	0,77	0,03
Osterzgebirge	87	15	5,41	0,75	0,77	0,02
Vogtland	14	7	3,94	0,73	0,72	-0,01
Leipzig	66	12	4,64	0,71	0,76	0,05
Torgau	8	7	4,92	0,81	0,75	-0,06

4 Diskussion

Die genetische Diversität der sächsischen Wildapfelpopulationen ist durch Introgression und Inseleffekte aufgrund von geringer Bestandsdichte stark gefährdet. Mit der Anlage der Samenplantagen im Rahmen des Projektes „Erhaltung von *Malus sylvestris* unter *In-situ*-Bedingungen im Osterzgebirge“ konnte eine große Anzahl

von *M. sylvestris* Individuen zusammengeführt auf zwei verschiedenen Flächen zusammengeführt werden. Die anschließenden genetischen Untersuchungen ermöglichten eine nachträgliche Identifizierung von Hybriden in den Beständen. Da für die Anlagen zur Regulierung des Standraumes mit zunehmendem Wachstum eine deutliche Reduktion der Pflanzenzahl vorgesehen war, konnten die als Hybriden eingestuften Individuen nachträglich gezielt von der Fläche entfernt werden. Die Populationen aus den verbliebenen Individuen weisen zwar leicht geringere Werte für Anzahl beobachteter Allele und effektiver Allele sowie für die beobachtete Heterozygotie auf, allerdings sind die Voraussetzungen für den Genaustausch zwischen den Individuen auf diesen Flächen aufgrund der hohen Anzahl an Bäumen weitaus besser als in natürlichen Populationen. Dort stehen die einzelnen Individuen teilweise in sehr großen Abständen. Die Samenplantagen stellen daher eine enorme Erleichterung für die Gewinnung und Bereitstellung von Saatgut dar. Auf den Flächen wurden keine speziellen Maßnahmen ergriffen, um Fremdbestäubung zu unterbinden. Eine Studie, die die Pollentransportdistanz bei Wildäpfeln analysierte, legt nahe, dass Selbstbestäubung und Hybridisierungen bei einer hohen Bestandsdichte nur sehr selten vorkommen (REIM et al. 2015). Aufgrund der notwendigen Auswahl von Individuen geht natürlicherweise ein Teil der genetischen Diversität der Ursprungspopulation auf den Samenplantagen verloren. Auch die beobachteten privaten Allele für die Populationen der Samenplantagen zeigen eine Gendrift in diesen Beständen. Für den Erhalt der genetischen Diversität von *M. sylvestris* ist daher der Schutz der natürlichen Bestände in situ weiterhin notwendig. Die Etablierung der beiden betriebsbereiten Samenplantagen trägt jedoch maßgeblich zum Erhalt des Wildapfels im Osterzgebirge bei. Darüber hinaus ist die Anlage der Samenplantagen als Modell auch auf andere Wildobstarten übertragbar, die ebenfalls aufgrund geringer Bestandsdichten gefährdet sind.

Referenzen

- Abschlussbericht zum Modell- und Demonstrationsvorhaben „Erhaltung von *Malus sylvestris* unter *In-situ*-Bedingungen im Osterzgebirge“ (2011): <http://www.wildapfel.info/downloads/2011-abschlussbericht.pdf>
- Abschlussbericht „Erhaltung der innerartlichen Vielfalt gebietsheimischer Wildobstarten in Sachsen“ (2017); https://service.ble.de/ptdb/index2.php?detail_id=22852&site_key=141&stichw=Erhaltung+der+innerartlichen+Vielfalt+gebietsheimischer+Wildobstarten+in+Sachsen&zeilenzahl_zaehler=372&NextRow=90#newContent
- CORNILLE A, GLADIEUX R, SMULDERS MJM, ROLDAN-RUIZ I, LAURENS F et al. (2012): New Insight into the History of Domesticated Apple: Secondary Contribution of the European Wild Apple to the Genome of Cultivated Varieties. *PLoS Genet* 8(5): e1002703. Doi:10.1371/journal.pgen.1002703
- CORNILLE A, GIRAUD T, SMULDERS MJM, ROLDAN-RUIZ I, GLADIEUX P (2013): The domestication and evolutionary ecology of apples. *Trends in Genetics* 30(2):57-65. Doi: 10.1016/j.tig.2013.10.002
- CORNILLE A, FEURTEY A, GÉLIN U, ROPARS J, MISVANDERBRUGGE K, GLADIEUX R, GIRAUD T (2015): Anthropogenic and natural drivers of gene flow in a temperate wild fruit tree: A basis for conservation and breeding programs in apples. *Evol. Appl.* 8:373-384.
- HOKANSON SC, LAMBOY WF, SZEWC-MCFADDEN AK, MCFERSON JR (2001): Microsatellite (SSR) markers reveal genetic identities, genetic diversity and relationships in a *Malus x domestica* borkh. core subset collection. *Euphytica* 118(3). DOI:10.1023/A:1017591202215
- JANSSEN G (2019): Der Wildapfel (*Malus sylvestris*) – eine schutzbedürftige Kostbarkeit alter Wälder in Schleswig-Holstein. *Natur- und Landeskunde* 126: 15-28.
- LARSEN AS, JENSEN M, KJÆR ED (2008): Crossability Between Wild (*Malus sylvestris*) and Cultivated (*M. x domestica*) Apples. *Silvae Genetica* 57 (3):127-130. DOI:10.1515/sg-2008-0019
- LIEBHARD R, GIANFRANCESCO L, KOLLER B, DUNSDON CD, TARCHINI R, VAN DE WEG E, GESSLER C (2002): Development and characterization of 140 new microsatellites in apple (*Malus x domestica* Borkh.). *Molecular Breeding* 10 (4). DOI:10.1023/A:1020525906332
- PRITCHARD JK, STEPHENS M, DONNELLY P (2000): Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155: 945-959
- PRITCHARD JK, WEN X, FALUSH D (2009). Documentation for Structure Software: Version 2.3.

REIM S, PROFT A, HEINZ S, HÖFER M (2013): Conservation measures for *Malus sylvestris* in the East Ore Mountains, Germany. *forstarchiv* 84: 144-151. DOI 10.4432/0300-4112-84-144.

REIM S, PROFT A, HEINZ S, LOCHSCHMIDT F, HÖFER M, TRÖBER U, WOLF H (2015): Pollen movement in a *Malus sylvestris* population and conclusions for conservation measures. *Plant Genetic Resources* 15: 12-20.
Doi:10.1017/S1479262115000301

SILFVERBERG-DILWORTH E, MATASCI CL, VAN DE WEG WE, VAN KAAUWEN MPW, WALSER M, KODDE LP, SOGLIO V, GIANFRANCESCHI L, DUREL CE, COSTA F, YAMAMOTO T, KOLLER B, GESSLER C, PATOCCHI A (2006): Microsatellite markers spanning the apple (*Malus x domestica* Borkh.) genome. *Tree Genetics and Genomes* 2 (4): 202-224. DOI 10.1007/s11295-006-0045-1

Autorinnen und Autor

JAKOB QUEGWER, UTE TRÖBER
Staatsbetrieb Sachsenforst, Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Str. 34,
01796 Pirna OT Graupa,
Kontakt: jakob.quegwer@smekul.sachsen.de

ANKE PROFT
Grüne Liga Osterzgebirge e. V., Große Wassergasse 9, 01744 Dippoldiswalde

STEFANIE REIM, MONIKA HÖFER
Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an Obst, Pillnitzer Platz 3a, 01326 Dresden

Das Potential des Spitz-Ahorns besser nutzen: Einblicke in die Pflanzenanzucht für die Anlage von Feldversuchen

CORNELIA BÄUCKER, HEIKE LIESEBACH, MIRKO LIESEBACH

Zusammenfassung

Deutschlandweit hat der Spitz-Ahorn bis dato wenig Beachtung in der Forstwirtschaft erfahren, was sich z. B. im Fehlen von Herkunftsversuchen mit dieser Baumart widerspiegelt. Vor dem Hintergrund der Auswirkungen des Klimawandels ist die Art jedoch mehr in den Fokus des forstlichen Interesses gerückt, da der Spitz-Ahorn das Potential hat, manche ausfallende Baumart ersetzen zu können und generell als Mischbaumart zur Diversifizierung des Artenspektrums beiträgt.

Um die Anpassungsfähigkeit, Anbaueignung und Wuchsleistung des Spitz-Ahorns grundsätzlich besser beurteilen zu können, wird seit Januar 2020 das Projekt „SpitzAhorn“ gefördert. Vordringliches Projektziel ist die Errichtung einer Serie von Feldversuchen, die mit angezogenen Spitzahorn-Pflanzen verschiedener Herkünfte angelegt werden sollen. Obwohl die Beschaffung von Spitzahorn-Saatgut in den Jahren 2020 und 2021 aufgrund schlechter Fruktifikation schwierig war, gelang es, einzelbaumweise geerntetes Saatgut aus insgesamt 14 Population zu erhalten.

Datensätze der Pflanzenanzucht und zur Morphologie des Saatguts zeigen für verschiedene Variablen, z. B. Auflauftrate, Pflanzenhöhe oder Gesamtlänge der Teilfrüchte signifikante Unterschiede in Abhängigkeit von der Population und dem beernteten Einzelbaum. Die maternalen Effekte sind besonders in Hinblick auf die Errichtung der Feldversuche interessant.

Abstract

Making better use of the potential of Norway maple: Views on plant cultivation for the establishment of field trials

In Germany, Norway maple has received little attention in forestry to date as reflected, for example, by the lack of provenance trials with this tree species. However, given the effects of climate change the species has moved more into the focus of forestry interest, since Norway maple has the potential to replace some failing tree species and generally contributes as a mixed forest species to the diversification of the species spectrum.

For a better assessment of adaptability, suitability and growth performance of Norway maple, the project "SpitzAhorn" has been funded since January 2020. The primary project aim is the establishment of a series of field trials using Norway maple plants of various provenances. Although obtaining seeds of Norway maple was difficult in 2020 and 2021 due to poor fruiting, it was possible to receive seeds harvested from single trees from a total of 14 populations.

Datasets related to plant development and seed morphology show for several variables, e.g. germination rate, plant height or total length of fruits significant differences in dependency of the population and the individual tree harvested. These maternal effects are of particular interest with respect to field trial establishment.

1 Einleitung

Der Spitz-Ahorn (*Acer platanoides* L.) ist eine einheimische Baumart aus der Familie der Seifenbaumgewächse (*Sapindaceae*), die vom mittleren Europa bis zum Ural vorkommt. Im überwiegenden Teil des Verbreitungsgebietes wächst die Art als Mischbaumart in eher kleinen Populationen, im Osten hingegen ist sie bestandesbildend (CAUDULLO und DE RIGO 2016). Kennzeichnend für den Spitz-Ahorn ist eine weite Standort-Amplitude, die von nährstoffreichen, tiefgründigen, ausreichend wasserversorgten bis hin zu trockenen Böden reicht und auf eine hohe Anpassungsfähigkeit schließen lässt. Daneben verfügt die Baumart über ein gewisse

Trockenheitstoleranz (ROLOFF und PIETZARKA 2014; VAZ MONTEIRO et al. 2017) und toleriert Schatten (MARTIN und MARKS 2006).

In der deutschen Forstwirtschaft zählt der Spitz-Ahorn zu den Nebenbaumarten. Im Wirtschaftswald spielte er bis vor Kurzem eine äußerst untergeordnete Rolle, was sich u. a. im Fehlen von Herkunftsversuchen mit dieser Baumart in Deutschland widerspiegelt (LIESEBACH M und LIESEBACH H 2009). Deutschlandweit wurden für ihn vier Herkunftsgebiete ausgewiesen (BLE 2013): Norddeutsches Tiefland (800 01), Mittel- und Ostdeutsches Tief- und Hügelland (800 02), Südostdeutsches Hügel- und Bergland (800 03) und West- und Süddeutsches Bergland sowie Alpen und Alpenvorland (800 04). Vor dem Hintergrund der Auswirkungen des Klimawandels und im Zuge der Suche nach Alternativbaumarten ist das Interesse am Spitz-Ahorn aber enorm gestiegen, da der Spitz-Ahorn manche ausfallende Baumart, wie z. B. die Esche ersetzen könnte und generell als Mischbaumart zur Diversifizierung des Artenspektrums beiträgt. Mittlerweile zählt der Spitz-Ahorn zu den neun Baumarten, die als relevante und zukunftssträchtige Baumarten im Klimawandel erachtet werden (LIESEBACH M et al. 2021) und wird als alternative Baumart im Klimawandel beschrieben (DE AVILA et al. 2021).

Seit 2020 forscht das Thünen-Institut im sog. Projekt „SpitzAhorn“ (Fkz.: 22040618) zu dieser Baumart. Vordringliches Ziel des Projekts ist die Anlage von Feldversuchen in verschiedenen Gebieten Deutschlands, wobei neben Bestandesabsaaten auch Einzelbaumnachkommenschaften geprüft werden sollen (LIESEBACH M et al. 2021). Des Weiteren beinhaltet das Projekt die Aufgaben zur Saatgutbeschaffung aus dem gesamten Verbreitungsgebiet, die Pflanzenanzucht bei gleichzeitiger Erhebung von Daten zu Wachstum und Entwicklung sowie ein umfangreiches populationsgenetisches Arbeitspaket, das den Genfluss in Populationen und auch die Einkreuzung gartenbaulich verwendeter Spitzahorn-Sorten in natürliche Populationen untersucht. Im Folgenden werden erste Ergebnisse aus den Pflanzenanzuchtjahren 2020 und 2021 dargestellt.

2 Material und Methoden

2.1 Beerntete Populationen

Die Saatgutbeschaffung in 2020 und 2021 gestaltete sich schwierig, da beide Jahre äußerst schlechte Erntejahre für den Spitz-Ahorn waren. Im Frühjahr 2020 kam es in weiten Teilen Deutschlands zu Spätfrösten, sodass der Behang vor allem in Bayern, Baden-Württemberg, Schleswig-Holstein und teilweise Brandenburg deutlich unterdurchschnittlich ausfiel. Im Reifejahr 2021 zeigte der Spitz-Ahorn erneut eine geringe Fruktifikation, da er wie viele andere Baumarten gar nicht oder nur schwach blühte (SCHNECK 2021).

Trotzdem gelang es bis zum Frühjahr 2022 aus insgesamt 16 Populationen Saatgut zu erhalten (Abb. 1). Mit Ausnahme einer Saatguteinsammlung aus Ungarn (Abb. 1, Nr. 9, Kategorie „Quellengesichert“) wurde das Saatgut in allen anderen Populationen einzelbaumweise von mindestens zehn Bäumen pro Population geerntet. Da der Zeitpunkt der Ernte in den Populationen verschieden war, unterschied sich das Saatgut hinsichtlich des Reifegrades. So fand im Erntebestand Neuzelle (Abb. 1, Nr. 2) eine Grünernte statt, in den übrigen Populationen gab es eine Braunernte. Transportdauer und zeitlicher Eingang des Saatguts am Institut waren ebenfalls sehr verschieden. So kam das in 2021 geerntete Saatgut aus den russischen Populationen 13 – 17 erst im Frühjahr 2022 an. Diese russischen und alle weiteren Saatguteingänge im Jahr 2022, einem Erntejahr in dem der Spitz-Ahorn in vielen Teilen Deutschlands eine gute bis sehr gute Fruktifikation zeigte, werden hier nicht betrachtet und sind Bestandteil der weiteren Forschungen im Projekt. Erwähnt sei, dass Saatgut mit Reifejahr 2022 aus insgesamt 20 Populationen einging (Inland: 11 x einzelbaumweise geerntet, Ausland: 6 x einzelbaumweise geerntet, 3 x Bestandesabsaat).

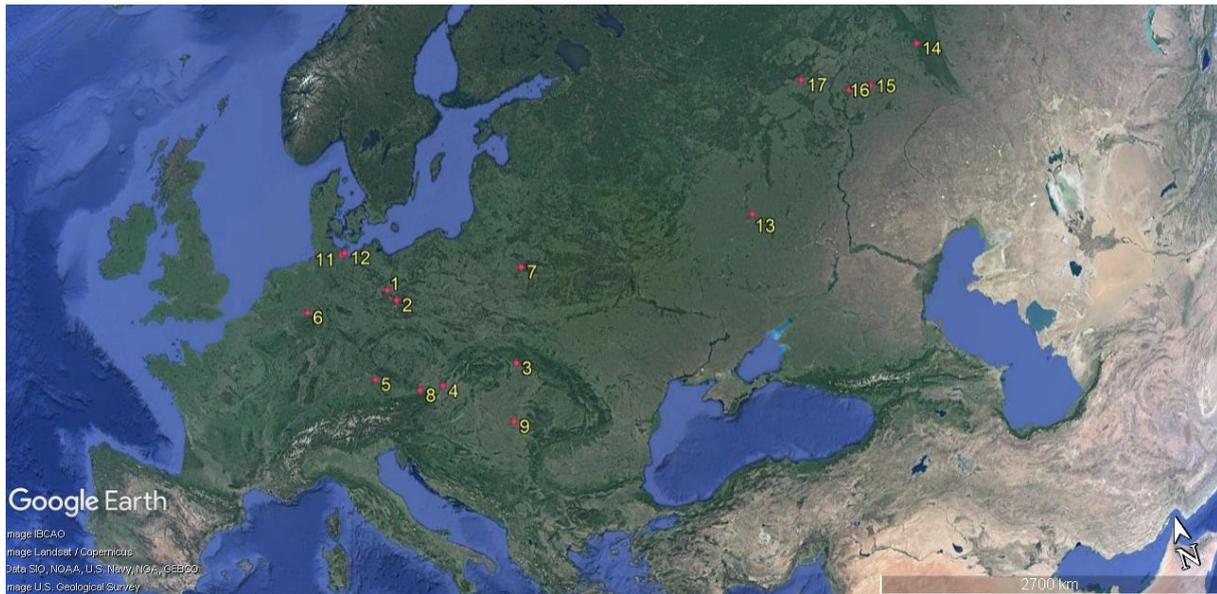


Abb. 1: Geographische Lage der beernteten Populationen von *Acer platanoides* im Projektzeitraum 2020 bis 2021. Population Nr. 10 (nicht dargestellt, da eine im Aufbau befindliche Samenplantage) wurde genetisch untersucht und lieferte kein Saatgut. In Tabelle 1 sind nähere Angaben zu den Populationen zu finden. Die Karte wurde erstellt mit *Google Earth Pro*, Download 2022.

2.2 Datensätze

Saatgutvermessung

Grund für die Saatgutvermessung war die Beobachtung, dass sich die Früchte der einzelbaumweise geernteten Saatgutproben in Form und Größe unterschieden. Es lag die Vermutung nahe, dass diese, mit bloßem Auge erkennbaren Unterschiede signifikant sind. Daher wurden im Jahr 2021 vor der Aussaat des Saatguts aus den beiden schleswig-holsteinischen Populationen Kellenhusen (Nr. 12) und Bordesholm (Nr. 11) jeweils 30 Spaltfrüchte pro beerntetem Einzelbaum vermessen. Wie in Abbildung 2 illustriert, wurden je Teilfrucht drei Variablen erfasst: i) gesamte Teilfruchtlänge, ii) Flügellänge und iii) Flügelbreite.



Abb. 2: Übersicht zu den Variablen, die bei der Saatgutvermessung aufgenommen wurden. Von links nach rechts: gesamte Teilfruchtlänge, Flügellänge, Flügelbreite (Foto: U. STRAßBURG-KÄBLER).

Aussaat und Pflanzenanzucht

Saatgut aus 2020: Im Frühjahr 2021 wurde Saatgut aus acht Populationen (Tab. 1, Nr. 2 – 9, Erntejahr 2020) ausgesät. Eine Stratifikation war nur für die Saatgutproben aus sieben Populationen notwendig, da das Saatgut aus Ungarn (Nr. 9) bereits stratifiziert geliefert wurde. Alle übrigen Saatgutpartien, die als Einzelbaumabsaaten vorlagen, wurden am Thünen-Institut stratifiziert. Zu Beginn der Stratifizierung wurde das Saatgut einzelbaumweise in perforierte Plastiksäckchen verpackt und für 24 Stunden unter Sauerstoffzufuhr gewässert. Anschließend wurde das Saatgut im Kühlkeller bei 4 °C zur Keimung gebracht, weil aus der Literatur (SCHUBERT 1998) bekannt war, dass der Spitz-Ahorn zur Keimung kühle und dunkle Bedingungen benötigt. Da keine Erfahrungen vorlagen, wurden drei Methoden der Stratifizierung ausprobiert: i) Früchte in Schalen auf Filterpapier, Schale luftdicht verschlossen, ii) Früchte in Schalen auf Filterpapier, Schale mit Belüftung und iii) Früchte in Schalen mit Erde/Kiesgemisch bedeckt. Letztere Methode in Schalen mit Erde/Kiesgemisch stellte sich als vorteilhaft heraus, da hier das Wachstum von Pilzen im Vergleich zu den anderen beiden Varianten verzögert auftrat. Bei Austritt der Keimwurzel aus dem Samen wurde der Same als gekeimt bewertet. Das gekeimte Saatgut wurde in 24er-Container (Containergröße mit 24 Quick Pots) ausgesät.

Tabelle 1: Übersicht über die Populationen, aus denen Saatgut im Projekt „SpitzAhorn“ bis Ende 2021 zur Verfügung stand. Die Nr. 10 fehlt, da sie für die noch nicht zugelassene Samenplantage „Exin“ (Bundesland Brandenburg) vergeben wurde.

Nr.	Name bzw. nächster Ort	Land	Register-Nr.	Fläche ha (reduziert)	Saatgut	Autochthonie
1	Waldsiefersdorf	DE	12 3 800 02 010 3	0,15	Einzelbaum	Samenplantage
2	Neuzelle	DE	12 3 800 02 002 2	0,91	Einzelbaum	unbekannt
3	Kusín	SK	apl213HE-002	1,84	Einzelbaum	autochthon
4	Jablonové	SK	apl214MA-001	0,97	Einzelbaum	autochthon
5	Spitzenberg	DE	091 800 03 002 2	0,3	Einzelbaum	autochthon
6	Salzkotten	DE	052 800 01 001 2	0,4	Einzelbaum	autochthon
7	Hajnówka	PL	MP/1/47811/08	5,24 total	Einzelbaum	autochthon
8	St. Pölten	AT	keine	ca. 5 total	Einzelbaum	k. A.
9	Gyulai	HU	HU/ACPL-12-612005	4,9 total	Bestand	autochthon
11	Bordesholm	DE	011 800 01 001 3	1,6	Einzelbaum	Samenplantage
12	Kellenhusen	DE	011 800 01 001 2	1,4	Einzelbaum	nicht autochthon

Allgemein hatten Stratifizierung und Aussaat des Saatguts aus dem Erntejahr 2020 eher den Charakter einer Vorstudie, sodass eine statistische Auswertung der Auflaufzeiten schwierig ist. Neben den verschiedenen Methoden der Stratifizierung war die Anzahl der pro Einzelbaum ausgesäten Container (3 – 10 Stück) aufgrund der jeweils zur Verfügung stehenden Saatgutmenge unterschiedlich. Außerdem standen die Container aus Gründen der praktischen Realisierbarkeit in der ersten Anzuchtphase nach Populationen gruppiert in einem Rollgewächshaus. Dort wurde die Anzahl der aufgelaufenen Keimlinge von der 14. bis 21. Kalenderwoche (KW) dokumentiert. Das spätere Wachstum erfolgte unter Freilandbedingungen in der Baumschule, zunächst im Container und anschließend verschult im Beet. Dort wurde als Parameter für das Wachstum die 1-jährige Pflanzhöhe gemessen.

Saatgut aus 2021, experimentelles Design: Das Saatgut aus der Samenplantage Bordesholm (Nr. 11) und dem Erntebestand Kellenhusen (Nr. 12) wurde zeitgleich im Herbst 2021 und unter gleichen Bedingungen in 60er-Container ausgesät. Um eine natürliche Stratifikation zu erreichen, überwinterten die mit Vlies abgedeckten Container unter Freilandbedingungen in der Baumschule. Im Frühjahr wurden die Container ins Gewächshaus gebracht, wo die Pflanzen in einem Versuchsdesign herangezogen wurden (Abb. 3). Der Versuch hatte ein faktorielles Design mit den Faktoren „Population“ (2) und „Einzelbaum“ (21). Pro Einzelbaum gab es vier

Replikate und die Container standen vollständig randomisiert. In der 19. KW wurde die Variable „Pflanzenhöhe“ bestimmt, in der 26. KW wurden die Pflanzen ins Baumschulbeet gepflanzt.



Abb. 3: Pflanzenanzucht im experimentellen Design im Projekt „SpitzAhorn“, Gewächshaus Waldsiefersdorf, Mai 2022 (Foto: C. BÄUCKER).

2.3 Auswertung

Die statistischen Berechnungen und Grafiken wurden mit der Open-Source-Software R erstellt (R Core Team 2022). Die Analyse der zumeist numerischen Variablen erfolgte unter Verwendung eines linearen Modells, formuliert wie folgt: $\text{model} \leftarrow \text{lm}(y \sim \text{Population} + \text{Einzelbaum})$. Dabei wurde die jeweilige Variable y in Abhängigkeit der Haupteffekte „Population“ und „Einzelbaum“ (= beerntete Mutter) getestet. Wenn nötig, wurden die Variablen transformiert, um den Voraussetzungen für Normalität und Varianzhomogenität zu entsprechen. Für Prozentwerte, wie z. B. Auflauftrate, wurde ein generalisiertes lineares Modell (glm) ebenfalls in Abhängigkeit der Faktoren „Population“ und „Mutter“ gerechnet, wobei bei Vorliegen von Überdispersion das glm mittels `family = quasibinomial` korrigiert wurde.

Die Ermittlung der p -Werte für die getesteten Faktoren erfolgte im linearen Modell mittels ANOVA() bzw. im glm über die `anova()` Funktion in R. Zeigte sich ein signifikanter p -Wert (< 0.05), wurde das R package `emmeans` für Post-Hoc-Vergleiche verwendet und ein Vergleich der adjustierten Mittelwerte vorgenommen. Signifikante Unterschiede zwischen Gruppen sind in den Grafiken durch die Angabe unterschiedlicher Buchstaben herausgestellt.

3 Ergebnisse

3.1 Saatgutvermessung

Für die gemessenen Variablen (Abb. 2) zeigte sich, dass diese eine hohe Korrelation zueinander aufwiesen. Es wurden folgende Korrelationskoeffizienten ($= r$) ermittelt:

$r = 0,88$ für die Korrelation von Gesamtruchtlänge zu Flügellänge

$r = 0,74$ für die Korrelation von Gesamtruchtlänge zu Flügelbreite

$r = 0,71$ für die Korrelation von Flügellänge zu Flügelbreite

Bei der statistischen Analyse der Werte übten sowohl der Faktor „Population“ als auch der Faktor „Einzelbaum“ auf alle Messvariablen einen signifikanten Einfluss aus (Tab. 2).

Tabelle 2: Übersicht über die statistischen Ergebnisse für die Variablen der Saatgutvermessung und der Pflanzenhöhe in der 19. KW. Anhand der transformierten Messwerte (Logarithmus) wurde ein lineares Modell: $\text{model} \leftarrow \text{lm}(y \sim \text{Population} + \text{Einzelbaum})$ gerechnet; p-Werte kleiner 0,05 sind signifikant. Abkürzung df = Freiheitsgrad.

Variable	Faktor	df	Mittleres Quadrat	F-Wert	p-Wert
lg(Gesamtlänge)	Population	1	0,34988	339,241	< 2,2e-16
	Einzelbaum	19	0,02551	24,735	< 2,2e-16
lg(Flügellänge)	Population	1	0,70237	391,438	< 2,2e-16
	Einzelbaum	19	0,04402	24,533	< 2,2e-16
lg(Flügelbreite)	Population	1	0,89674	457,194	< 2,2e-16
	Einzelbaum	19	0,04935	25,159	< 2,2e-16
lg(Pflanzenhöhe 19. KW)	Population	1	3,9596	709,202	< 2,2e-16
	Einzelbaum	19	0,2067	37,028	< 2,2e-16

Der signifikante Einfluss des Faktors Population stellte sich so dar, dass die Ahornfrüchte aus dem Erntebestand Kellenhusen signifikant länger und auch signifikant breiter waren als die Früchte aus der Samenplantage Bordesholm. Tabelle 3 verdeutlicht die jeweils höheren Werte für Kellenhusen.

Tabelle 3: Mittelwerte (MW) verschiedener Variablen für die Populationen Kellenhusen und Bordesholm zur Veranschaulichung des signifikanten Effekts des Faktors „Population“. Abkürzung SD = Standardabweichung.

Variable	Kellenhusen MW \pm SD	Bordesholm MW \pm SD
Gesamtlänge (Teilfrucht)	47,2 \pm 4,58 mm	42,4 \pm 3,86 mm
Flügellänge	33,1 \pm 4,28 mm	28,4 \pm 3,35 mm
Flügelbreite	15,7 \pm 1,69 mm	13,3 \pm 1,93 mm
Keimungsrate	68,9 \pm 13,9 %	54,3 \pm 18,4 %
Pflanzenhöhe 19. KW	5,62 \pm 0,99 cm	4,77 \pm 0,85 cm

Wie die Abbildungen 4 und 5 zeigen, gab es auch innerhalb der Populationen deutliche Unterschiede in der Saatgutmorphologie. So hatte im Kellenhusener Erntebestand der als KH06 bezeichnete Baum die kürzesten und schmalsten Früchte, der Baum KH08 hingegen die längsten Früchte, welche auch breit waren. In der Stichprobe aus Bordesholm hatte der mit dem Kürzel SH02 benannte Baum die Früchte mit der geringsten Gesamtlänge, die gleichzeitig auch sehr schmal waren.

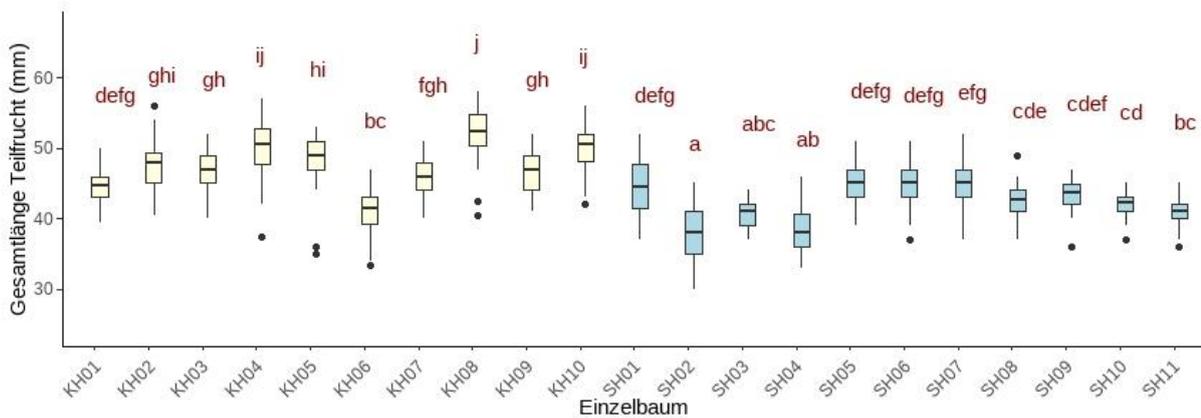


Abb. 4: Boxplot-Darstellung zum signifikanten Effekt des Faktors „Einzelbaum“ auf die Variable „Gesamtlänge der Teilfrucht“. Unterschiedliche Buchstaben über den Boxplots zeigen signifikante Unterschiede an. Farben: gelb = Kellenhusen, blau = Bordesholm.

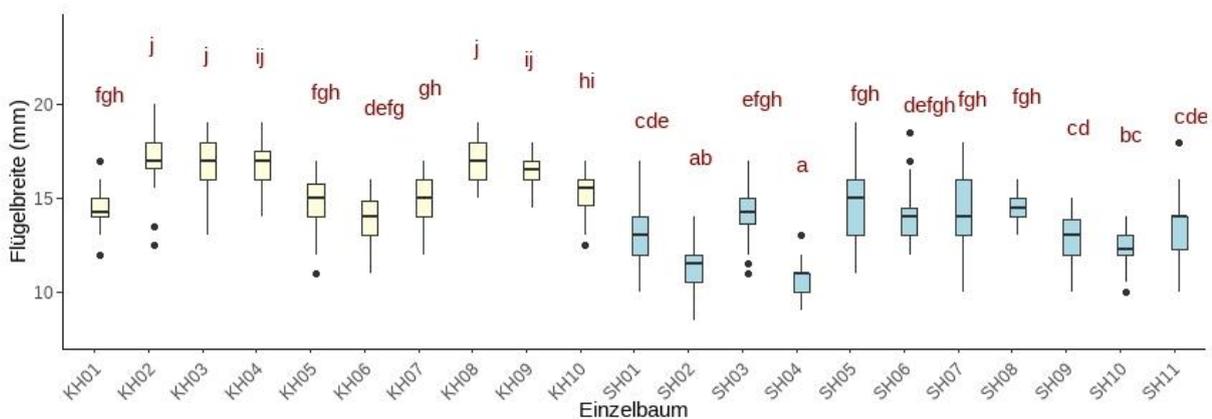


Abb. 5: Boxplot-Darstellung zum signifikanten Effekt des Faktors „Einzelbaum“ auf die Variable „Flügelbreite“. Unterschiedliche Buchstaben über den Boxplots zeigen signifikante Unterschiede an. Farben: gelb = Kellenhusen, blau = Bordesholm.

3.2 Erntejahr 2021, Auflafraten und Wachstum

Wie in Tabelle 3 aufgeführt, fiel die Keimungsrate für das Saatgut aus Kellenhusen höher aus im Vergleich zum Saatgut aus Bordesholm. Der Unterschied war mit einem p -Wert = $3,921e-10$ signifikant. Der Faktor „Einzelbaum“ beeinflusste die Keimungsrate des Saatguts ebenfalls signifikant, p -Wert $< 2,2e-16$. In Abbildung 6 sind die starken Unterschiede in den Auflafraten in Abhängigkeit von der Mutter, von der das Saatgut stammte, dargestellt. Im Erntebestand Kellenhusen hatte z. B. der hier als KH04 bezeichnete Baum die höchste, der mit KH05 benannte Baum die geringste Auflafrate.

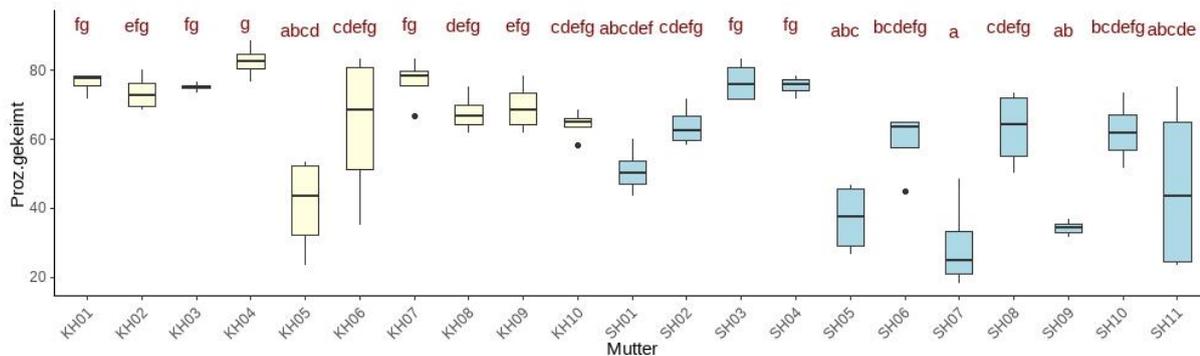


Abb. 6: Boxplot-Darstellung zum signifikanten Einfluss des Faktors „Einzelbaum“ (= Mutter) auf die Auflafrate in Prozent. Unterschiedliche Buchstaben über den Boxplots zeigen signifikante Unterschiede an. Farben: gelb = Kellenhusen, blau = Bordesholm.

Insgesamt keimten bei der Aussaat des Saatguts aus Kellenhusen und Bordesholm 3127 Pflanzen (Kellenhusen: 1646, Bordesholm: 1481). Von diesen Pflanzen wurde in der 19. KW die Pflanzhöhe bestimmt. Wie Tabelle 3 zeigt, waren die Pflanzen aus Kellenhusen insgesamt größer als die Pflanzen aus Bordesholm. Neben dem Faktor „Population“ beeinflusste der Faktor „Einzelbaum“ die Pflanzhöhe signifikant, wie Abbildung 7 zeigt. Der F- und p-Wert sind in Tabelle 2 aufgeführt.

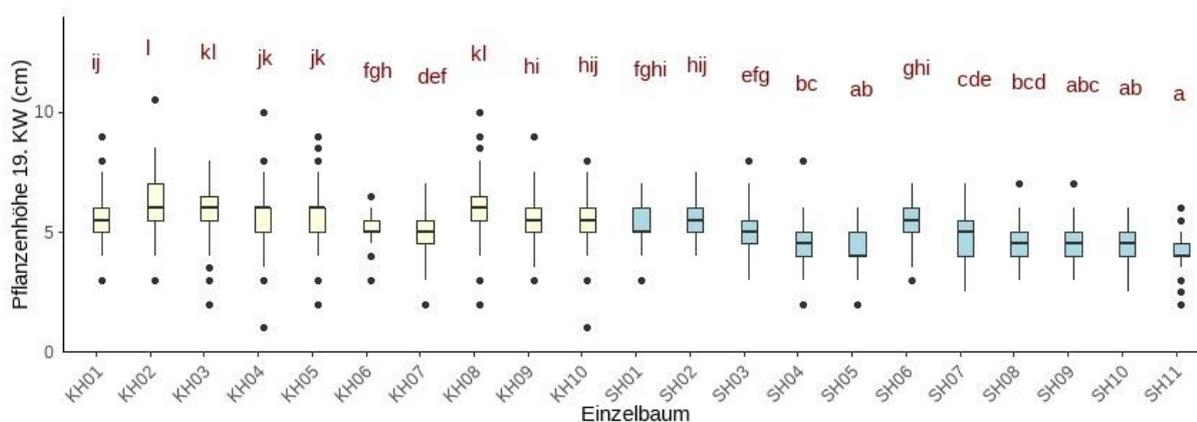


Abb. 7: Boxplot-Darstellung zum signifikanten Einfluss des Faktors „Einzelbaum“ auf die Pflanzhöhe in der 19. KW. Unterschiedliche Buchstaben über den Boxplots zeigen signifikante Unterschiede an. Farben: gelb = Kellenhusen, blau = Bordesholm.

3.3 Erntejahr 2020, Auflafraten und Wachstum

Das im Jahr 2020 geerntete Saatgut keimte sehr unterschiedlich, wie die Auflafraten von der 14. bis 21. KW in Tabelle 4 zeigen. Sehr schlecht keimte das Saatgut aus dem brandenburgischen Erntebestand Neuzelle (Nr. 2), aus der polnischen Population Hajnówka (Nr. 7) und aus Ungarn (Nr. 9). Das Saatgut aus dem bayerischen Erntebestand Spitzenberg (Nr. 5) hatte mit über 83 % die höchste Auflafrate. Die Keimungsraten für das Saatgut aus Österreich (Nr. 8) und dem slowakischen Jablonové (Nr. 4) lagen mit ca. 60 % bzw. 55 % deutlich über der Auflafrate von ca. 42 % im Erntebestand Salzkotten (Nr. 6). Einige der Keimlinge wurden während der Anzucht eingebüßt.

Tabelle 4: Überblick zu den Auflaufraten des in 2020 geernteten und in 2021 ausgesäten Saatguts. Die Angabe der Auflauftrate pro Population entspricht der gemittelten Auflauftrate aus den Auflaufraten aller Einzelbäume pro Population (Ausnahme: Bestandesabsaat Ungarn, Nr. 9).

Nr.	Population	Auflauftrate pro Population in %							
		14. KW	15. KW	16. KW	17. KW	18. KW	19. KW	20. KW	21. KW
2	Neuzelle	0	0	0	0,2	0,9	2,5	4,9	5,0
3	Kusín	2,3	8,3	15,3	17,9	19,0	19,9	20,7	20,6
4	Jablonové	2,6	21,5	41,3	50,7	55,1	57,1	59,8	59,5
5	Spitzenberg	31,6	77,7	84,2	83,8	82,4	83,0	83,5	83,2
6	Salzkotten	4,6	17,3	32,7	39,0	42,2	43,3	47,3	42,2
7	Hajnówka	0,1	1,0	2,5	3,7	4,6	5,3	6,4	5,9
8	St. Pölten	24,4	40,6	49,6	52,3	54,1	54,8	55,4	54,7
9	Gyulai	0,1	0,1	2,0	5,0	6,4	7,4	8,7	7,4

Insgesamt entwickelten sich bei der Containeranzucht 8751 Pflanzen. Die Höhen dieser Pflanzen wurden nach Abschluss der Wachstumsperiode gemessen. Die Analyse der 1-jährigen Pflanzhöhen aller Einzelbaumnachkommenschaften (logarithmierte Werte, Stichprobenumfang 8639 Pflanzen) lieferte signifikante Unterschiede in Abhängigkeit der Faktoren „Population“ (F-Wert = 481,69 und p-Wert < 2,2e-16) und „Einzelbaum“ (F-Wert = 26,52 und p-Wert < 2,2e-16). Zur Verdeutlichung des signifikanten Einflusses des Faktors „Population“ sind in Tabelle 5 die Mittelwerte für die einzelnen Populationen angegeben. Es zeigt sich, dass die Pflanzen aus den Populationen St. Pölten (Österreich) und Spitzenberg insgesamt das größte Höhenwachstum hatten. Dagegen wiesen die Nachkommen aus dem Erntebestand Neuzelle insgesamt die geringste Höhe auf.

Tabelle 5: Mittelwerte (MW) der 1-jährigen Pflanzhöhen aufgeschlüsselt nach Population (Erntejahr 2020). Unterschiedliche Buchstaben zeigen signifikante Unterschiede zwischen den Populationen an. Abkürzung SD = Standardabweichung.

Nr.	Population	Anzahl Pflanzen	MW ± SD	sig. Unterschied
2	Neuzelle	205	6,88 ± 3,51	a
3	Kusín	526	10,4 ± 3,91	c
4	Jablonové	1389	9,04 ± 3,43	b
5	Spitzenberg	2409	14,0 ± 6,23	d
6	Salzkotten	1128	9,61 ± 3,33	c
7	Hajnówka	241	8,41 ± 3,68	b
8	St. Pölten	2741	14,4 ± 5,80	d

Innerhalb der Populationen fällt der signifikante Einfluss des Faktors „Einzelbaum“ markant auf, wie Abbildung 8 darstellt. Jeder einzelne Boxplot steht hier für die Nachkommenschaft eines Einzelbaums, wobei gleich colorierte Boxplots jeweils eine Population repräsentieren und deutliche Schwankungen zeigen (Ausnahme: hellblaue Boxplots für den Erntebestand Salzkotten).

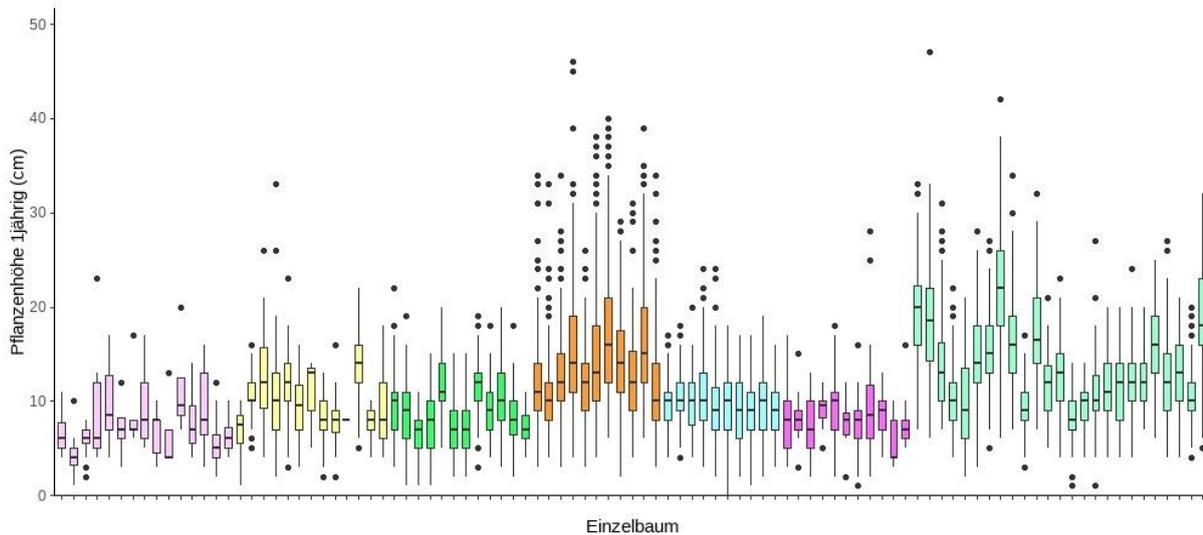


Abb. 8: Boxplots für die Variable 1-jährige Pflanzenhöhe. Hinter einem Boxplot verbirgt sich die Nachkommenschaft eines Einzelbaums. Gleich colorierte Boxplots stehen für eine Population. Farben von links nach rechts: rosa = Neuzelle (Nr. 2), gelb = Kusín (Nr. 3), grün = Jablonové (Nr. 4), orange = Spitzenberg (Nr. 5), hellblau = Salzkotten (Nr. 6), pink = Hajnówka (Nr. 7), hellgrün = St. Pölten (Nr. 8).

4 Diskussion

Die einzelbaumweise Beerntung der Spitzahorn-Populationen in den Jahren 2020 und 2021 im Rahmen des Projekts „SpitzAhorn“ erlaubte eine Auswertung der Datensätze sowohl hinsichtlich des Faktors „Population“ als auch des Faktors „Einzelbaum“, der für die beerntete Mutter steht. Beide Faktoren beeinflussen die verschiedensten Variablen, wie z. B. Sprosshöhe, Keimungsrate oder Saatgutgröße signifikant.

So zeigt der Datensatz zur Saatgutmorphologie erhoben anhand der zwei Populationen Kellenhusen und Bordesholm, dass der Einzelbaum, also die Mutter, von der das Saatgut stammt, einen signifikanten Einfluss auf die Größe und Breite der Ahornfrüchte beim Spitz-Ahorn ausübt. Die drei gemessenen Variablen der Saatgutgröße (Gesamtlänge, Flügellänge und Flügelbreite) stehen dabei in Korrelation zueinander. Längere Spitzahornfrüchte haben eine größere Flügelbreite, kürzere Früchte sind von schmalere Breite. Zudem weisen die Daten auf einen signifikanten Unterschied zwischen den Populationen Kellenhusen und Bordesholm hin. Im Vergleich zu Bordesholm war die Saatgutstichprobe aus Kellenhusen insgesamt signifikant länger (Gesamtlänge sowie Flügellänge) und signifikant breiter. Für die signifikant größeren Früchte in Kellenhusen sind verschiedene Ursachen denkbar. Neben genetischen Faktoren könnten in Kellenhusen abiotische Standortfaktoren, wie z. B. eine bessere Nährstoff- und/oder Wasserversorgung eine Rolle spielen. Da beide Populationen räumlich eng benachbart in Schleswig-Holstein liegen, sind größere klimatische Unterschiede eher auszuschließen. Eventuell kämen auch morphologisch/physiologische Unterschiede in Betracht, da sich die Bäume des Erntebestands Kellenhusen grundsätzlich von den Pfropflingen auf der Samenplantage Bordesholm, die dort nicht auf eigener Wurzel stehen, unterscheiden.

Zur Auflafrate des Saatguts lässt sich allgemein festhalten, dass erneut signifikante Unterschiede sowohl zwischen den Populationen als auch zwischen den Einzelbäumen einer Population zu finden sind. Als Gründe für die großen Unterschiede zwischen den Populationen mit Erntejahr 2020 kommen verschiedene Ursachen in Betracht. Zweifellos spielen der Erntezeitpunkt und die darauffolgenden Schritte der Saatgutbehandlung eine entscheidende Rolle für die spätere Keimung. So könnte die schlechte Auflafrate des Saatguts aus der Population Neuzelle (Nr. 2) damit zusammenhängen, dass das Saatgut dort grün geerntet wurde (Grünernte) und somit nicht für die Einlagerung geeignet war, sondern für eine sofortige Aussaat. Des Weiteren hatten die Saatgutpartien sehr unterschiedliche Einflüsse aufgrund der verschiedenen Transportwege und waren zum Teil grundsätzlich anders behandelt worden (z. B. Bestandesabsaat Ungarn stratifiziert geliefert).

Für die signifikanten Unterschiede bzgl. der Auflauftrate innerhalb von Populationen zeigt sich anhand der Daten für Kellenhusen und Bordesholm, dass es keinen Zusammenhang zwischen der Saatgutgröße und der Keimungsrate zu geben scheint. In beiden Populationen stammt das Saatgut mit der geringsten Auflauftrate von Einzelbäumen, die hinsichtlich ihrer Saatgutgröße im oberen Mittelfeld liegen (KH05, SH07). In Bordesholm sogar zeigt das Saatgut eines Pfropflings mit sehr kleinen Ahornfrüchten (SH04) beinahe die höchste Auflauftrate (ca. 75 %) von den elf beernteten Individuen dieser Samenplantage. Eventuell könnte auch hier der Erntezeitpunkt eine Erklärung für die verschiedenen Auflaufraten des Saatguts aus einer Population bieten, da es beim Spitz-Ahorn früh- und spät blühende Bäume und darüber hinaus noch die Besonderheit der Heterodichogamie gibt (DE JONG PC 1976). Außerdem könnten geringe Auflaufraten bzw. Ausfälle nach der Keimung mit einem hohen Selbstungsanteil im Saatgut zusammenhängen. Dass Selbstungen bei der Baumart Spitz-Ahorn eine Rolle spielen und die Qualität des Saatguts beeinflussen, zeigte die genetische Untersuchung von 236 Samen aus der Waldsiewersdorfer Samenplantage, Erntejahr 2020 (LIESEBACH H und SCHNECK 2022). Für das wenige Saatgut aus 2020 wurde ein Selbstungsanteil von 11,4 % ermittelt, weitere 20 % des Saatguts waren von Pollen außerhalb der Plantage bestäubt.

Die zwei verschiedenen Datensätze zum oberirdischen Pflanzenwachstum, gemessen als 1-jährige Pflanzenhöhe im Herbst 2021 bzw. nach dem Wachstum der Keimlinge im Mai 2022 liefern abermals signifikante Effekte verursacht sowohl durch den Faktor „Population“, von der das Saatgut stammt als auch durch den Faktor „Einzelbaum“, also die beerntete Mutter. Für den Datensatz aus dem Mai 2022, der die Keimlinge aus Kellenhusen und Bordesholm betrachtet, zeigt sich dabei die Tendenz, dass die Einzelbäume mit den längeren/breiteren Früchten auch die größeren Keimlinge haben. Die Saatgutgröße scheint also einen Einfluss auf das Wachstum der Pflanzen zu haben, wobei eine große Frucht von Vorteil ist. Da die Vermutung nahe liegt, dass dieser Vorteil im Sprosswachstum auf das Samengewicht, genauer auf die im Samen eingelagerten Nährstoffe zurückgehen könnte, wäre eine Untersuchung zum Samengewicht und dem Wachstum von Keimlingen bei der Baumart Spitz-Ahorn interessant. Falls ein Zusammenhang zu finden ist, wäre weiterführend zu untersuchen, wie lange dieser Vorteil im Sprosszuwachs messbar ist.

Der Datensatz zur 1-jährigen Sprosshöhe von Spitzahorn-Nachkommenschaften aus sieben einzelbaumweise beernteten Populationen (Stichprobenumfang 8639 Pflanzen) zeigt sehr eindrücklich die signifikanten Höhenunterschiede sowohl zwischen den Populationen als auch zwischen den einzelnen Nachkommenschaften einer Population, also innerhalb der Populationen. Allein im Erntebestand Salzkotten scheint es keine größeren Schwankungen in der Wuchshöhe zwischen den Nachkommen der beernteten Mütter zu geben, was aber evtl. im Zusammenhang mit der Erntemethode über ausgelegte Netze, bei der es leicht zu Vermischungen kommen kann, stehen könnte. In allen anderen Beständen wurde das Saatgut von Hand gepflückt.

Zusammenfassend lässt sich über alle Datensätze hinweg feststellen, dass der beerntete Einzelbaum, also die Mutter einen signifikanten Einfluss auf das spätere Wachstum und die Entwicklung der Pflanzen ausübt. Neben dieser genetischen Ursache könnten kleinräumige Standortunterschiede ebenfalls eine Rolle spielen und über Unterschiede im Saatgut zu Unterschieden im Wachstum der Nachkommenschaften beitragen. Für die in allen Datensätzen gefundenen Unterschiede zwischen den Populationen sind verschiedene Ursachen denkbar, u. a. der Erntezeitpunkt, die Lagerbedingungen des Saatguts, der Stratifizierungsfortschritt zum Aussaatzeitpunkt oder evtl. auch großräumige Unterschiede bzgl. Klima und Boden. Darüber hinaus könnten die Populationen auch genetisch durch Prozesse, wie z. B. lokale Adaptation, voneinander verschieden sein.

Als Fazit aus den hier vorgestellten Ergebnissen und um sowohl den Einfluss der Population als auch den Einfluss der Mutter, also den maternalen Effekt mit den geplanten Feldversuchen untersuchen zu können, sollen alle Versuchsflächen im Projekt „SpitzAhorn“ als Einzelbaumnachkommenschaften angelegt werden. Die Auswertung auf Herkunftsebene ist durch Zusammenfassen der einzelnen Nachkommenschaften pro Population möglich und bleibt somit erhalten.

Dank

Das Projekt „SpitzAhorn“ wird durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft im Förderschwerpunkt "Stärkung der nachhaltigen Forstwirtschaft zur Sicherung der Waldfunktionen" (Projekträger FNR, Fkz.: 22040618) gefördert. Herzlich danken wir unseren technischen Assistentinnen UTE

STRAßBURG-KÄßLER, MARA LIEBICH, DIANA AHNERT und PETRA KNAUER für ihre Arbeit und der Gärtnerei des Thünen-Instituts für Forstgenetik in Waldsiedersdorf für die Unterstützung bei der Pflanzenanzucht und die Betreuung des Baumschulversuchs.

Referenzen

- BLE (2013): Zusammenstellung über zugelassenes Ausgangsmaterial für forstliches Vermehrungsgut in der Bundesrepublik Deutschland (Stand: 01.07.2013).
- CAUDULLO G, DE RIGO D (2016): *Acer platanoides* in Europe: distribution, habitat, usage and threats. In: SAN-MIGUEL-AYANZ J, DE RIGO D, CAUDULLO G, HOUSTON DURRANT T, MAURI A (Hrsg.) European Atlas of Forest Tree Species. Publ. Off. EU: Luxembourg. pp e019159+.
- DE AVILA AL, HÄRING B, RHEINBAY B, BRÜCHERT F, HIRSCH M, ALBRECHT A (2021): Artensteckbriefe 2.0 – Alternative Baumarten im Klimawandel. Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg, Freiburg.
- DE JONG PC (1976): Flowering and sex expression in *Acer* L.: a biosystematic study, Veenman, Wageningen.
- LIESEBACH M, LIESEBACH H (2009): Nutzung und Erhalt von genetischen Ressourcen beim Spitz-Ahorn (*Acer platanoides* L.). Jahrbuch der Baumpflege 13: 238-246.
- LIESEBACH H, SCHNECK D (2022): Flowering behavior of clones in a Norway maple (*Acer platanoides*) seed orchard and mating system analysis using nuclear SSR markers. Eur J Forest Res. DOI:10.1007/s10342-022-01459-3
- LIESEBACH M, WOLF H, BEEZ J, DEGEN B, ERLEY M, HAVERKAMP M, JANßEN A, KÄTZEL R, KAHLERT K, KLEINSCHMIT J, PAUL M, VOTH W (2021): Identifizierung von für Deutschland relevanten Baumarten im Klimawandel und länderübergreifendes Konzept zur Anlage von Vergleichsanbauten - Empfehlungen der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ zu den Arbeitsaufträgen der Waldbaureferenten. Braunschweig: Johann Heinrich von Thünen-Institut, Thünen Working Paper 172. DOI:10.3220/WP1617712541000
- MARTIN PH, MARKS PL (2006): Intact forests provide only weak resistance to a shade-tolerant invasive Norway maple (*Acer platanoides* L.). Journal of Ecology 94: 1070-1079.
- R CORE TEAM (2022): R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>
- ROLOFF A, PIETZARKA U (2014): *Acer platanoides* Linné. 1-16. In: ROLOFF A, WEISGERBER H, LANG UM, STIMM B (Hrsg.) Enzyklopädie der Holzgewächse: Handbuch und Atlas der Dendrologie.
- SCHNECK D (2021): Das Blühen der Waldbäume 2021. AFZ DerWald 76 (16): 19-21.
- SCHUBERT J (1998): Lagerung und Vorbehandlung von Saatgut. Eberswalde Finow.
- VAZ MONTEIRO M, DOICK KJ, LAWRENCE V, ALBERTINI A, HANDLEY P (2017): Investigation into the drought tolerance of broadleaf street trees using chlorophyll fluorescence. Acta Horticulturae 1189: 427-430. DOI:10.17660/ActaHortic.2017.1189.83

Autorinnen und Autor

CORNELIA BÄUCKER

Thünen-Institut für Forstgenetik, Eberswalder Chaussee 3A, 15377 Waldsiedersdorf
Kontakt: cornelia.baeucker@thuenen.de

HEIKE LIESEBACH, MIRKO LIESEBACH

Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf

Die Hainbuche und ihr Potenzial für den Wald

HANNAH S. MITTELBERG, KATHARINA J. LIEPE, HEIKE LIESEBACH, MIRKO LIESEBACH

Zusammenfassung

Die Hainbuche (*Carpinus betulus* L.) ist eine der einheimischen Laubhölzer und gilt als geeignete Alternative zu den gängigen Baumarten, die verstärkt unter den veränderten Klimabedingungen leiden. Sie ist in großen Teilen Europas verbreitet und zeigt ökologisch sehr wertvolle Eigenschaften. Neben ihrer Trockenstresstoleranz und ihrem tiefreichenden, stabilisierenden Wurzelsystem, ist sie schattentolerant und wirkt durch ihre leicht zersetzbare Streu meliorierend auf die Bodenverhältnisse. Insbesondere im Waldumbau machen sie ihre Eigenschaften als Mischbaumart mit anderen Laub- und Nadelgehölzen sehr interessant. Innerhalb des im Oktober 2021 gestarteten Projektes zur Hainbuche sollen die Grundlagen geschaffen werden, mit denen die Identifikation von qualitativ hochwertigem und anpassungsfähigem Ausgangsmaterial für Hainbuchen-Saatgut langfristig, u.a. anhand eines Herkunftsversuches mit etwa 30 Herkünften, ermöglicht werden soll. Insbesondere die Genetik der Hainbuche hat im Projekt ein besonderes Augenmerk und soll mittels neu entwickelter Marker genauer untersucht werden. In ausgewählten Erntebeständen werden dafür Analysen der Populationsstruktur und Bestäubungsverhältnisse durchgeführt.

Abstract

European Hornbeam and its potential for the forest

European Hornbeam (*Carpinus betulus* L.) is one of the indigenous deciduous tree species and considered as a suitable alternative to the common tree species that are affected by changing climatic conditions. It is largely distributed in Europe's temperate forest ecosystems and shows ecologically very valuable characteristics: drought and shade tolerance, a deep root system, and easily decomposable litter, which has an ameliorative effect on soil conditions. These characteristics make it e.g. for the conversion of pure coniferous forests. In October 2021 the project 'Hornbeam' started that forms the baseline for the identification of high-quality and adaptable seed origins for hornbeam. The project includes the establishment of a provenance trial with approx. 30 provenances and a special focus on the genetics of European Hornbeam. Using newly developed microsatellite markers population structure and pollination ratios will be analysed in selected stands.

1 Einleitung

Nachdem nun auch die Vitalität der Rotbuche unter den Klimaextremen der letzten Jahre stark abnimmt (BMEL 2022), wird immer deutlicher, dass es im klimastabilen Wald der Zukunft nicht nur eine Baumart geben kann, die als Heilsbringerin fungiert. Stattdessen ist eine Erweiterung des Baumartenportfolios, auch im Sinne von experimentell untermauerten Empfehlungen hinsichtlich der Herkünfte, unerlässlich. Eine Erhöhung des Baumartenanteils von bislang als Nebenbaumarten geführten Hölzern, aber auch die zielgerichtete Auswahl von standortgerechten und klimastabilen Herkünften, ist im viel diskutierten Waldumbau gefordert. Denn die Klimaveränderungen und ihre Folgen, wie Trocken- und Hitzestress und das verstärkte Auftreten von Schadorganismen, stehen nicht mehr drohend am Horizont, sondern haben bereits katastrophal in den Bildern der braunen Hänge im Harz oder nach Sturmtief Friederike in Nordrhein-Westfalen Gestalt angenommen. Am 19. Juli 2022 stand der Waldbrandgefahrenindex in Deutschland mit wenigen Ausnahmen auf den Stufen hoch (4) bis sehr hoch (5). Struktureiche Mischwälder mit einem hohen Anteil klimastabiler Laubbäume sind Teil eines präventiven Brandschutzes für kalamitätsgefährdete Bestände.

Eine der infrage kommenden Nebenbaumarten ist die Hainbuche (*Carpinus betulus* L.), die in der ökonomisch orientierten Bewirtschaftung der Wälder hauptsächlich als „dienende“ Baumart betrachtet wird. Diese Begrifflichkeit entwickelte sich aufgrund der bevorzugten Verwendung der Hainbuche als Unterstand zur Förderung einer positiven Stammform von Stiel- und Traubeneiche.

2 Eigenschaften und Vorkommen

Die Hainbuche ist windbestäubt und monözisch. Sie zeigt Mastjahre und produziert alle 2 – 3 Jahre Samen, die nach Ausreifung etwa 18 Monate in Samenruhe verbleiben (HESMER 1960; BLE 2018). Für windverbreitete Samen sind sie darüber hinaus relativ schwer, weshalb sie sich, insbesondere im dichten Unterstand der natürlichen, typischen Eichen-Hainbuchen-Wälder, nicht optimal verbreiten (COART et al. 2005; GRIEVET und PETIT 2003; SCHMALEN 1996). Ihr natürliches Vorkommen in Nord-, Mittel- und Südosteuropa überschneidet sich größtenteils mit der konkurrenzstarken Rotbuche, weshalb sie, aufgrund ihrer breiten Standortsamplitude, auf Standorte mit Grundwasserbeeinflussung, Sommertrocknis oder in subkontinentalen Spätfrostlagen verdrängt wird, auf denen die Rotbuche ihre physiologischen Grenzen erreicht.

Unter Berücksichtigung der zu erwartenden Klimaveränderungen des Worst-Case-Szenarios RCP8.5 (IPCC 2013, 2021) zeigt eine Modellierung des Verbreitungsgebietes der Hainbuche eine Zunahme an Lebensraum im Norden und in höheren Lagen sowie eine Abnahme im Süden (LIEPE, unveröffentlicht). Als Datengrundlage dient dabei das Artvorkommen nach MAURI et al. (2017), das mittels eines EU-weiten Inventurdatensatzes erstellt wurde, sowie die aktuellen und prognostizierten Klimabedingungen, extrahiert auf Basis von Koordinaten und Höhenlage mit der freien Software ClimateEU (MARCHI et al. 2021). Gewinn und Verlust gleichen sich laut Modell für 2050 ($\pm 30\%$) und 2080 ($\pm 45\%$) aus. Die Hainbuche bleibt demnach in Mitteleuropa weiterhin großflächig geeignet.

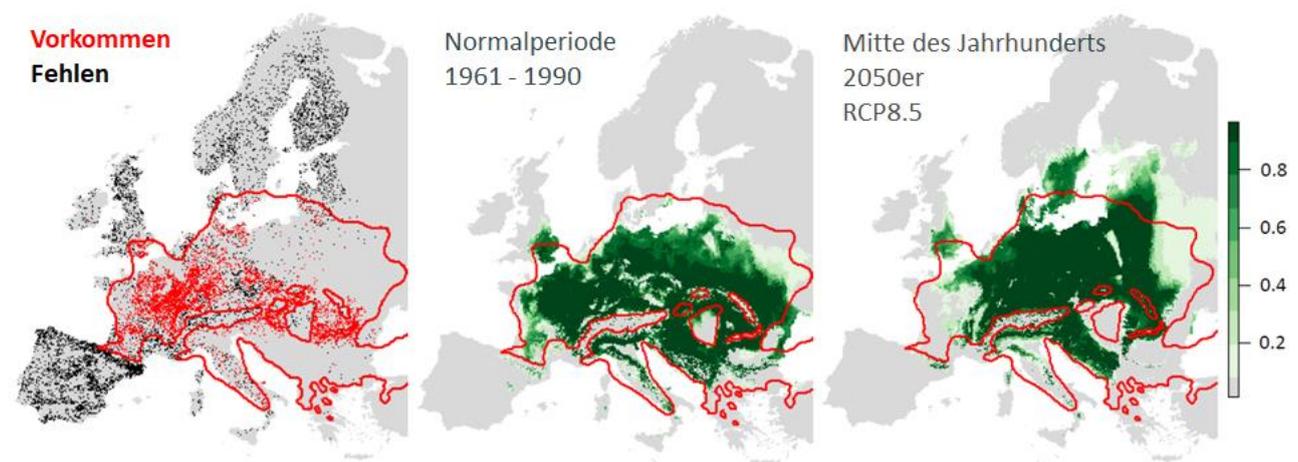


Abb. 1: Datenbasis des Artvorkommens nach MAURI et al. (2017; Links). Klimadaten der Normalperiode 1961-1990, extrahiert mittels ClimateEU (Marchi et al. 2021; Mitte). Rechts: potenziell mögliches Vorkommen der Hainbuche in Grün für das Worst-Case-Szenario RCP8.5, unter Einbeziehung der vorangegangenen Daten, dargestellt für die Mitte des Jahrhunderts (LIEPE, unveröffentlicht).

Die Hainbuche weist eine Vielzahl ökologisch vorteilhafter Eigenschaften auf: neben ihrer relativ hohen Trockenstresstoleranz kann ihr tiefreichendes Herzwurzelsystem (BORATYŃSKI 1996; GULDER 1996; KÖSTLER et al. 1968; ROLOFF und GRUNDMANN 2008; TÜRK 1996) zur Widerstandsfähigkeit gegen Sturmereignisse beitragen. Da sie ferner zu den schattentoleranten Laubböhlzern zählt, eignet sie sich hervorragend als Mischbaumart mit

anderen Laub- und Nadelgehölzen. Ihre leicht zersetzbare Streu wirkt meliorierend auf die Bodenverhältnisse und ist somit insbesondere für den Umbau von Nadelwäldern interessant (GULDER 1996; LOCKOW und LOCKOW 2009; MAYER 1992).

3 Verwendungsmöglichkeiten und rechtliche Rahmenbedingungen

Das Holz der Hainbuche ist vielseitig einsetzbar. Mit einer mittleren Rohdichte von $0,83 \text{ g/cm}^3$ hat sie das schwerste Holz unter den einheimisch baumförmig wachsenden Nutzhölzern und weist daher eine hohe Dichte sowie Härte, dabei indes auch Elastizität und Festigkeit auf (GROSSER 1996). Ihre Stammform ist sehr variabel und neigt zu Krümmungen und Spannrückigkeit, es lassen sich aber auch Bestände mit sehr guten Wuchsformen finden (LOCKOW und LOCKOW 2009), wie Abbildung 2 veranschaulicht. Aufgrund ihres Verhaltens hinsichtlich Schwindens und Quellens ist sie der Dauerhaftigkeitsklasse 5 (DIN 68100) zuzuordnen und ist somit zwar nicht als Bauholz geeignet, dafür aber für speziellere Verwendungsmöglichkeiten wie Werkzeuge, Bauteile von Musikinstrumenten und anderen Gebrauchsgegenstände, die eine hohe Widerstandsfähigkeit benötigen, sehr gefragt. Das allgegenwärtige Thema der Energieversorgung hat die Nachfrage an Energieholz 2022 die Höhe getrieben. Gerade die Hainbuche kann durch hohe kalorische Werte einen Beitrag als vortreffliches Energieholz leisten (BORATYŃSKI 1996). Als Hainbuchenhecken ist sie in Europa weit verbreitet und dient so als Windschutz sowie an vielbefahrenen Straßen dem Umweltschutz, da sie Blei aus der Luft filtert (aus BORATYŃSKI 1996, zitiert KELLER 1974).

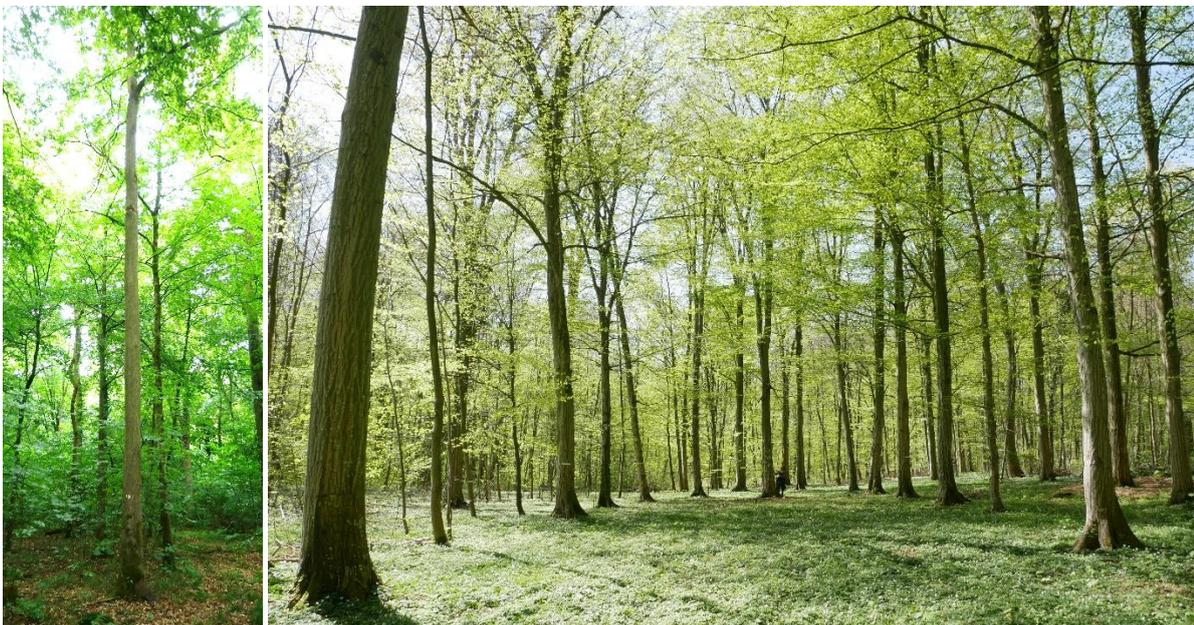


Abb. 2: Hainbuche mit sehr schöner Stammform: gerade, wipfelschäftig, ohne Drehwuchs und Spannrückigkeit (links). Hainbuchen-Erntebestand von etwa 160 Jahren in Schleswig-Holstein (rechts). (Fotos: H. MITTELBERG)

Seit 2003 setzt das *Forstvermehrungsgutgesetz* (FoVG) die Richtlinie 1999/105/EG des Europäischen Rates über den Verkehr mit forstlichem Vermehrungsgut. Auch die Hainbuche unterliegt als forstlich relevante Baumart diesem Gesetz. Die Forstvermehrungsgut-Zulassungsverordnung (FoVZV) definiert die geltenden Mindestanforderungen für Erntebestände der Kategorie „Ausgewählt“: Mindestbaumzahl des Bestands ist wie bei den meisten anderen Nebenbaumarten 20, von denen mindestens 10 zu beernten sind. Für die Hainbuche ist außerdem ein Mindestalter von 50 Jahren vorgeschrieben und als „Anforderung mit überdurchschnittlicher

Bedeutung bei der Zulassung“ sind Wipfelschäftigkeit, Geradschäftigkeit, geringe Spannrückigkeit und wenig Drehwuchs vorgegeben.

4 Vegetations- und Nutzungsgeschichte

Die Konkurrenz zwischen Hainbuche und Rotbuche lässt sich durch vegetationsgeschichtliche Untersuchungen auch für vergangene Epochen belegen. Die Hainbuche ist in den erdgeschichtlichen Epochen des Tertiärs sowie für jede Warmzeit im Quartär in Mitteleuropa nachzuweisen (KÜSTER 1996). Die nach-eiszeitliche Verbreitungsgeschichte ist davon geprägt, dass die Hainbuche erst in der späten Sukzessionsphase aufkommt und somit zu den letzten Arten gehörte, die nach der letzten Eiszeit Mittel- und Nordeuropa besiedelten (KÜSTER 1997; POTT 2000). Der Einfluss des Menschen ist bereits zu Beginn des Holozäns zu belegen. Durch die Landnutzung des Menschen konnte sich die Hainbuche, nach Rodung von Wald für Siedlungs- und Ackerbau und folgender Brache, in der Sekundärsukzession stärker durchsetzen. Auch in den frühen Formen der Waldbewirtschaftung nahm die Hainbuche eine wesentliche Rolle ein und war spätestens ab dem Mittelalter in der gängigen Bewirtschaftungsform des Niederwaldes weit verbreitet (KÜSTER 1997). Die Hainbuche ist, neben ihrer sehr guten Fähigkeit zum Stockausschlag, auch aufgrund hoher Brennwerte gut für diese Bewirtschaftungsform zur Erzeugung von Energieholz geeignet (SUCHOMEL et al. 2012; TÜRK 1996). Heutzutage wurden viele Niederwälder in Hochwald überführt, in dem die Hainbuche am stärksten in Wäldern mit der Zielsetzung der Eichenholznutzung vertreten ist. Hier wird sie überwiegend als dienende Baumart zur Schaftpflege der Eichen eingesetzt.

5 Genetik der Hainbuche

Über die Genetik der Hainbuche liegen nur wenige Arbeiten vor. Einerseits war das Interesse aufgrund ihrer Stellung als Nebenbaumart in der Forstwirtschaft nur gering. Andererseits findet sich bei ihr eine Besonderheit in der vorliegenden Erbinformation: sie weist nicht, wie die meisten anderen Arten, einen doppelten Chromosomensatz (Diploidie, $2n$) auf, sondern ist oktoploid und hat somit einen achtfachen Chromosomensatz (Oktoploidie, $8n$). Die Methodik in der Populationsgenetik hat sich bislang vor allem mit dem „Standard“ der diploiden Organismen beschäftigt. In den letzten Jahren zeichnet sich jedoch eine deutliche Fortentwicklung innerhalb des Forschungsgebietes ab und es werden zunehmend Arbeiten über polyploide Organismen aufgrund verbesserter Markerentwicklung und Auswertungsmöglichkeiten veröffentlicht.

Erste Informationen über die Rückwanderungsgeschichte der Hainbuche wurden durch Untersuchungen an Chloroplasten-DNA (cpDNA) im Projekt CYTOFOR gewonnen (GRIVET und PETIT 2003). Bei den Angiospermen werden die Chloroplasten vorwiegend maternal weitergegeben und zeigen bei Analysen daher häufiger stärkere geografische Muster als die Kern-DNA. Innerhalb ihres rezenten natürlichen Verbreitungsgebietes konnte bei der Hainbuche ein Muster der cpDNA-Haplotypen festgestellt werden, das auf einen Flaschenhals schließen lässt. So findet sich im Südosten, in den ehemaligen Refugialgebieten im Balkan, eine große genetische Diversität, wohingegen die untersuchten Proben aus dem Nord-Westen nur einen Haplotyp zeigen. Erste Untersuchungen der nDNA der Hainbuche wurden mittels AFLP (*amplified fragment-length polymorphism*) durchgeführt und konnten Hinweise darauf geben, dass die großen Gebirgsketten offenbar auch ein großes Hindernis für die Verbreitung der Hainbuche dargestellt haben (COART et al. 2005).

6 Das Projekt „Hainbuche“

Im Oktober 2021 startete das Projekt „Hainbuche“ (Langtitel: „Die Hainbuche, eine Alternativbaumart im Klimawandel – Initiierung eines Herkunftsversuchs“), das sich mit Fragestellungen der Verwendung der

Hainbuche im Kontext künftiger Klimabedingungen, hinsichtlich Genetik, Wuchsleistung und Trockenstresstoleranz, beschäftigt. Die Saatguteinsammlung von über 30 Herkünften der Hainbuche aus ihrem gesamten Verbreitungsgebiet bildet dabei den Kern für die Arbeiten im Projekt. Die Grundlagen für die Identifikation von qualitativ hochwertigem und anpassungsfähigem Ausgangsmaterial für Hainbuchen-Saatgut sollen in mehreren Schritten geschaffen werden. Diese ermöglichen auch langfristig Empfehlungen für die Praxis. Durch die großräumige Abdeckung des Verbreitungsgebietes können Herkünfte anhand ihrer klimatischen Gradienten für ein Trockenstressexperiment in der Jungwuchsphase ausgewählt werden, um im besten Fall die Trockenstresstoleranz mit einem Herkunftsparameter zu verknüpfen. Mittels Aufnahmen in der Baumschulphase können Wachstumsparameter sowie z.B. die Reaktion auf Spätfrost und Trockenheit untersucht werden. Neben den morphologischen Untersuchungen werden ausgewählte Erntebestände der Hainbuche auch genetisch untersucht. Hier soll erstmalig versucht werden, Populationsstruktur und Bestäubungsverhältnisse bei einer oktaploiden Art näher zu analysieren. Um dem Aspekt der Saatguterzeugung Rechnung zu tragen, sollen diese Erkenntnisse in Empfehlungen für die Zulassung von Erntebeständen einfließen. Aufgrund der besonderen Schwierigkeit der Polyploidie wurden innerhalb des Projektes neue nukleare Mikrosatellitenmarker entwickelt, die aktuell an einer großen Stichprobe getestet werden. Außerdem wird ein Herkunftsversuch angelegt, in dem die über 30 eingesammelten Herkünfte auf 4-5 Versuchsflächen ausgepflanzt werden. Maßgeblich ist dabei auch die Auswahl der Versuchsflächen, die eine Bandbreite an Standorten abdecken muss. So liefert das Projekt eine Grundlage für die kommenden Jahrzehnte, um Herkunftsempfehlungen zu verbessern und weitere Forschung zu ermöglichen.

Der Hainbuchenanteil im deutschen Wald ist häufig klein und punktuell verteilt, Naturverjüngung allein kann daher nicht zu einer nennenswerten Steigerung des Baumartenanteils führen. Ein steigender Anteil der Hainbuche am Bestandesbild bedarf also der aktiven Einbringung von Pflanzen durch die Forstwirtschaft. Der Einsatz von qualitativ hochwertigem und anpassungsfähigem Ausgangsmaterial trägt dazu bei, biologisch stabile, struktur- und ertragsreiche sowie betriebswirtschaftlich vorteilhafte Bestände aufzubauen.

Dank

Das Projekt „Hainbuche“ wird durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft und das Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz, nukleare Sicherheit und Verbraucherschutz aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages im Rahmen der Förderrichtlinie „Waldklimafonds“ gefördert. Es wird durch den Projektträger Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e. V. (FNR) im Rahmen der Förderrichtlinie Waldklimafonds (Fkz: 2220WK20X4) betreut.

Referenzen

- ANONYMUS (2000). Richtlinie 1999/105/EG des Rates vom 22. Dezember 1999 über den Verkehr mit forstlichem Vermehrungsgut. Amtsblatt der Europäischen Gemeinschaften, L11/17, 15.1.2000.
- BLE (2018): 7. Statistische Daten zu Ernte und Handel mit forstlichem Vermehrungsgut: Erhebung zur Versorgungssituation mit forstlichem Vermehrungsgut. https://www.ble.de/DE/Themen/Landwirtschaft/Saat--und-Pflanzgut/ForstlichesVermehrungsgut/ForstlichesVermehrungsgut_Inhalt.html [abgerufen am 14.12.2022].
- BMEL [Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft] (2022): Referat 515 – Nachhaltige Waldbewirtschaftung, Holzmarkt (Hrsg.): Ergebnisse der Waldzustandserhebung 2021.
- BORATYŃSKI A (1996): *Carpinus betulus* Linné, 1753. In SCHÜTT P, SCHUCK HJ, LANG UM, ROLOFF A, (Hrsg.): Enzyklopädie der Holzgewächse. 5. Erg. Lfg 8/96: 12 S.
- COART E, VAN GLABEKE S, PETIT RJ, VAN BOCKSTAELE E, ROLDÁN-RUIZ I (2005): Range wide versus local patterns of genetic diversity in hornbeam (*Carpinus betulus* L.). *Conservation Genetics*, 6 (2): 259–273. <https://doi.org/10.1007/s10592-004-7833-7>
- FoVG: <https://www.gesetze-im-internet.de/fovg/BJNR165800002.html>

- FoVZV: <https://www.gesetze-im-internet.de/fovzv/BJNR472100002.html>
- GRIVET D, PETIT RJ (2003): Chloroplast DNA phylogeography of the hornbeam in Europe: Evidence for a bottleneck at the outset of postglacial colonization. *Conservation Genetics*, 4 (1), S. 47–56. <https://doi.org/10.1023/A:1021804009832>
- GROSSER D (1996): Das Holz der Hainbuche – Seine Eigenschaften und seine Verwendung. *LWF-Wissen* 12: 66-72.
- GULDER H-J (1996): Das Wurzelwerk der Hainbuche. *LWF-Wissen* 12: 30-37.
- HESMER H (1960): Unterbauversuche mit Winterlinde, Buche und Hainbuche in verschiedenen Verbänden unter Stieleichenstangenholz. *Forstarchiv* 31: 185-192.
- IPCC (2013): *Climate Change 2013: The Physical Science Basis. Contribution of Working Group I to the Fifth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change*. Cambridge University Press, Cambridge, United Kingdom and New York, NY, USA, 1535 pp, doi:10.1017/CBO9781107415324
- IPCC (2021): *Climate Change 2021: The Physical Science Basis. Contribution of Working Group I to the Sixth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change*. Cambridge University Press, Cambridge, United Kingdom and New York, NY, USA, In press, doi:10.1017/9781009157896
- KELLER T (1974): Filtering effect of hedges on air - pollutant dusts created by road traffic, especially lead compounds. *Schweiz. Z. Forstw.* 125: 719-735.
- KÖSTLER JN, BRÜCKNER E, BIBELRIETHER H (1968): Die Wurzeln der Waldbäume: Untersuchungen zur Morphologie der Waldbäume in Mitteleuropa. P. Parey.
- KÜSTER H (1996): Die Stellung der Hainbuche in der Vegetationsgeschichte. *LWF-Wissen* 12: 11–18.
- KÜSTER H (1997). The role of farming in the postglacial expansion of beech and hornbeam in the oak woodlands of central Europe. *Holocene*, 7(2), 239–242. <https://doi.org/10.1177/095968369700700213>
- LOCKOW K-W, LOCKOW J (2009): Die Hainbuche im nordostdeutschen Tiefland – Die Hainbuche im nordostdeutschen Tiefland – Wuchsverhalten und Bewirtschaftungshinweise.
- MARCHI M, CASTELLANOS-ACUÑA D, HAMANN A, WANG T, RAY D, MENZEL A (2020): ClimateEU, scale-free climate normals, historical time series, and future projections for Europe. *Scientific Data*, 7 (1): 1–9. <https://doi.org/10.1038/s41597-020-00763-0>
- MAURI A, STRONA G, SAN-MIGUEL-AYANZ J (2017): EU-Forest, a high-resolution tree occurrence dataset for Europe. *Scientific data* 4: 1-8.
- MAYER H (1992): *Waldbau auf soziologisch-ökologischer Grundlage*. Stuttgart: Gustav Fischer Verlag.
- POTT R (2000): Paleoclimate and vegetation- long term vegetation dynamics in central Europe with particular reference to beech. *Phytocoenologica*, 30: 285–333.
- ROLOFF A, GRUNDMANN B (2008): Bewertung von Waldbaumarten anhand der KlimaArtenMatrix. *AFZ* 63: 1086–1088.
- SCHMALEN W (1996): Die Hainbuche (*Carpinus betulus* L.) - Beerntung und Nachzucht. *LWF-Wissen* 12: 50-54.
- SUCHOMEL C, PYTTTEL P, BECKER G, BAUHUS J (2012). Biomass equations for sessile oak (*Quercus petraea* (Matt.) Liebl.) and hornbeam (*Carpinus betulus* L.) in aged coppiced forests in southwest Germany. *Biomass and Bioenergy* 46: 722–730. <https://doi.org/10.1016/J.BIOMBIOE.2012.06.021>
- TÜRK W (1996): Die Hainbuche in der realen und der potentiellen natürlichen Vegetation Mitteleuropas unter besonderer Berücksichtigung Bayerns. *LWF-Wissen* 12: 19-29.

Autorinnen und Autor

HANNAH S. MITTELBERG, KATHARINA J. LIEPE, HEIKE LIESEBACH, MIRKO LIESEBACH
Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf
Kontakt: hannah.mittelberg@thuenen.de

Roteiche im Klimawandel: Grundlagen zur Züchtung unter Berücksichtigung der Trockenstresstoleranz (RubraSelect Projekt)

EVA ARDAO RIVERA, HIEU CAO, FRANK BECKER, SILVIJA BILELA-ECKERT, ALEXANDER BRAUN, MARIE BRÜCKNER, ILKA DE ABREU, JÖRN ERBACHER, IVO FEUSSNER, KIRSTIN FEUßNER, OLIVER GAILING, MARTIN HOFMANN, RALF KÄTZEL, AMÉLIE A. KELLY, JÖRG KLEINSCHMIT, JONATHAN M. KORMANN, NICK LAMPRECHT, KATHARINA J. LIEPE, MIRKO LIESEBACH, SONJA LÖFFLER, CHARALAMBOS NEOPHYTOU, DORIT RIEDEL, MAREK SCHILDBACH, WILFRIED STEINER, MARTHA TÖPPE, UTE TRÖBER, MIRIAM WATERMEIER, HEINO WOLF

Zusammenfassung

Im Verbundprojekt RubraSelect werden die Grundlagen für die zukünftige Versorgung des Marktes mit hochwertigem und anpassungsfähigem Vermehrungsgut der Roteiche (*Quercus rubra* L.) für das ganze Bundesgebiet geschaffen. Das Vorhaben umfasst einerseits die Untersuchung genetischer Grundlagen von Merkmalen mit Bezug zu Wachstum und Stressreaktionen, andererseits widmet es sich der Auswahl und Vermehrung von Plusbäumen sowie der Charakterisierung von deren Nachkommenschaften.

Die Plusbaumauslese findet sowohl in Beständen als auch in den Flächen eines Herkunftsversuchs statt. Bei der Auswahl werden Qualitäts-, Wachstums- und Vitalitätsmerkmale sowie vorhandene molekulargenetische Daten berücksichtigt. Bei der Überprüfung des Anpassungspotenzials der Plusbäume finden Biomarker Anwendung, die physiologische Merkmale beschreiben. Die Nachkommen werden auf ihre Reaktion gegenüber Trockenheit geprüft, um so die genetische Veranlagung der Plusbäume bezüglich ihrer Trockenstresstoleranz zu bewerten. In diesem Vorhaben sollen unter anderem Metabolite und Transkripte als Marker für Trockenstresstoleranz identifiziert und verifiziert werden, welche Anpassungsprozesse regulieren und ermöglichen. Mithilfe einer genomweiten Assoziationsstudie sollen Genmarker für Trockenstresstoleranz entwickelt werden.

Im ersten Projektjahr wurden bereits vorläufige Zuchtzonen abgegrenzt, geeignete Ausgangsbestände identifiziert, Plusbäume ausgewählt sowie Trockenstressexperimente durchgeführt und mit molekulargenetischen Analysen begonnen. Weitere Schritte umfassen die vegetative und generative Vermehrung der Plusbäume, um am Ende des Projekts deren Genotypen in Klonarchiven zu sichern und deren Nachkommen in Versuchsflächen zu testen, die langfristig in Samenplantagen überführt werden sollen.

Abstract

In the joint project RubraSelect, foundations are being laid for the future supply of the German market with high-quality and reproductive material of northern red oak (*Quercus rubra* L.) with the highest potential to withstand climate change. On the one hand, the project investigates the genetic basis of traits related to growth and drought stress reactions. On the other hand, it focuses on the selection and propagation of plus trees and the characterization of their progenies.

Plus tree selection takes place both in stands and in plots of provenance tests. Selection of plus trees takes quality, growth, vigor characteristics, and available molecular genetic data into account. Biomarkers describing physiological traits are used to test the adaptive potential of plus trees. Progenies are then tested for their response to drought in order to evaluate the genetic predisposition of plus trees with respect to drought stress tolerance. This project will identify and verify, among other things, metabolites and transcripts as markers of drought stress tolerance that regulate and enable adaptation processes. Genetic markers for drought stress tolerance will be developed by means of a genome-wide association study.

In the first year of the project, preliminary breeding zones have already been delineated, suitable initial stands identified, plus trees selected, drought stress experiments conducted, and the molecular genetic analyses have

started. Further steps include generative and vegetative propagation of the plus trees in order to secure their genotypes in gene banks and test their progenies in experimental plots, that are planned to be established by the end of the project. In the long term, these trials are to be transformed into seed orchards by performing further selection within and across families.

1 Motivation

Sommerdürre und Extremwetterereignisse führten in den letzten Jahren zu erheblichen Schäden in den Wäldern Deutschlands. Wirtschaftlich wichtige Baumarten wie die Rotbuche und die Fichte sind bereits stark betroffen. Heutige Hauptbaumarten werden daher zukünftig in Teilen ersetzt werden müssen, um die vielfältigen Ökosystemdienstleistungen des Waldes langfristig aufrechtzuerhalten und zu sichern. Auch nicht-heimische Baumarten bieten eine Option als Ersatzbaumarten, insbesondere, wenn sich unter den prognostizierten Klimabedingungen eine hohe Stabilität und Wuchsleistung erwarten lässt. Von großer Bedeutung ist dabei die Verfügbarkeit von hochwertigem und anpassungsfähigem Vermehrungsgut.

Eine forstwirtschaftlich bedeutsame, nicht-einheimische Baumart ist die aus Amerika stammende Roteiche (*Quercus rubra* L.). Sie zeichnet sich durch einen frühen Knospenaustrieb und einen späten Wachstumsabschluss und damit durch lange Zuwachszeiten mit hohen Wuchsleistungen aus (Pettenkofer et al., 2019b). Außerdem weist sie gute Eigenschaften für die Verwendung als Bau- und Konstruktionsholz sowie als Furnierholz auf.

Der Anbau von nicht-einheimischen Baumarten ist jedoch häufig mit einer Reduktion der genetischen Variation verbunden (DLUGOSCH und PARKER 2008; BARRETT und HUSBAND 1990). Dadurch kann es zu einer verringerten Anpassungsfähigkeit der Population an sich schnell ändernde Umweltbedingungen, wie zum Beispiel längere Trockenperioden und extreme Temperaturschwankungen kommen (Naidoo et al., 2018).

2 Ziele des RubraSelect Projekts

Im Verbundvorhaben RubraSelect erfolgt die Auslese und Charakterisierung von hochwertigem und klimafitem Vermehrungsgut der Roteiche. Das von der Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe (FNR) im Rahmen der Förderrichtlinie "Waldklimafonds" betreute Projekt begann im Sommer 2021 und wird voraussichtlich im Herbst 2024 abgeschlossen.

In Deutschland ist die Roteiche die häufigste nicht-heimische Laubbaumart im Wald. In ihrem natürlichen Verbreitungsareal, das weite Teile des östlichen Nordamerikas umfasst, hat sich die Roteiche an eine weite Amplitude von Boden- und Klimabedingungen angepasst (Pettenkofer et al. 2019b). Daher dürfte die Art eine breite genetische Basis als Grundlage für Auslese und Züchtung bieten. Andererseits ist der Ursprung europäischer Bestände meist unbekannt und eine züchterische Bearbeitung ist bisher weitgehend nicht erfolgt. Die in Deutschland etablierten Bestände stammen vermutlich aus dem nordöstlichen Bereich des natürlichen Verbreitungsgebietes (Nordosten der USA, Südosten Kanadas) (PETTENKOFER et al. 2019a). Insofern ist die Züchtungsarbeit mit in Europa bewährtem Material der direktere Ansatz im Vergleich zu groß angelegten neuen Herkunftsversuchen; und erst in einem zweiten Schritt würde eine Auswahl innerhalb der am besten geeigneten Herkünfte aus dem Ursprungsgebiet in Nordamerika erfolgen.

Das vorliegende Forschungsvorhaben soll die Grundlagen für die zukünftige Versorgung des Marktes mit hochwertigem und anpassungsfähigem Vermehrungsgut der Roteiche schaffen.

Das Projekt ist daher in zwei Teilverbünde gegliedert: zum einen die Charakterisierung der genetischen Basis von Wuchsleistung und Trockenstresstoleranz (Teilverbund A) und zum anderen die Auslese und Züchtung zur Erzeugung von hochwertigem und anpassungsfähigem Vermehrungsgut (Teilverbund B).

2.1 Teilverbund A

Die Chancen des Teilverbundes A liegen in der erstmaligen Charakterisierung der genetischen Grundlagen von Wuchsleistung und Trockenstresstoleranz bei der Roteiche und der Entwicklung von entsprechenden Markern für Trockenstresstoleranz. Die Identifizierung von Trockenstress-Markern auf der Ebene des Genoms, des Transkriptoms und des Metaboloms wird helfen, die molekularen Grundlagen für Trockenstresstoleranz und Zuwachsleistung zu verstehen und ist für die Auswahl von Beständen und unter züchterischen Aspekten von großer Bedeutung. So könnten in der Zukunft genetische Korrelationen zwischen Wuchsleistung und Markern für Trockenstresstoleranz bei der Auswahl von geeignetem Vermehrungsgut zur Produktion und Züchtung berücksichtigt werden.

Gewächshausversuch

In einem Gewächshausversuch haben wir zweijährige Sämlinge aus 11 deutschen Herkünften untersucht, die aus unterschiedlichen Herkunftsgebieten stammen und verschiedene ökologische Grundeinheiten und Bodentypen repräsentieren (Abb. 1). Im Durchschnitt sind etwa 100 Setzlinge pro Standort vertreten, was insgesamt 1041 Roteichen-Sämlinge ergibt. Der Versuch ist so aufgeteilt, dass eine Hälfte der Sämlinge (i.e. 521 Sämlinge) unter gut bewässerten Bedingungen und die anderen Sämlinge (i.e. 520 Sämlinge) unter kontrolliertem Trockenstress kultiviert werden (Abb. 2). Wir haben im Sommer 2021 einen moderaten Trockenstress angewendet, der zu einer signifikanten Verringerung des Sämlingswachstums ohne offensichtliche Trockenheitssymptome führte. Im Sommer 2022 verursachte ein starker Trockenstress eine Reihe von Trockenheitssymptomen an den Sämlingen (Abb. 3). Während einige Sämlinge unter diesem ausgeprägten Trockenstress weiterhin vital aussahen, begannen

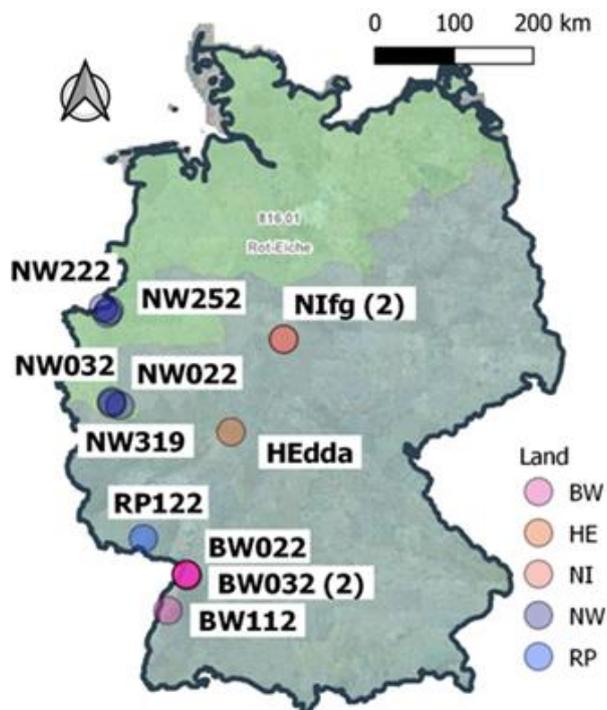


Abb. 3: Geografische Lage der im Sämlingsversuch genutzten deutschen Herkünfte. Die Herkunftsgebiete der Roteiche in Deutschland sind farbig unterlegt (hell grün = Norddeutsches Tiefland ist geprägt durch ein ozeanisch bis subozeanisches Tieflandklima mit langen Vegetationszeiten und milden Wintern; dunkel grün = Übriges Bundesgebiet über alle Höhenstufen und mit einem nach Südosten zunehmend kontinentaleren Klima; Karte: Landesforstverwaltung Brandenburg 2006).

andere Sämlinge Trockenstresssymptome zu zeigen wie z.B. Verlust des Turgors, Einrollen und Verfärben der Blätter, sowie Vertrocknen und Ausbleichen der Blätter.

Während und nach dem Experiment haben wir verschiedene physiologische Parameter (z.B. Stomatadichte, Wassernutzungseffizienz ($\delta^{13}\text{C}$), Photosynthese (PS-II)-Effizienz, Chlorophyllgehalt, stomatäre Leitfähigkeit, Sämlingswachstum sowie Blatt- und Wurzelmorphologie) aufgenommen, die als phänotypische Marker für Trockenstresstoleranz getestet werden.

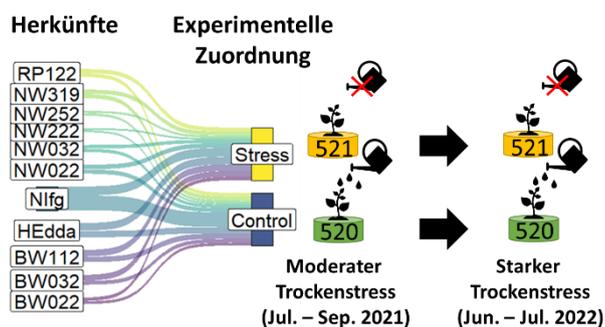


Abb. 2: Trockenstressexperimente – Versuchsübersicht.



Abb. 3: Klassifizierung der Trockenstress-Symptome von Roteichen-Sämlingen nach gravierendem Trockenstress (Juni-Juli 2022). Stufe 1: ohne Symptome; Stufe 2: einzelne Blätter ohne Turgor; Stufe 3: mindestens 1 Blatt eingerollt; Stufe 4: > 50% der Blätter eingerollt, trocken; Stufe 5: die Blätter verfärben sich weiß.

Metabolit- und Transkriptmarker für Trockenstresstoleranz

Mit Hilfe von Metabolom- und Transkriptom-Analysen kann der Einfluss abiotischer und biotischer Umweltfaktoren auf einen Organismus sehr genau beschrieben werden. Auch Variationen des Genotyps einer Spezies werden auf der Ebene des Metaboloms und Transkriptoms präzise abgebildet. Ein verändertes Profil von Metaboliten und Transkripten zeigen Pflanzen dementsprechend auch in Folge von Trockenstress, einem wesentlichen abiotischen Stressfaktor als Folge des Klimawandels. Die Anpassung an Wassermangel wird bei Pflanzen im Allgemeinen über das Hormon Abscisinsäure vermittelt und führt zu einer Repression der Photosynthese und andererseits zu einer Anreicherung von Zuckern, kompatiblen Soluten (z.B. Prolin) und Schutzproteinen (SCHRAML und RENNEBERG 2002; KERSTEN et al. 2013). Auch die Verstärkung der Wachsschicht auf der Blattoberfläche kann als effizienter Verdunstungsschutz dienen und damit vor unkontrolliertem Wasserverlust schützen (XUE et al. 2017).

Gerichtete sowie ungerichtete Metabolitenanalyse (*Metabolite Profiling* und *Metabolite Fingerprinting*) erlauben eine umfassende Charakterisierung des Metaboloms von Organismen. Ungerichtete

Metabolomanalysen basieren auf vergleichenden massenspektrometrischen Analysen. Sie erlauben den Vergleich des Metabolitengehaltes von Pflanzen unterschiedlicher genetischer Ausstattung und führen zur Identifizierung von Genotyp-assoziierten primären und sekundären Inhaltsstoffen (KERSTEN et al. 2013). Für die ungerichtete Metabolomanalyse ist es notwendig, die Extraktion möglichst aller Metabolite eines Organes oder Gewebes und deren Trennung mittels ultraschneller Flüssigkeitschromatographie gekoppelt an ein hochauflösendes Massenspektrometer zu gewährleisten. Nach umfangreichen Schritten der Datenprozessierung werden Intensitätsprofile von Interesse (z.B. charakterisiert durch stärkere Akkumulation in toleranten Genotypen) ausgewählt und die chemische Struktur der entsprechenden Inhaltstoffe aufgeklärt (DJAMEI et al. 2011; KÖNIG et al. 2012, 2014; TANAKA et al. 2014).

Während des Trockenstressversuchs wurden die Blätter von Stress- und Kontrollsämlingen zu drei Zeitpunkten (i.e., vor dem Stress T0, Frühstress T1, und Stress T2) gewonnen. Für die Analysen werden die Blätter unmittelbar nach der Ernte in flüssigem Stickstoff schockgefroren. Metaboliten und Transkripte werden als Marker für Trockenstresstoleranz identifiziert und verifiziert. Es wurde eine Methode für die ungerichtete Metabolomanalyse von Roteichenblättern basierend auf einer Zweiphasen-Extraktion und anschließender Analyse mittels ultraschneller Flüssigkeits-Chromatographie in Kombination mit hochauflösender Massenspektrometrie entwickelt (Abb. 4). Dieser Workflow wird nun für die Analyse von Sämlingen aus drei deutschen Herkünften mit besonders geringer bzw. hoher Trockenstresstoleranz genutzt. Parallel wird aus dem identischen Blattmaterial auch RNA isoliert, um Transkriptomdaten mittels RNAseq-Technologie zu generieren. Die identifizierten Marker können genutzt werden, um in einem nächsten Schritt gerichtete Analysen für diese Metabolit- und Transkript-Marker- zu etablieren und damit die Sämlinge weiterer Herkünfte zu analysieren.

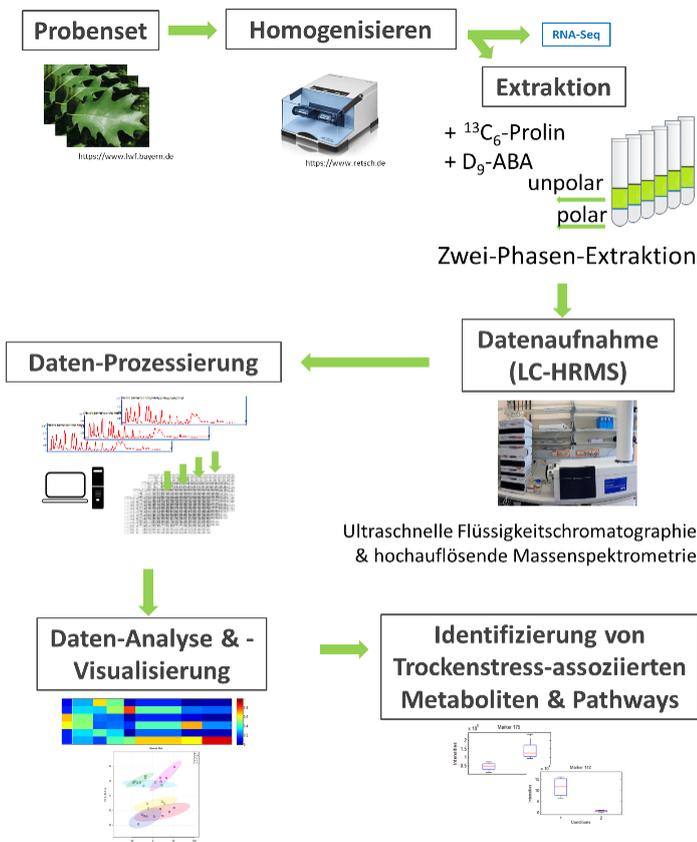


Abb. 4: Workflows der ungerichteten Metabolom-Analyse zur Identifizierung von Trockenstress-assoziierten Metaboliten für die Roteiche.

Genomweite Sequenzierung (RADseq) und Assoziationskartierung

Aus Blattmaterial von 521 Sämlingen des Trockenstressexperiments wurde genomische DNA isoliert. Zu jeder Blattprobe wurde eine Metallkugel gegeben und anschließend in flüssigem Stickstoff eingefroren. Die Blattproben wurden in der Schwingmühle (Retsch) pulverisiert. Aus dem Blattprobenpulver wurde die genomische DNA unter Verwendung des DNeasy Plant Mini Kit (Qiagen) isoliert. Die fluorometrische Quantifizierung der genomischen DNA für die „Restriction Site Associated DNA“ Sequenzierung (RADseq) erfolgte mit Hilfe des Qubit dsDNA HS Assay kits. Die Herstellung der RADseq-Bibliotheken erfolgt nach einem etablierten Protokoll (Baird et al., 2008) mit der Kombination der beiden Enzyme *Bam*HI und *Nsi*I für die Reduzierung der Genomkomplexität. Bioinformatische Analysen der RADseq Daten erfolgen wie in (GAILING et al. 2017) beschrieben. Für die Annotierung der Gene werden die Sequenzen mit Transkriptionsdatenbanken und mit der genomischen Sequenz von *Q. rubra* verglichen (CARLSON und Schmutz 2022). Die genomweite Assoziationskartierung mit dem Programm Tassel (GLAUBITZ et al. 2014) ermöglicht die Identifizierung von SNP-Allelen, die statistisch signifikant mit definierten Merkmalen (phänotypische Merkmale und Metabolite aus der gerichteten Metabolom-Analyse) assoziiert sind, und damit von genetischen Loci / Genen, deren kodierte Information die jeweiligen Wachstums-eigenschaften- sowie Trockenstresstoleranz-Phänotypen beeinflusst.

Herkunftsversuch

Datengrundlage für die Quantifizierung des Wuchsverhaltens unterschiedlicher Roteichenherkünfte ist die Aufnahme des Brusthöhendurchmessers (BHD) [cm] und der Stammform in einem Herkunftsversuch mit drei Versuchsflächen im nördlichen, östlichen und mittleren Teil Deutschlands. Der Herkunftsversuch wurde 1991 vom Thünen-Institut für Forstgenetik mit zweijährigen Sämlingen in einem vollständigen Blockdesign mit vier Wiederholungen angelegt. Dabei wurden Herkünfte aus dem natürlichen Verbreitungsgebiet und aus Deutschland berücksichtigt. Die Quantifizierung des Wuchsverhaltens (Grundfläche [m²/ha] im Alter 33) erfolgte zum einen über einfache varianzanalytische Auswertungen zur Identifikation signifikanter Wuchsunterschiede zwischen Herkünften und zwischen Versuchsflächen (KORMANN et al. 2023). Zum anderen wurde die Herkunft-Umwelt-Interaktion ausgewählter Herkünfte zur Charakterisierung von wuchsüberlegenen Generalisten, also Herkünfte mit einem standortunabhängigem Wuchsverhalten, und Spezialisten, also Herkünfte mit einem standortspezifischen Wachstum, herausgearbeitet (KORMANN et al., eingereicht). Die gewonnenen Erkenntnisse können in Herkunftsempfehlungen implementiert werden.

Die Beurteilung der Trockenstresstoleranz ausgewählter Herkünfte auf den drei Versuchsflächen erfolgt über eine Jahrringanalyse. Dazu wurden Bohrkern von Individuen der Kraft'schen Klasse 1 und 2 entnommen, um episodischen Trockenstress über Veränderungen der Jahrringbreiten und Identifikation von Weiserjahren quantifizieren zu können. Mithilfe verschiedener Indices (LLORET et al. 2011; SCHWARZ et al. 2020) soll die Reaktion vor und nach einem identifizierten Trockenstressereignis ermittelt werden.

Auf Grundlage der gewonnenen Erkenntnisse werden ca. 50 Plusbäume ausgewählt und vegetativ vermehrt. Anschließend erfolgt die Anlage einer Samenplantage für die Versorgung mit hochwertigem Vermehrungsgut.

Identifizierung von trockenstresstoleranten Markern basierend auf Gewächshaus- und Herkunftsversuch

Die Durchführung der genomweiten Assoziationskartierung für die Sämlinge des Trockenstressexperiments ermöglicht erstmals die Identifizierung der genetischen Basis der Wachstumseigenschaften der Roteiche sowie ihrer Trockenstresstoleranz. Mit modernen Hochdurchsatzverfahren bei der Genotypisierung (z.B. MassARRAY-System, Agena Bioscience) ist es möglich, eine große Anzahl von genetischen Varianten zu bestimmen. SNP-Marker bzw. Gene, die signifikant mit den Wachstumseigenschaften und/ oder der Trockenstresstoleranz assoziiert sind, werden an 520 Kontrollsämlingen des Gewächshausversuchs, an ca. 600 ausgewählten Bäumen der Herkunftsversuche und zusätzlich an ca. 100 Plusbäumen aus verschiedenen deutschen Populationen und deren Nachkommen (im Teilverbund B) überprüft und weiter charakterisiert. Bei der Auswahl des geeigneten

Vermehrungsmaterials für Produktion und Züchtung könnten zukünftig genetische Korrelationen zwischen Wuchsleistung und dem Set an Trockenstress-Toleranzmarkern berücksichtigt werden (Abb. 5).

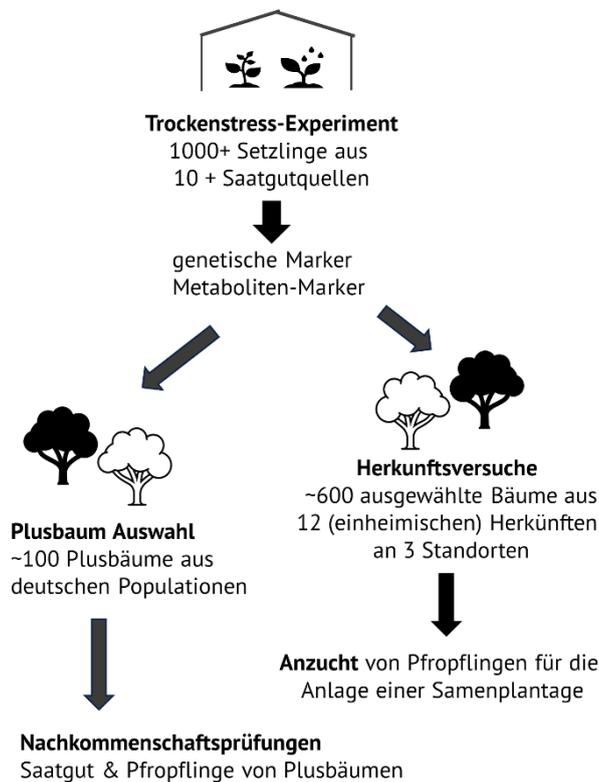


Abb. 5: Identifizierung von trockenstresstoleranten Roteichen basierend auf Gewächshaus- und Herkunftsversuchen.

2.2 Teilverbund B

Das Vorhaben des Teilverbunds B gliedert sich in vier Arbeitsbereiche: (1) Auslese von Plusbäumen und genetische Untersuchung ihrer Herkunft und Vielfalt; (2) Einleitung eines Züchtungsprogrammes durch Auswahl und Vermehrung von Plusbäumen; (3) Phänotypisierung von Plusbäumen mit Biomarkern und (4) Untersuchung der genetischen Diversität und der physiologischen Reaktion auf Trockenheit. In den folgenden Abschnitten werden die verschiedenen Arbeitspakete zusammengefasst.

Zuchtzoneneinteilung der Roteiche

Als erste wichtige Aufgabe wird eine Einteilung des Bundesgebietes in Zuchtzonen vorgenommen. Da es bisher kein Zuchtprogramm gab, wäre eine Einteilung in Zuchtzonen in Deutschland nicht zu erwarten gewesen. Zuchtzonen sind Gebiete, die durch bestimmte edaphoklimatische Bedingungen definiert sind und über ein eigenes, separates Verbesserungsprogramm und verschiedene Ausgangs-, Auswahl-, Zucht- und Vermehrungspopulationen verfügen (WHITE et al. 2007). Diese sollen so definiert sein, dass sie maximale Anbausicherheit und minimales Fehlanpassungsrisiko für die jeweiligen Zuchtpopulationen bieten. In diesem Projekt wird eine Einteilung in zwei Zuchtzonen vorgeschlagen, die sich an den ökologischen Bedürfnissen der Baumart orientiert. Auch die Klimaprognosen in Bezug auf die Trockenheit werden berücksichtigt. Um eine wissenschaftlich fundierte Zuchtzoneneinteilung vornehmen zu können, werden wir unsere vorläufige Zuchtzoneneinteilung verfeinern, sobald wir die Ergebnisse der phänotypischen Untersuchungen ausgewertet haben.

Ausgangspopulationen

Als Ausgangspopulationen werden Bestände ausgewählt, welche einerseits aus qualitativer Sicht und andererseits aus Sicht der Klimaanpassung gutes Ausgangsmaterial für Samenplantagen liefern können. Um in der Auslesepopulation eine hohe Anpassungsfähigkeit an eine Vielzahl von Standorten zu erhalten, ist es sinnvoll, die Ausgangspopulationen aus einer hohen Vielfalt an Standorten auszuwählen (vgl. WHITE et al. 2007).

Es wurden deutschlandweit verschiedene ökologische Parameter erhoben: Wasserhaushalt der letzten Normalperiode (1991-2020) und Vorhersagen für den Klimawandel (RCP 8.5, 2071-2099), geschätzte Nährstoffversorgung (KOLB et al. 2019), vorläufige Zuchtzonenverteilung und Höhe (DGM). Anhand dieser Daten wurde eine repräsentative Auswahl von Beständen getroffen (Abb. 6).

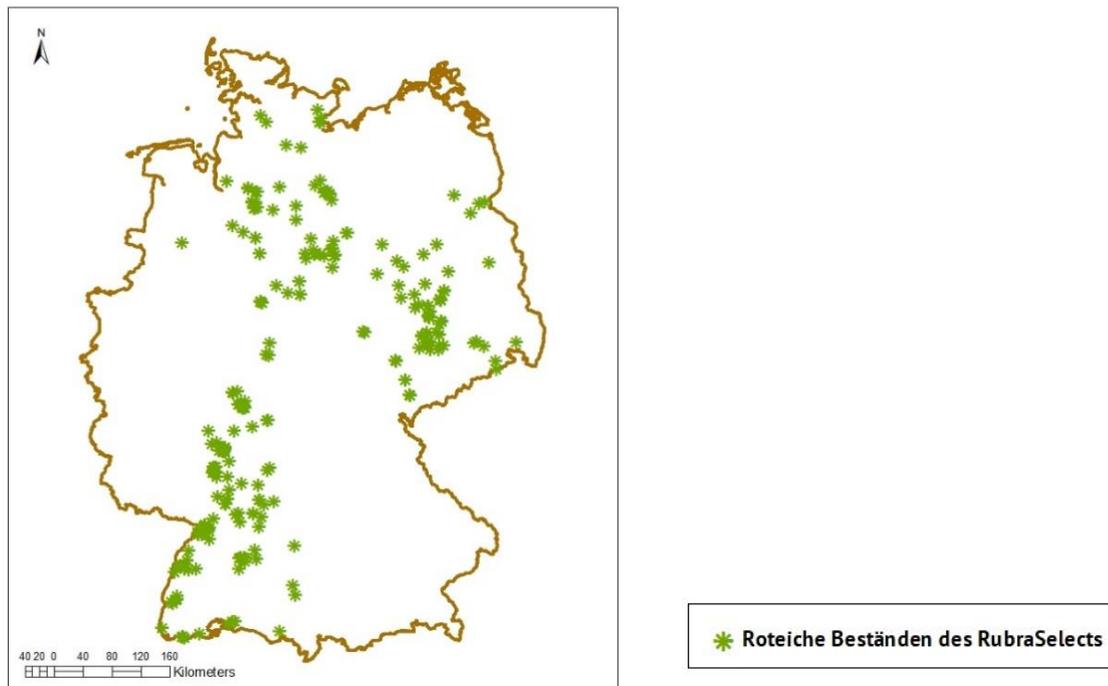


Abb. 6: Ausgangspopulationen des RubraSelect Projekts.

Berechnung der Standortwasserbilanz im effektiven Wurzelraum

Die Standortwasserbilanz wurde anhand von Klimadaten des Deutschen Wetterdienstes (1000 m x 1000 m) und Bodendaten aus der Bodenübersichtskarte 1:250.000 berechnet.

Zunächst wurde die klimatische Wasserbilanz der Vegetationsperiode (Abb.) berechnet: Niederschlag (mm) minus potentielle Evapotranspiration (mm) für die Monate Mai bis September (jeweils inklusive). Anschließend wurde die nutzbare Feldkapazität im effektiven Wurzelraum (mm) addiert und so die Standortwasserbilanz im effektiven Wurzelraum ermittelt.

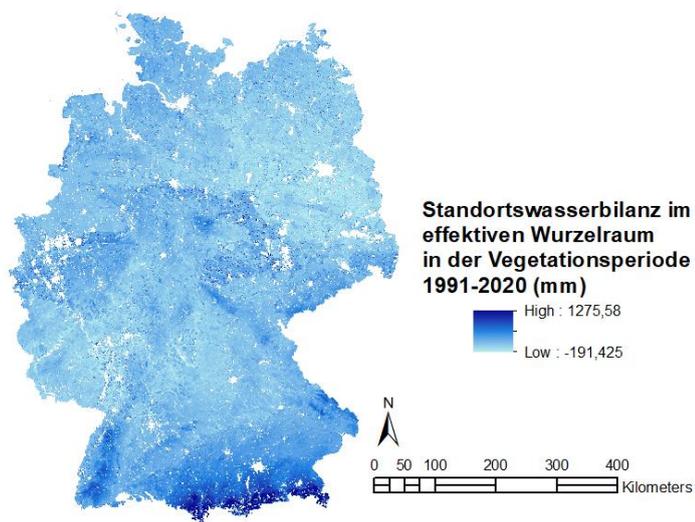


Abb. 7: Standortwasserbilanz im effektiven Wurzelraum in der Vegetationsperiode 1991-2020.

Ableitung der Nährstoffversorgung

Um zu gewährleisten, dass alle beteiligten Projektpartner auf Basis einer einheitlichen und vergleichbaren Datengrundlage arbeiteten, ist die Nährstoffkarte von KOLB et al. (2019) herangezogen worden. Diese ist zwar großmaßstäbig, bietet aber den Vorteil einer deutschland- bzw. europaweit einheitlichen Datenbasis auf digitaler Grundlage. Dabei gliedert sich die Nährstoffversorgung in 10 Stufen (Abb. 8).

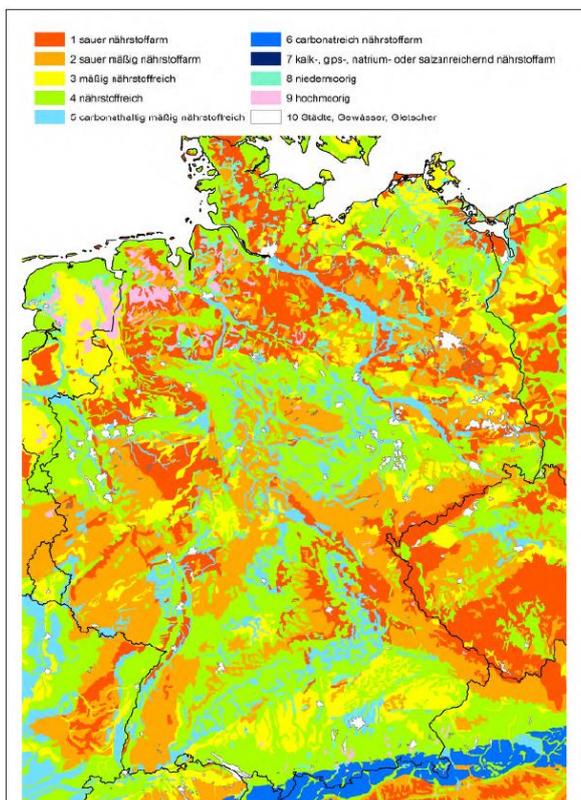


Abb. 8: Verteilung des Nährstoffstatus der Böden in Deutschland (KOLB et al. 2019).

Plusbäume

Einheitliche Vorgaben für die Plusbaumauswahl wurden festgelegt und im Anschluss wurde die Massenauslese durch die Projektpartner in ihrem Zuständigkeitsbereich durchgeführt. In den ausgewählten Beständen konnten insgesamt 200 Bäume mit herausragendem Phänotyp ausgewählt werden. Zusätzlich wurden 50 Bäume aus Herkunftsversuchen im Teilverbund A ausgewählt.

Da über die genetischen Voraussetzungen der ausgewählten Bestände nichts bekannt ist, können die Plusbäume nur anhand phänotypischer Merkmale ausgewählt werden. Bei den Auswahlkriterien steht die Stammqualität an erster Stelle, während die Wuchleistung als zweitrangig behandelt wird. Die Vitalität der einzelnen Plusbäume ist im Verhältnis zum Bestandeskollektiv besonders zu beachten. Da die Selektionsintensität den Züchtungsfortschritt beeinflusst (WHITE et al. 2007), ist der Anteil der Plusbäume an der Gesamtpopulation (pro Bestand) von Beginn an zu begrenzen.

Die Aufnahme der Plusbäume gliedert sich im ersten Teil in allgemeine Angaben (Aufnahmedatum, Plusbaumkartierer, Plusbaumnummer, Flächentyp, geografische Koordinaten, Bundesland, Zuchtzone, Besitztart, Höhe, Exposition, Forstadresse und ggf. Angaben zur Versuchsfläche) sowie im zweiten Teil in Angaben zum Einzelbaum (Alter, Baumhöhe, Kronenansatz, BHD, Massenleistung, Baumklasse, Vitalität, Geradschaftigkeit, Wipfelschäftigkeit, Zwiesel, Steilastbildung, Wasserreiser, Drehwuchs, weitere Bemerkungen). Zusätzlich erfolgen eine fotografische Erfassung der Plusbäume sowie die Markierung der Bäume im Gelände.

Physiologische Untersuchungen

An Nachkommenschaften ausgewählter Plusbäume werden Untersuchungen zu den physiologischen Reaktionen auf Trockenheit in Gefäßversuchen unter kontrollierten Bedingungen im Gewächshaus durchgeführt. Dazu werden beim Staatsbetrieb Sachsenforst aus Stichproben von Einzelbaumsaatgut Ballenpflanzen angezogen. Die Untersuchungen werden auch die stichprobenweise Erhebung struktureller Parameter der Trockenstresstoleranz und des Wasserhaushaltes umfassen. Die Erfassung der strukturellen Parameter erfolgt an Pflanzenteilen mit dem XYL'EM-Messgerät im Labor des SBS.

Eine weitere phänotypische Studie wird von den Kollegen des Landeskompetenzzentrums Forst Eberswalde durchgeführt. Diese werden verschiedene Biomarker verwenden, um die Stresstoleranz zu bewerten. Die 250 ausgewählten Plusbäume beider Saatgutazonen werden auf der Grundlage von Biomarkern (Chlorophylle, Kohlenhydrate, Aminosäuren, Proteine, Phenole, Ascorbat, Blattbiomasseparametern) sowie Biomarkermustern (KÄTZEL und LÖFFLER 2016) und vor dem Hintergrund der Vitalität (Kronenverlichtung, Bonität) bewertet. Hierzu sind vorab Vitalitäts-Referenzbereiche zu erarbeiten (KÄTZEL 2003).



Abb. 9: Eislagerung der gesammelten Blattproben der Plusbäume zur Analyse im Labor durch das Team von LFE. (Foto: EVA ARDAO RIVERA/FVA-BW)

Genetische Untersuchungen

Neben der Identifizierung von Klonen soll die Genotypisierung Aufschluss über die Herkunft von Plusbäumen und Beständen (im Vergleich zu Referenzbeständen aus dem Heimatgebiet) geben und zur Untersuchung der genetischen Vielfalt und Struktur sowie der anpassungsrelevanten Variation dienen.

Zur genetischen Untersuchung sollen bis zu 20 Kern- und 5 Chloroplastenmikrosatelliten-Marker verwendet werden. Die Auswahl und Optimierung der zu verwendenden molekularen Marker findet mithilfe einer Stichprobe von Roteichenindividuen im molekulargenetischen Labor der FVA-BW und des SBS statt. Gleichzeitig wird ein gemeinsames Kollektiv von Referenzproben verwendet, um die Vergleichbarkeit der Daten zwischen den beiden Laboren zu gewährleisten. Zur Plusbaumgenotypisierung wird während der Reisernte Gewebe gewonnen, von welchem DNA im molekulargenetischen Labor der FVA-BW extrahiert wird (insgesamt 250 Plusbäume).

Zur Untersuchung der Paarungsverhältnisse in Bezug auf eine mögliche genetische Verarmung aufgrund von niedriger Populationsgröße und / oder räumlicher Isolation werden zwei Bestände intensiv beprobt, die stammzahlreich und großflächig sind. Zusätzlich werden zwei stammzahlarme und räumlich isolierte Bestände beprobt. Neben den Altbäumen sollen auch Absaaten von ca. 10 Mutterbäumen pro Bestand genetisch charakterisiert werden. Im Durchschnitt wird mit 100 Altbäumen und 300 (10 x 30) Nachkommen pro Bestand gerechnet. Darüber hinaus wird im molekulargenetischen Labor des SBS eine genetische Analyse von jeweils bis zu 100 Altbäumen aus 15 Roteichenbeständen zur Charakterisierung der genetischen Struktur durchgeführt werden. Exemplarisch werden Nachkommen von Plusbäumen aus der phänotypischen Untersuchung auch genetisch analysiert, um der Frage einer potenziellen genetischen Einengung nachzugehen.

Schließlich soll extrahierte DNA von allen Plusbäumen an die Universität Göttingen (Teilverbund A) versendet werden, die eine Analyse an anpassungsrelevanten SNP-Markern durchführen wird.

Anzucht der Nachkommenschaften

Von den Plusbäumen werden sowohl Reiser als auch Samen gewonnen. Das Saatgut wird in den Baumschulen der Forstlichen Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg und der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt ausgesät und angezogen. Die erzeugten Baumschulpflanzen werden am Ende des Projekts für Versuchsflächenanlagen aller Projektpartner benötigt. Während der Anzuchtphase werden regelmäßig Austriebs-, Johannistriebs- und Abschlussbonituren durchgeführt. Informationen über ihr Wuchsverhalten und phänotypische Merkmale werden aufgezeichnet und untersucht, da sie frühzeitig Informationen über anpassungsrelevante Merkmale liefern.

Die Nachkommen aus der vegetativen Vermehrung (Pfropfung) werden zum Ende der Projektlaufzeit in Klonarchive ausgepflanzt.

Versuchsflächen

Schließlich werden alle notwendigen Schritte unternommen, um Nachkommenschaftsprüfungen anzulegen, die später in Samenplantagen überführt werden sollen. Das Design der Fläche soll eine gleichzeitige Auswertung der Ursprungsbestände (Herkünfte) sowie der Familien (Einzelstammabsaaten der Plusbäume) erlauben. Pro Zuchtzone sind drei Versuchsflächen vorgesehen, also insgesamt sechs Versuchsflächen.

Danksagung

Die Autoren bedanken sich herzlich für die Unterstützung aller Mitarbeiter und Mitarbeiterinnen, die auf der Fläche, im Labor, im Gewächshaus oder im Büro an den Projektarbeiten teilnehmen. Unser Dank gilt auch den lokalen Forstbehörden für die Unterstützung. Das Projekt wird durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft und das Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz, nukleare Sicherheit und Verbraucherschutz

aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages gefördert. Es wird durch die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe (FNR) im Rahmen der Förderrichtlinie Waldklimafonds betreut (Förderkennzeichen 2220WK21A4 und 2220WK03A4).

Referenzen

- BAIRD NA, ETTER PD, ATWOOD TS, CURREY MC, SHIVER AL, LEWIS ZA, SELKER EU, CRESKO WA, JOHNSON EA (2008): Rapid SNP Discovery and Genetic Mapping Using Sequenced RAD Markers. *PLoS One*, 3.
- BARRETT S, HUSBAND BC (1990): The genetics of plant migration and colonization. In: BROWN AHD, CLEGG MT, KAHLER A L, WEIR BS (eds.): Plant population genetics, breeding, and genetic resources. Sunderland, Massachusetts, USA: Sinauer Associates Inc.
- CARLSON JE, SCHMUTZ J (2022): *Quercus rubra v1.1* [Online]. DOE-JGI. Available: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Quabra_v2_1 [Accessed 21.11.2022 2022].
- DJAMEI A, SCHIPPER K, RABE F, GHOSH A, VINCON V, KAHNT J, OSORIO S, TOHGE T, FERNIE AR, FEUSSNER I, FEUSSNER K, MEINICKE P, STIERHOF YD, SCHWARZ H, MACEK B, MANN M, KAHMANN R (2011): Metabolic priming by a secreted fungal effector. *Nature* 478: 395-400.
- DLUGOSCH KM, PARKER IM (2008): Founding events in species invasions: genetic variation, adaptive evolution, and the role of multiple introductions. *Molecular Ecology* 17: 431-449.
- GAILLING O, STATON ME, LANE T, SCHLARBAUM SE, NIPPER R, OWUSU SA, CARLSON JE (2017): Construction of a Framework Genetic Linkage Map in *Gleditsia triacanthos* L. *Plant Mol Biol Rep* 35: 177-187.
- GLAUBITZ JC, CASSTEVENS TM, LU F, HARRIMAN J, ELSHIRE RJ, SUN Q, BUCKLER ES (2014): TASSEL-GBS: A high capacity genotyping by sequencing analysis pipeline. *PLoS One* 9: 11.
- KÄTZEL R (2003): Biomarker als Indikatoren des Vitalitätszustandes der Gemeinen Kiefer (*Pinus sylvestris* L.) im nordostdeutschen Tiefland. Habilitation, TU Dresden.
- KÄTZEL R, LÖFFLER S (2016): 20 Jahre Biomarker als Vitalitätsindikatoren im Forstlichen Umweltmonitoring - Ergebnisse und Erfahrungen. 30 Jahre Forstl. Umweltmonitoring Brand. 58: 174-189.
- KERSTEN B, GHIRRSRDO A, SCHNITZLER JP, KANAWATI B, SCHMITT-KOPPLIN P, FLADUNG M, SCHROEDER H (2013): Integrated transcriptomics and metabolomics decipher differences in the resistance of pedunculate oak to the herbivore *Tortrix viridana* L. *BMC Genomics* 14: 21.
- KOLB E, MELLERT KH, GÖTTLEIN A (2019): Soil nutrient status of natural soils in Europe. *Waldökologie, Landschaftsforschung und Naturschutz*: 5-13.
- KÖNIG S, FEUSSNER K, KAEVER A, LANDESFELD M, THUROW C, KARLOVSKY P, GATZ C, POLLE A, FEUSSNER I (2014): Soluble phenylpropanoids are involved in the defense response of *Arabidopsis* against *Verticillium longisporum*. *New Phytologist*, 202: 823-837.
- KÖNIG S, FEUSSNER K, SCHWARZ M, KAEVER A, IVEN T, LANDESFELD M, TERNES P, KARLOVSKY P, LIPKA V, FEUSSNER I (2012): *Arabidopsis* mutants of sphingolipid fatty acid α -hydroxylases accumulate ceramides and salicylates. *New Phytologist* 196: 1086-1097.
- KORMANN JM, LIESEBACH M, LIEPE KJ (2023): Wachstum der Roteiche (*Quercus rubra* L.) in zwei Herkunftsversuchsreihen in Deutschland. *Thünen Rep* 105: 257-266.
- LLORET F, KEELING EG, SALA A (2011): Components of tree resilience: effects of successive low-growth episodes in old ponderosa pine forests. *Oikos* 120: 1909-1920.
- NAIDOO S, CHRISTIE N, ACOSTA JJ, MPHALELE MM, PAYN KG, MYBURG AA, KÜLHEIM C (2018): Terpenes associated with resistance against the gall wasp, *Leptocybe invasa*, in *Eucalyptus grandis*. *Plant, Cell & Environment* 41: 1840-1851.
- PETTENHOFER T, BURKARDT K, AMMER C, VOR T, FINKELDEY R, MULLER M, KRUTOVSKY K, VORNAM B, LEINEMANN L, GAILLING O (2019a): Genetic diversity and differentiation of introduced red oak (*Quercus rubra*) in Germany in comparison with reference native North American populations. *Eur. J. For. Res.* 138: 275-285.
- PETTENHOFER T, LEINEMANN L, GAILLING O (2019b): Eine Übersicht zu Untersuchungen der Herkunft und genetischen Variation der Roteiche (*Quercus rubra* L.) in natürlichen und eingeführten Populationen. *AFJZ* 190: 22-30.
- SCHRAML C, RENNINGER H (2002): Ökotypen der Rotbuche (*Fagus sylvatica* L.) zeigen unterschiedliche Reaktionen auf Trockenstress. *Forstwissenschaftliches Centralblatt* 121: 59-72.

SCHWARZ J, SKIADARESI G, KOHLER M, KUNZ J, SCHNABEL F, VITALI V, BAUHUS J (2020): Quantifying Growth Responses of Trees to Drought—a Critique of Commonly Used Resilience Indices and Recommendations for Future Studies. *Curr. For. Rep.* 6: 185-200.

TANAKA H, YOSHIDA S, MINOURA H, NEGORO K, SHIMAYA A, SHIMOKAWA T, SHIBASAKI M (2014): Novel GPR40 agonist AS2575959 exhibits glucose metabolism improvement and synergistic effect with sitagliptin on insulin and incretin secretion. *Life Sci.* 94: 115-121.

WHITE TL, ADAMS WT, NEALE DB (2007): *Forest genetics*. Cambridge, Massachusetts, USA, Cabi publishing.

XUE D, ZHANG X, LU X, CHEN G, CHEN Z-H (2017): Molecular and evolutionary mechanisms of cuticular wax for plant drought tolerance. *Frontiers in Plant Science* 8.

Autorinnen und Autoren

EVA ARDAO RIVERA, SILVIJA BILELA-ECKERT, ALEXANDER BRAUN, JÖRN ERBACHER, JÖRG KLEINSCHMIT, NICK LAMPRECHT, CHARALAMBOS NEOPHYTOU

Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg, Waldnaturschutz, Waldgenetik und forstliches Vermehrungsgut, Wonnhaldestraße 4, 79100 Freiburg i. Br.

Kontakt: charalambos.neophytou@forst.bwl.de

HIEU CAO, OLIVER GAILING

Universität Göttingen, Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie, Abteilung Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Büsgenweg 2, 37077 Göttingen

ILKA DE ABREU, IVO FEUSSNER, KIRSTIN FEUBNER, AMÉLIE A. KELLY

Universität Göttingen, Fakultät für Biologie und Psychologie, Abteilung Biochemie der Pflanze, Justus-von-Liebig-Weg 11, 37077 Göttingen

FRANK BECKER, RALF KÄTZEL, SONJA LÖFFLER

Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde, Fachbereich Waldökologie und Monitoring, 16225 Eberswalde, Alfred-Möller-Str. 1

JONATHAN M. KORMANN, KATHARINA J. LIEPE, MIRKO LIESEBACH

Thünen Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf

MARTIN HOFMANN, WILFRIED STEINER, MARTHA TÖPPE, MIRIAM WATERMEIER

Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Abteilung Waldgenressourcen, Prof.-Oelkers-Str. 6, Hann. Münden

MARIE BRÜCKNER, DORIT RIEDEL, MAREK SCHILDBACH, UTE TRÖBER, HEINO WOLF

Staatsbetrieb Sachsenforst, Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna OT Graupa

Wachstum der Roteiche (*Quercus rubra* L.) in zwei Herkunftsversuchsserien in Deutschland

JONATHAN M. KORMANN, MIRKO LIESEBACH, KATHARINA J. LIEPE

Zusammenfassung

Die Roteiche (*Quercus rubra* L.) hat ihr natürliches Verbreitungsgebiet in Nordamerika und ist in Deutschland die flächenmäßig bedeutendste eingebürgerte Laubbaumart. Aufgrund ihres hohen Wuchspotenzials sowie vielfältigen und hochwertigen Holznutzungsmöglichkeiten, ist sie im Rahmen des klimabedingten Waldumbaus eine potenzielle Alternative zur gezielten Einbringung als Mischbaumart. In Deutschland fehlt es derzeit jedoch an Praxisempfehlungen für die standortgerechte Wahl von angepasstem Vermehrungsgut. Insbesondere ein Vergleich zwischen Absaaten aus deutschen Beständen und solchen aus dem natürlichen Verbreitungsgebiet fehlt, um die Frage nach der Relevanz zukünftiger Saatgutimporte zu beantworten. Zwei vom Thünen-Institut für Forstgenetik 1991 respektive 1993 angelegte Herkunftsversuche liefern Erkenntnisse über das Wuchsverhalten verschiedener Herkünfte aus Deutschland sowie aus dem natürlichen Verbreitungsgebiet. Varianzanalytische Auswertungen der Grundfläche [m²/ha] beider Versuchsserien im Alter von 33 und 31 Jahren zeigen ein gleichwertiges oder besseres Wachstum deutscher Herkünfte gegenüber Herkünften aus dem südlichen, nördlichen und östlichen natürlichen Verbreitungsgebiet. Innerhalb des natürlichen Verbreitungsgebietes zeigen Herkünfte aus dem Norden eine höhere Wuchsleistung als südliche Herkünfte. Eine Leistungssteigerung gegenüber in Deutschland bereits etablierten Beständen kann durch einen Saatgutimport nicht erwartet werden. Die Ergebnisse legen nahe, dass die betrachteten deutschen Herkünfte nicht aus den untersuchten südlichen Regionen im natürlichen Verbreitungsgebiet stammen.

Abstract

Growth of Northern red oak (*Quercus rubra* L.) in two provenance trial series in Germany

The Northern Red Oak (*Quercus rubra* L.) has its natural distribution in North America and is currently the most common introduced deciduous tree species in Germany. Due to its high growth potential as well as its versatile and high-quality wood utilization possibilities, it is a potential alternative for forest restoration as a mixed tree species in the context of increasing temperatures. In Germany, however, there is currently a lack of practical recommendations for the site-specific selection of adapted reproductive material. In particular, a comparison between propagule from German stands and those from the natural distribution is missing so far to answer the question of the relevance of prospective seed imports. Two provenance trials, established by the Thünen Institute of Forest Genetics in 1991 and 1993, respectively, provide information on the growth behaviour of different provenances from Germany and from the natural distribution. Analysis of Variance of the basal area [m²/ha] of both trial series at age 33 and 31 show equivalent or better growth of German provenances compared to provenances from the southern, northern and eastern natural distribution. Within the natural distribution, provenances from the North show higher growth performance than southern provenances. An increase in growth by seed import compared to stands already established in Germany cannot be expected. The results suggest that the German provenances considered in the analysis do not originate from the examined southern regions in the natural distribution.

1 Einleitung

Die aus Nordamerika stammende Roteiche (*Quercus rubra* L.) wurde bereits 1691 in Europa als eine der ersten fremdländischen Eichenarten eingebürgert (GÖHRE und WAGENKNECHT 1955). Heute ist sie mit rund 350.000 ha eine wichtige Alternativbaumart in Europa (NICOLESCU et al. 2020) und mit 55.000 ha die flächenmäßig bedeutendste fremdländische Laubbaumart in Deutschland (BMEL 2022). Die Implementierung der Roteiche in das Wiederbewaldungskonzept NRW unterstreicht ihre Bedeutung im Hinblick auf klimastabile Mischwälder (MULNV 2020). Aufschwung erlangte die Roteiche aufgrund verschiedener positiver Eigenschaften. Den heimischen Eichenarten *Q. robur* und *Q. petraea* ist die Roteiche bis zu 20 % im Höhenwachstum und bis zu 50 % im Volumen überlegen (KLEMMT et al. 2013; SEIDEL und KENK 2003). Die Holzerlöse liegen zwar bis zu einem Drittel unter den Erlösen heimischer Eichen (SEIDEL und KENK 2003), dennoch ist das Holz der Roteiche hochwertig und vielseitig als Bauholz sowie im Möbel- und Innenausbau einsetzbar (GÖHRE und WAGENKNECHT 1955; NICOLESCU et al. 2020). Zusätzlich wurde die Roteiche aufgrund verschiedener positiver ökologischer Eigenschaften als anbauwürdig eingestuft (NAGEL 2015; OTTO 1993).

Bislang fehlt es an wissenschaftlich fundierten Anbauempfehlungen für geeignete Herkünfte und einem Vergleich zwischen Absaaten aus dem natürlichen Verbreitungsgebiet mit jenen aus etablierten Beständen in Deutschland. Im Hinblick auf die Klimaänderungen (IPCC 2021) ist es nötig, Herkünfte zu identifizieren, die in Deutschland für den Anbau in trockeneren klimatischen Verhältnissen bezogen auf Wuchs- und Formparameter empfohlen werden können. Insbesondere vor dem Hintergrund des Waldumbaus sowie der damit verbundenen steigenden Nachfrage nach weiteren Saatgutimporten ist eine Praxisempfehlung anbauwürdiger Herkünfte wichtig. Ziel dieses Beitrags ist die Analyse von zwei Herkunftversuchsserien, die 1991 bzw. 1993 vom Thünen-Institut für Forstgenetik mit Herkünften aus dem natürlichen Verbreitungsgebiet und aus Deutschland angelegt wurden, um wuchsüberlegende Herkünfte zu identifizieren und in eine Empfehlung implementieren zu können. Einfache Varianzanalysen dienen der Untersuchung signifikanter Wuchsunterschiede zwischen Herkünften und zwischen Versuchsflächen. Als Maß für die Produktivität dient die Grundfläche [m²/ha] im Alter von 33 (erste Versuchsserie) bzw. 31 Jahren (zweite Versuchsserie).

2 Material und Methoden

Die Einsammlung des Saatgutes zur Anlage der ersten Herkunftversuchsserie erfolgte 1988 in 14 ausgewählten Beständen im Norden und Süden des natürlichen Verbreitungsgebietes (Abb. 1). Parallel wurde Saatgut aus acht Erntebeständen in Deutschland beschafft, wobei die Herkunft Nr. 43 (Buckow, Brandenburg) ein Jahr später angezogen wurde. Hinzu kamen zwei Saatgutpartien aus Polen und den Niederlanden. Die Anlage der Versuchsflächen erfolgte im Frühjahr 1991 mit 2-jährigen Pflanzen als vollständige Blockanlage mit 4 Wiederholungen und einem Pflanzverband von 2,5 x 1,2 m. Die Parzellen bestehen aus je 6 Reihen mit jeweils 8 Individuen. Die Versuchsflächen liegen im nördlichen (Dunkelsdorf), östlichen (Waldsiefersdorf) und mittleren Teil (Wächtersbach) Deutschlands (Abb. 1). Eine vierte Fläche im Westen musste aufgrund hoher Ausfallraten kurz nach der Anlage aufgegeben werden. Eine Übersicht der verwendeten Herkünfte sowie der Versuchsflächen der ersten Versuchsserie geben LIESEBACH und SCHNECK (2011).

Zwei Jahre später erfolgte die Anlage eines parallelen Herkunftversuchs mit 10 Herkünften aus dem östlichen natürlichen Verbreitungsgebiet und 6 deutschen Herkünften (Abb. 1). Dabei wurden vier deutsche Herkünfte aus der ersten Versuchsserie (Nr. 33 Bremervörde, 38 Mörfelden, 40 Wiesloch und 41 Reutlingen) sowie zwei weitere aus Schleswig-Holstein (Nr. 1 Lübeck) und Sachsen (Nr. 21 Moritzburg) verwendet. Eine Übersicht über die in der zweiten Versuchsserie verwendeten Herkünften ist in Tabelle 1 einzusehen. Von den ursprünglich ebenfalls vier angelegten Parallellflächen sind derzeit noch die Flächen Nütschau (in räumlicher Nähe zur Fläche Dunkelsdorf der ersten Serie) und Eberswalde (in räumlicher Nähe zur Fläche Waldsiefersdorf) auswertbar (Stand 2022). Die Anlage der Fläche Eberswalde erfolgte ebenfalls als vollständige Blockanlage mit drei Wiederholungen. Die Fläche Nütschau wurde mit 4 Wiederholungen angelegt, wobei die vierte Wiederholung nicht alle Herkünfte

enthält und in der Analyse nicht berücksichtigt wird. Die Parzellengröße und der Pflanzverband sind identisch zur ersten Serie. Eine Beschreibung der Versuchsflächen der zweiten Serie ist in Tabelle 2 aufgeführt.

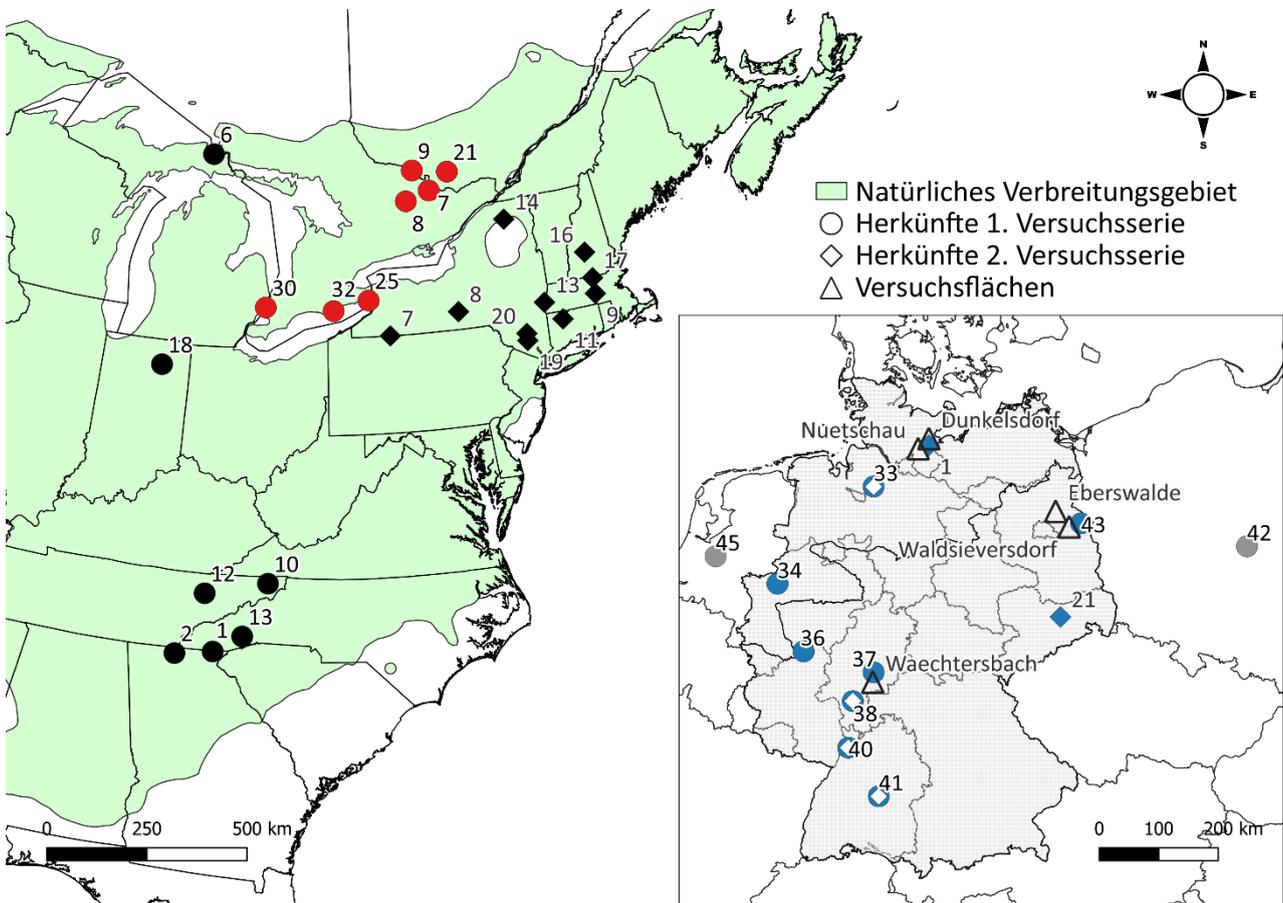


Abb. 4: Kartografische Darstellung der eingesammelten Herkünfte im natürlichen Verbreitungsgebiet (nach LITTLE 1971) und Europa. Herkünfte aus der 1. Versuchsserie (Kreis) werden farblich unterschieden zwischen Kanada (rot) und Vereinigte Staaten (schwarz). Herkünfte aus Deutschland (blau) und Europa (grau) sind ebenfalls kreisförmig dargestellt. Herkünfte aus der 2. Versuchsserie (Raute) liegen im östlichen natürlichen Verbreitungsgebiet (schwarz) und Deutschland (weiße Raute = doppelt verwendete Herkünfte). Die Lage der Versuchsflächen beider Serien ist mit schwarzen Dreiecken gekennzeichnet.

Tabelle 4: Übersicht der in der zweiten Versuchsserie von 1993 verwendeten Herkünfte. (Herkünfte der ersten Serie in LIESEBACH und SCHNECK (2011)).

Herkunfts-Nr.	Herkunft			Eberswalde	Nütschau
	Land*	Bundesstaat/-land	Bezeichnung		
1	DE	Schleswig-Holstein	Lübeck	x	x
21	DE	Sachsen	Moritzburg, Fasanerie	x	x
33	DE	Niedersachsen	Bremervörde	x	x
38	DE	Hessen	Mörfelden	x	x
40	DE	Baden-Württemberg	Wiesloch	x	x
41	DE	Baden-Württemberg	Reutlingen	x	x
7	US	Pennsylvania	Moshannon Clearfield	x	x
8	US	New York	Hammond Hill Tompkins	x	x
9	US	Massachusetts	Harvard Forest Worcester	x	x
11	US	Connecticut	Peoples State Litchfield	x	x
13	US	New York	Beebe Hill Columbia	x	x
14	US	Vermont	Colchester Bog Chittenden	x	x
16	US	New Hampshire	Barden Tree Farm Stafford	x	x
17	US	Massachusetts	Willard Brook	x	x
19	US	New Jersey	Ramapo Forest Bergen	x	x
20	US	New Jersey	Yawpaw Ramapo Forest	x	x

*DE = Deutschland; US = Vereinigte Staaten

Tabelle 5: Beschreibung der Versuchsfelder in der zweiten Herkunftsserie von 1993. (Flächen der ersten Serie in LIESEBACH und SCHNECK (2011)).

Versuchsfeld	Eberswalde	Nütschau
Forstamt	Landeswaldoberförsterei Chorin, Revier Schönholz	FBG*-Stormarn, LWK** Schleswig-Holstein
Temperatur [C°] Jahr (Veg.)	8,8 15,9	8,6 15,1
Niederschlag [mm] Jahr (Veg.)	557 284	713 327
Höhe [ü. NN]	50	20
Wuchsgebiet	10 - Ostmecklenburg-Nordbrandenburger Jungmoränenland	2 - Jungmoränenlandschaft Schleswig- Holstein
Wuchsbezirk	10.18 – Eberswalder Talabschnitt	2.03 – Oldesloer-Gadebuscher Grundmoräne
Boden	Sand mit Lehmbändern	Geschiebelehm
Anlagejahr	1993	1993
Herkünfte [Anzahl]	22	22
Wiederholungen	3	4 (4. unvollständig)
Breitengrad	52°47'39.71"N	53°49'41.91"N
Längengrad	13°43'45.89"O	10°19'03.73"O

*FBG = Forstbetriebsgemeinschaft; **LWK = Landwirtschaftskammer

Im Fokus der varianzanalytischen Auswertungen steht die Grundfläche [m²/ha] als Maß für die Produktivität einer jeden Herkunft. Die Grundfläche wurde aus dem auf allen Flächen im Alter von 33 bzw. 31 Jahren aufgenommenen BHD mit der Formel $G = \pi / 4 \times \text{BHD}^2$ auf Einzelbaumbene berechnet. Anschließend wurde die Grundfläche der Einzelbäume parzellenweise aufsummiert und auf den Hektar hochgerechnet, um so ein in der Praxis bekanntes Maß für die Produktivität einer Herkunft zu erhalten. Somit ist die Grundfläche [m²/ha] für jede Herkunft auf jeder Fläche bekannt. Eine einfache Varianzanalyse (ANOVA) auf Ebene der Versuchsserie sowie der Herkünfte getrennt nach Versuchsserien dient statistisch abgesicherten Unterschieden in der Produktivität und wurde mit Hilfe eines linearen Modells durchgeführt:

$$Y_{ij} = P_i + E_i + P_i E_j + E_j R_k + \varepsilon_{ij}$$

Y_{ij} ist das betrachtete Wachstumsmerkmal (hier Grundfläche [m²/ha]) der Herkunft P_i auf der Versuchsfläche E_i . $P_i E_j$ beschreibt die Interaktion zwischen der i -ten Herkunft (P) und j -ten Versuchsfläche (E) und $E_j R_k$ den Effekt der k -ten Wiederholung (R) innerhalb der i -ten Versuchsfläche (E). Um einzelne Herkünfte mit einem überlegenen Wachstum zu identifizieren, wurden diese einzelflächenweise gegen den Mittelwert getestet (Analysis of Means) (PALLMANN und HOTHORN 2016). Mit der Funktion lme (PINHEIRO et al. 2022) wurde die Herkunft als fixer und die Wiederholung als zufälliger Effekt in einem *mixed effect model* modelliert. Für einen Vergleich zwischen den Flächen wurde die Grundfläche [m²/ha] einer jeden Herkunft ins Verhältnis zum Flächenmittel (= 100 %) gesetzt. Die Analyse erfolgte mit der Statistiksoftware R (R CORE TEAM 2022).

3 Ergebnisse

Die Varianzanalyse für die erste Versuchsserie zeigt signifikante Effekte für die Herkünfte ($p < 0.001$), Versuchsflächen ($p < 0.001$) sowie für die Herkunft-Umwelt-Interaktion ($p < 0.001$). Die höchste Variation liegt zwischen den Versuchsflächen (F-Wert = 91.217) und den Herkünften (F-Wert = 18.526) vor. Somit kann von einem Wuchsunterschied zwischen den Versuchsflächen und zwischen Herkünften ausgegangen werden. Dunkelsdorf hat die höchste mittlere Grundfläche (37 [m²/ha]) gefolgt von Wächtersbach (34 [m²/ha]) und Waldsiefersdorf (23 [m²/ha]). In Abbildung 2 sind die relativen Abweichungen der Grundfläche [m²/ha] jeder Herkunft zum jeweiligen Flächenmittel (100 %) aufgeführt. Die Herkünfte sind farblich nach ihrer Herkunft unterteilt.

In Dunkelsdorf zeigen fünf der insgesamt acht deutschen Herkünfte (blau) sowie die niederländische Herkunft (grau) ein signifikant besseres Wachstum im Vergleich zum Flächenmittel. Hervorzuheben sind die Herkünfte Nr. 33 (Bremervörde) und 38 (Mörfelden), die eine um knapp 80 % höhere Produktivität haben als das Flächenmittel. Herkunft Nr. 43 schneidet als einzige deutsche Herkunft unterdurchschnittlich ab, was auf den einjährigen Altersunterschied zurückgeführt werden kann. Herkunft Nr. 36 (Brüggen, Bornheim), welche von der DKV (Gütegemeinschaft für forstliches Vermehrungsgut e.V.) als Sonderherkunft geführt wird, erreicht ein durchschnittliches Wachstum. Mit Ausnahme der Herkunft Nr. 12 (Nantahala), weisen Herkünfte aus den Vereinigten Staaten (schwarz) und aus Kanada (rot) ein unterdurchschnittliches Wachstum auf. Sechs der insgesamt neun Herkünfte aus dem natürlichen Verbreitungsgebiet sind dabei signifikant vom Flächenmittel verschieden (Abb. 1).

Auf der Versuchsfläche Wächtersbach zeigen ebenfalls die Herkünfte Nr. 33 und 38 ein signifikant besseres Wachstum als das Flächenmittel. Die übrigen deutschen Herkünfte haben ein durch- bis überdurchschnittliches Wachstum, ebenso die Herkunft aus Polen. Herkünfte aus den Vereinigten Staaten haben ein unterdurchschnittliches Wachstum. Drei kanadische Herkünfte aus Ontario (Nr. 7, 30 und 32) zeigen ein durch- bis überdurchschnittliches Wachstum, jedoch keine Signifikanzen. Deutsche Herkünfte auf der Versuchsfläche Waldsiefersdorf weisen wie auf den anderen Versuchsflächen ein durch- bis überdurchschnittliches Wachstum auf. Herkunft Nr. 38 zeigt auch auf dieser Fläche ein signifikant besseres Wachstum als das Flächenmittel.

Kanadische Herkünfte haben ebenfalls eine überdurchschnittliche Produktivität, während Herkünfte aus den Vereinigten Staaten größtenteils (signifikant) unterdurchschnittlich abschneiden.

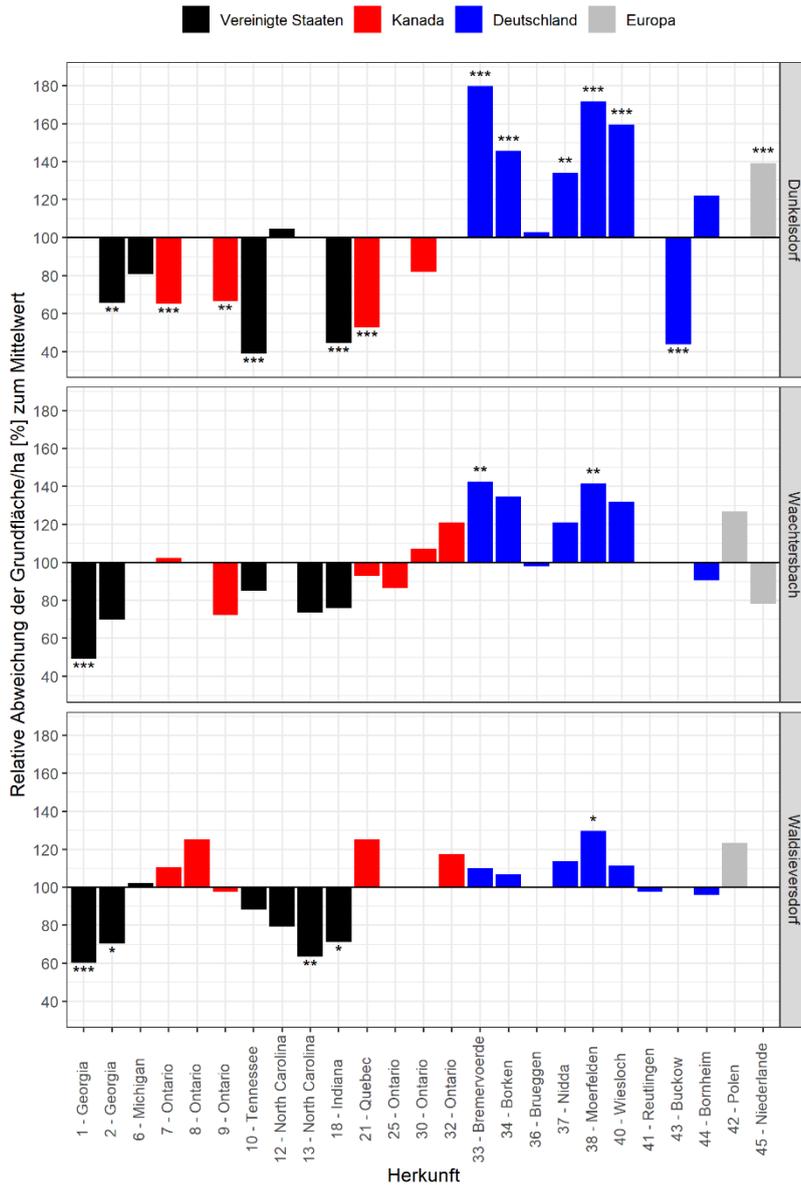


Abb. 5: Darstellung der relativen Abweichungen der Herkünfte zum Flächenmittel (100 %) getrennt nach Versuchsflächen der ersten Herkunftsserie. Die Herkünfte sind farblich nach ihrer Herkunftsregion unterteilt. Herkunft Nr. 43 (Buckow) ist ein Jahr jünger. (Signifikanzniveau: * p < 0.05; ** p < 0.01; *** p < 0.001).

Insgesamt zeigen deutsche ein gleichwertiges bis überdurchschnittliches Wachstum im Vergleich zum Flächenmittel. Herkunft Nr. 33 und 38 zeigen auf zwei bzw. drei Versuchsflächen ein signifikant höheres Wachstum als das Mittel der jeweiligen Versuchsflächen. Während vier Herkünfte aus den Vereinigten Staaten ein unterdurchschnittliches Wachstum aufweisen, liegen die vier der Herkünfte aus Kanada in Waldsieversdorf über dem Flächenmittel.

Die Varianzanalyse der zweiten Serie weist ebenfalls einen signifikanten Unterschied zwischen den Versuchsflächen (p < 0.001) als auch zwischen den Herkünften (p < 0.01) aus. Die Versuchsfläche Nütschau

erreicht im Mittel eine fast dreimal höhere mittlere Grundfläche (35 [m²/ha]) als Eberswalde (13 [m²/ha]). Der Mittelwertvergleich auf der Ebene der Versuchsflächen zeigt in Eberswalde keine signifikanten Unterschiede der Herkünfte zum Flächenmittel. Dennoch zeigen sich bezogen auf die relativen Abweichungen vom Mittelwert Tendenzen mit einem gleichwertigen oder überdurchschnittlichen Wachstum deutscher Herkünfte (Abb. 3).

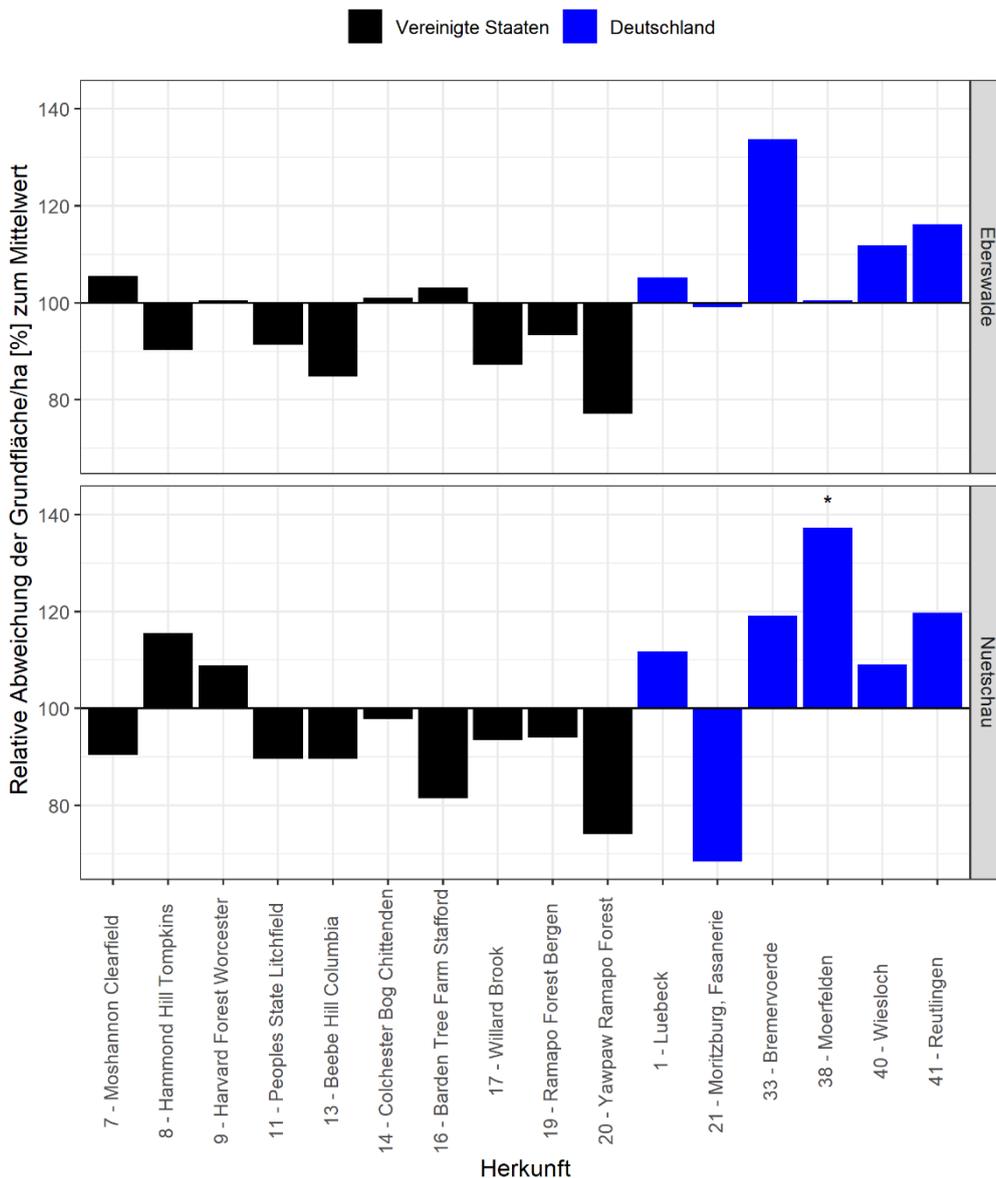


Abb. 6: Darstellung der relativen Abweichungen der Herkünfte vom Flächenmittel (100 %) getrennt nach Versuchsflächen der zweiten Herkunftsserie. Die Herkünfte sind farblich nach ihrer Herkunftsregion unterteilt. Herkunft Nr. 38 ist signifikant vom Flächenmittel verschieden (* $p < 0.05$).

In Nütschau zeigt die Herkunft Nr. 38 eine signifikante relative Abweichung vom Flächenmittel. Die deutschen Herkünfte (blau) haben, bis auf die Herkunft Nr. 21 (Moritzburg, Sachsen) in Nütschau, ebenfalls ein durch- bis überdurchschnittliches Wachstum. Die Herkünfte Bremervörde (Nr. 33) und Mörfelden (Nr. 38) zeigen auch in der zweiten Serie das beste Wachstum auf der Fläche Nütschau, während Herkunft Nr. 38 in Eberswalde nur durchschnittlich abschnidet. Die nordamerikanischen Herkünfte unterscheiden sich nicht von den deutschen Herkünften, mit Ausnahme der Herkunft Nr. 38 in Nütschau ($p < 0,05$), da weiterhin keine Signifikanzen

festgestellt werden konnten. Die Ergebnisse der zweiten Versuchsserie zeigen ebenfalls eine überdurchschnittliche Produktivität der meisten deutschen Herkünfte und spiegeln die Ergebnisse der in der ersten Serie verwendeten deutschen Herkünfte wieder.

4 Diskussion

Die Wichtigkeit der Herkunftsforschung und der differenzierten Betrachtung verschiedener Herkünfte einer Art wird durch die signifikanten Wuchsunterschiede zwischen den Herkünften in diesem Beitrag bestätigt. Da *Q. rubra* sich mehrfach als anbauwürdig erwiesen hat (NAGEL 2015; NIELSEN 1956; OTTO 1993; SCHNECK 1939), ist die Wahl der Herkunft insbesondere vor dem Hintergrund des derzeitigen Waldumbaus im Hinblick auf klimastabile Mischwälder von größter Bedeutung (KÖLLING 2013; SÊHO und JANSEN 2019). Die Implementierung für den Anbau identifizierter Herkünfte aus Herkunftsversuchen in Verwendungs- und Herkunftsempfehlungen kann hier Abhilfe schaffen (LIESEBACH et al. 2021). Die identifizierten wuchsüberlegenen deutschen Herkünfte können für eine solche Empfehlung genutzt werden.

Erste Herkunftsversuche in Deutschland konnten bereits Unterschiede in der Wuchsleistung zwischen Herkünften feststellen mit der Folge, dass phänotypisch hervorragende deutsche Herkünfte als Reproduktionsmaterial empfohlen wurden (KRAHL-URBAN 1966). Die Wuchsüberlegenheit deutscher Herkünfte wurde ebenfalls von LIESEBACH und SCHNECK (2011) für Wachstumsmerkmale im Alter 10, 17 und 19 beschrieben. Da die gleichen Herkünfte auch in der zweiten Serie den meisten amerikanischen Herkünften im Wachstum überlegen sind, zeigen die Auswertungen eindeutige und konsistente Ergebnisse, die eine Verwendung von Saatgut aus deutschen Erntebeständen nahelegen. Die Beobachtung des standortspezifischen gleichwertigen Wachstums kanadischer und deutscher Herkünften wird ebenfalls von LIESEBACH und SCHNECK (2011) sowie GÖCKEDE (2010) nach der Auswertung eines vergleichbaren Herkunftsversuches in Schleswig-Holstein beschrieben. Neben der Grundfläche [m²/ha] im Alter von 33 bzw. 31 Jahren wurden weiterhin die Grundflächen [m²/ha] im Alter 29 (1. Serie) und Alter 24 (2. Serie) sowie die Höhen [m] im Alter 10 (1. Serie) und Alter 5 (2. Serie) ausgewertet (nicht dargestellt). Beide Merkmale zeigen in beiden Serien vergleichbare Ergebnisse bzw. Tendenzen und sichern die vorliegenden Erkenntnisse ab.

Die Unterschiede in der Wuchsleistung können neben Herkunfts- und Standorteffekten auch durch weitere Aspekte bedingt sein. Zum einen ist die Herkunft deutscher (ausgewählter) Erntebestände der Roteiche weitestgehend unbekannt (SÊHO und JANSEN 2019), sodass keine Rückschlüsse auf ihren Ursprung gezogen werden können. Es ist durchaus wahrscheinlich, dass die zu Beginn des 20. Jahrhunderts begründeten deutschen Bestände nur mit Importen eines Teilbereichs des natürlichen Verbreitungsgebietes bestockt wurden. So legt die Wuchsüberlegenheit deutscher Herkünfte insbesondere gegenüber südlichen Herkünften nahe, dass diese nicht aus dem Süden des natürlichen Verbreitungsgebietes kommen. Aufgrund des gleichwertigen Wuchsverhaltens kanadischer bzw. einzelner östlicher (2. Serie) gegenüber deutschen Herkünften, wäre eine Herkunft aus dem nördlichen Teil hingegen nicht auszuschließen. Genetische Untersuchungen, die die Herkunft deutscher Bestände auf den nördlichen Teil des natürlichen Verbreitungsgebietes eingrenzen (BORKOWSKI et al. 2017; MAGNI et al. 2005; MERCERON et al. 2017; PETTENKOFER et al. 2019), bestätigen dies. Darüber hinaus könnte damals bei der Wahl des Ausgangsmaterials ein kritisches Augenmerk auf genetisch gut veranlagte Bestände (Qualität und Wachstum) einen positiven Beitrag geleistet haben, lässt sich aber mangels schlüssiger Dokumentation der damaligen Einfuhren nicht nachweisen. Zum besseren Abschneiden der deutschen Herkünfte kann auch Selektion innerhalb der deutschen Erntebestände beigetragen haben. Zum einen neigt die Roteiche zu einer starken Selbstdifferenzierung (NAGEL 2015), bei der schwach wüchsiger Individuen unterdrückt werden, ausscheiden und bei der Reproduktion keinen Beitrag mehr leisten. Zum anderen ist eine forstwirtschaftlich gesteuerte Selektion (z.B. Z-Baum Förderung) hin zu besser veranlagten Beständen möglich.

5 Schlussfolgerung für die Praxis und Ausblick

Die Ergebnisse dieses Beitrages zeigen, dass Herkünfte aus deutschen Beständen ein gleichwertiges oder besseres Wachstum gegenüber Herkünften aus dem natürlichen Verbreitungsgebiet aufweisen. Weiterhin haben Herkünfte aus Kanada tendenziell höhere Grundflächen als solche aus den Vereinigten Staaten, insbesondere auf der kontinental geprägten Versuchsfläche Waldsieversdorf. Die Ergebnisse der zweiten Serie bestätigen die Erkenntnisse der ersten Serie und zeigen, dass eine Leistungssteigerung von Herkünften aus dem natürlichen Verbreitungsgebiet gegenüber deutschen Herkünften nicht erwartet werden kann. Dennoch ist ein Saatgutimport aus dem nordöstlichen natürlichen Verbreitungsgebiet vor dem Hintergrund der Anreicherung des Genpools nicht vollständig von der Hand zu weisen.

Über die hier vorgestellte flächenweise Betrachtung hinaus, wurde bereits eine Analyse von Herkunft-Umwelt-Interaktionen durchgeführt, die die bestehenden Wechselwirkungen zwischen Herkünften und Flächen quantifiziert (KORMANN et al. 2023). Diese ermöglicht eine differenzierte Einteilung zwischen Generalisten und Spezialisten, welche wiederum eine standortspezifische Erweiterung der Herkunftsauswahl möglich macht. Die identifizierten deutschen Herkünfte mit einem überlegenen Wachstum sollen in Herkunftsempfehlungen implementiert werden.

Den abschließenden Schritt der umfassenden Bewertung der vorgestellten Roteichenversuche bildet die Reaktion ausgewählter Herkünfte auf episodischen Trockenstress. Dafür werden aktuell Jahrringanalysen durchgeführt. Die Quantifizierung verschiedener Kenngrößen wie Resilienz, Erholung oder Resistenz (LLORET et al. 2011) soll trockenstresstolerante Herkünfte identifizieren. Auf Grundlage der dabei gewonnen Erkenntnisse werden Plusbäume ausgewählt und vegetativ vermehrt, um mittelfristig eine Samenplantage zur Erzeugung von hochwertigem Vermehrungsgut anzulegen.

Dank

Das Teilvorhaben 3 des Projektes „RubraSelect“ wird durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft und das Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz, nukleare Sicherheit und Verbraucherschutz aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages im Rahmen der Förderrichtlinie „Waldklimafonds“ gefördert. Es wird durch den Projektträger Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e. V. (FNR) im Rahmen der Förderrichtlinie Waldklimafonds (Fkz: 2220WK03C4) betreut.

Referenzen

- BMEL (2022): Dritte Bundeswaldinventur 2012 [WWW Document]. URL <https://www.bundeswaldinventur.de/dritte-bundeswaldinventur-2012/lebensraum-wald-mehr-biologische-vielfalt-im-wald/fichte-kiefer-buche-eiche-haeufigste-baumarten> (Aufruf: 09.11.2022).
- BORKOWSKI DS, HOBAN SM, CHATWIN W, ROMERO-SEVERSON J (2017): Rangewide population differentiation and population substructure in *Quercus rubra* L. *Tree Genet. Genomes* 13: 1–11. <https://doi.org/10.1007/s11295-017-1148-6>.
- GÖCKEDE J (2010): Wuchsleistungen verschiedener Roteichen-Herkünfte in Nordwest-Deutschland. Georg-August-Universität Göttingen. Masterarbeit.
- GÖHRE K, WAGENKNECHT E (1955): Die Roteiche und ihr Holz. Deutscher Bauernverlag, Berlin.
- IPCC (2021): Summary for Policymakers. In: MASSON-DELMOTTE V, ZHAI P, PIRANI A, CONNORS SL, PÉAN C, BERGER S, CAUD N, CHEN Y, GOLDFARB L, GOMIS MI, HUANG M, LEITZEL K, LONNOY E, MATTHEWS JBR, MAYCOCK TK, WATERFIELD T, YELEKÇI O, YU R, ZHOU B (eds.), *Climate Change 2021: The Physical Science Basis. Contribution of Working Group I to the Sixth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change*. Cambridge University Press, 41 S.
- KLEMMT H-J, NEUBERT M, FALK W (2013): Das Wachstum der Roteiche im Vergleich zu den einheimischen Eichen. *LWF aktuell* 97: 28–31.

- KÖLLING C (2013): Nichtheimische Baumarten – Alternativen im klimagerechten Waldbau ? LWF aktuell 96: 4–11.
- KORMANN JM, LIESEBACH M, LIEPE KJ (2023): Provenances from introduced stands of Northern Red Oak (*Quercus rubra* L.) outperform those from the natural distribution. *Forest Ecol Manag* 531: 120803, DOI:10.1016/j.foreco.2023.120803
- KRAHL-URBAN J (1966): Vorläufige Ergebnisse eines Roteichen Provenienzversuches. *AFJZ* 137: 91–100.
- LIESEBACH M, SCHNECK V (2011): Entwicklung von amerikanischen und europäischen Herkünften der Roteiche in Deutschland. *Forstarchiv* 82: 125–133. <https://doi.org/10.4432/0300-4112-82-125>
- LIESEBACH M, WOLF H, BEEZ J, DEGEN B, ERLEY M, HAVERKAMP M, JANßen A, KÄTZEL R, KAHLERT K, KLEINSCHMIT J, LEMMEN P, PAUL M, VOTH W (2021): Identifizierung von für Deutschland relevanten Baumarten im Klimawandel und länderübergreifendes Konzept zur Anlage von Vergleichsanbauten: Empfehlungen der Bund-Länder-Arbeitsgruppe “Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht” zu den Arbeitsaufträgen. Thünen Working Paper 172.
- LITTLE ELJ (1971): Atlas of the United States trees. Volume 1. Conifers and important hardwoods. U.S. Department of Agriculture, Forest Service, Washington D.C.
- LLORET F, KEELING EG, SALA A (2011): Components of tree resilience: Effects of successive low-growth episodes in old ponderosa pine forests. *Oikos* 120: 1909–1920. <https://doi.org/10.1111/j.1600-0706.2011.19372.x>
- MAGNI CR, DUCOUSO A, CARON H, PETIT RJ, KREMER A (2005): Chloroplast DNA variation of *Quercus rubra* L. in North America and comparison with other Fagaceae. *Mol. Ecol.* 14: 513–524. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02400.x>
- MERCERON NR, LEROY T, CHANCEREL E, ROMERO-SEVERSON J, BORKOWSKI DS, DUCOUSO A, MONTY A, PORTÉ AJ, KREMER A (2017): Back to America: Tracking the origin of European introduced populations of *Quercus rubra* L. *Genome* 60: 778–790. <https://doi.org/10.1139/gen-2016-0187>.
- MULNV (2020): Wiederbewaldungskonzept Nordrhein-Westfalen. Ministerium für Umwelt, Landwirtschaft, Natur- und Verbraucherschutz des Landes Nordrhein-Westfalen, Aachen. 118 S.
- NAGEL R-V (2015): Roteiche (*Quercus rubra* L.). . 219–267. In: VOR T, SPELLMANN H, BOLTE A, AMMER C (eds.): Potenziale und Risiken eingeführter Baumarten. Universitätsverlag Göttingen, Göttingen.
- NICOLESCU VN, VOR T, MASON WL, BASTIEN JC, BRUS R, HENIN JM, KUPKA I, LAVNYI V, LAPORTA N, MOHREN F, PETKOVA K, RÉDEI K, STEFANCIK I, WASIK R, PERIC S, HERNEA C (2020): Ecology and management of northern red oak (*Quercus rubra* L. syn. *Q. borealis* F. Michx.) in Europe: A review. *Forestry* 15: 481–494. <https://doi.org/10.1093/forestry/cpy032>.
- NIELSEN PC (1956): Beobachtungen in amerikanischen und europäischen Roteichenbeständen. *AFZ Jg. (45/46)*: 596–598.
- OTTO H-J (1993): Fremdländische Baumarten in der Waldbauplanung. *Forst und Holz* 48: 454–456.
- PALLMANN P, HOTHORN LA (2016): Analysis of means: a generalized approach using R. *J. Appl. Stat.* 43: 1541–1560. <https://doi.org/10.1080/02664763.2015.1117584>.
- PETTENKOFER T, BURKARDT K, AMMER C, VOR T, FINKELDEY R, MÜLLER M, KRUTOVSKY K, VORNAM B, LEINEMANN L, GAILING O (2019): Genetic diversity and differentiation of introduced red oak (*Quercus rubra*) in Germany in comparison with reference native North American populations. *Eur. J. For. Res.* 138: 275–285. <https://doi.org/10.1007/s10342-019-01167-5>.
- PINHEIRO J, BATES D, R CORE TEAM (2022): Linear and Nonlinear Mixed Effects Models.
- R CORE TEAM (2022): A Language and Environment for Statistical Computing.
- SCHENCK CA (1939): Fremdländische Wald- und Parkbäume, III: Band. Paul Parey, Berlin.
- SÊHO M, JANßen A (2019): Alternativbaumarten im Klimawandel. LWF aktuell 123: 19–22.
- SEIDEL J, KENK G (2003): Wachstum und Wertleistung der Eichenarten in Baden-Württemberg. *AFZ-DerWald* 58: 28–31.

Autorin und Autoren

JONATHAN M. KORMANN, MIRKO LIESEBACH, KATHARINA J. LIEPE
 Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf
 Kontakt: jonthan.kormann@thuenen.de

Einleitung eines Züchtungsprogramms für die Roteiche (*Quercus rubra* L.)

MARTHA TÖPPE, MIRIAM WATERMEIER, MARTIN HOFMANN

Zusammenfassung

Die Roteiche (*Quercus rubra* L.) ist in Deutschland die häufigste nicht heimische Laubbaumart im Wald und wird voraussichtlich im Klimawandel als Alternativbaumart an Bedeutung gewinnen. Voraussetzung für die Begründung klimastabiler Wälder ist die Verfügbarkeit von hochwertigem und anpassungsfähigem Vermehrungsgut. Im Verbundvorhaben „Auslese und Charakterisierung von hochwertigem Vermehrungsgut bei Roteiche unter Berücksichtigung der Trockenstresstoleranz“ (RubraSelect) bearbeitet die Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA) die Einleitung eines Züchtungsprogramms durch Auswahl, Beerntung, Vermehrung und Anzucht von Plusbäumen der Roteiche. Der Beitrag stellt das Vorgehen der Plusbaumsuche und -auswahl in Hessen, Niedersachsen, Sachsen-Anhalt und Schleswig-Holstein sowie erste Ergebnisse vor.

Das Roteichenvorkommen in den genannten vier Bundesländern deckt eine breite Amplitude der Standortwasserbilanz ab. Die Saatguterntebestände hingegen bilden nur einen geringen Bereich ab und sind vermehrt auf Standorten mit mittlerer Standortwasserbilanz zu finden. Im Hinblick auf den Klimawandel sind die trockeneren Standorte von besonderem Interesse. Deshalb wurde Wert auf die Auswahl von Bäumen von Standorten mit geringer Standortwasserbilanz gelegt.

Abstract

Red oak (*Quercus rubra* L.) is the most common non-native deciduous tree species in German forests and is expected to gain in importance as an alternative tree species considering the climate change. The condition for establishing climate-stable forests is the availability of high-quality and adaptable reproductive material. In the joint project "Selection and characterization of high-quality reproductive material in red oak, taking into account drought stress tolerance" (RubraSelect) the Northwest German Forest Research Institute (NW-FVA) is working on the introduction of a breeding program through the selection, harvesting, propagation and cultivation of red oak plus trees. The article presents the procedure for the search and selection of plus trees in Hesse, Lower Saxony, Saxony-Anhalt and Schleswig-Holstein as well as first results.

The occurrence of red oaks in the four federal states mentioned covers a wide range of the site water balance. However, seed stands cover a small area only and are increasingly to be found on sites with an average site water balance. In terms of climate change, the drier locations are of particular interest. For this reason, value was placed on the selection of trees from locations with a lower site water balance.

1 Einleitung

Die Roteiche (*Quercus rubra* L.) zählt zu jenen Baumarten, die im Hinblick auf die prognostizierten Klimaveränderungen als Ergänzung der einheimischen Baumartenpalette diskutiert werden. Sie trägt durch ihr Vermögen auch auf schwächer nährstoff- und wasserversorgten Standorten noch gute Wuchsleistungen zu erzielen, zur waldbaulichen Risikominimierung bei und ist fester Bestandteil vieler Waldbaukonzepte. Durch das zunehmende Interesse an Roteiche gewinnt die Verfügbarkeit von geeignetem und hochwertigem Vermehrungsgut dieser Baumart an Bedeutung (STEINER 2012).

Leider ist über die genetische Beschaffenheit der Roteichenbestände in Deutschland wenig bekannt. Für die Züchtung von hochwertigem und anpassungsfähigem Vermehrungsgut der Roteiche werden die Grundlagen im Verbundprojekt „Auslese und Charakterisierung von hochwertigem Vermehrungsgut bei Roteiche (*Quercus*

rubra L.) unter Berücksichtigung der Trockenstresstoleranz“ (RubraSelect) geschaffen. Das Projekt umfasst genetische Untersuchungen zur Herkunft sowie phänologische Untersuchungen zur Trockenstresstoleranz. Die Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA) führt die Auswahl, Beerntung und anschließende Vermehrung sowie Anzucht herausragender Phänotypen (Plusbäumen) durch. Aus den Einzelbaumabsaaten der Plusbäume werden Nachkommenschaftsprüfungen angelegt, die langfristig in Samenplantagen überführt werden sollen. Ziel ist die Versorgung des Marktes mit hochwertigem Vermehrungsgut. Vergleichbare Arbeiten wurden für heimische Baumarten (HARDTKE und STEINER 2020; MEIBNER et al. 2015), aber auch für die Roteiche in Bayern (SCHIRMER 2014) durchgeführt.

Bisher existiert in Deutschland für die Roteiche noch keine zugelassene Samenplantage. Derzeit dienen lediglich zugelassene Erntebestände als Saatgutquelle (BLE 2019). Allerdings lässt Saatgut aus Samenplantagen im Vergleich zu Erntebeständen einen höheren Anbauwert erwarten, da die einzelnen Komponenten einer Samenplantage auf der Einzelbaumebene ausgelesen wurden. Mit der höheren Selektionsintensität ist ein Züchtungsfortschritt verbunden (STEINER 2012; WHITE et al. 2007). Durch die Auswahl herausragender Phänotypen einer wüchsigen Baumart mittels bestimmter Qualitäts-, Vitalitäts- und Leistungskriterien kann neben der Bereitstellung von hochwertigem Vermehrungsgut auch ein Beitrag zur Sicherung der Produktivität der zukünftigen Wälder durch erhöhte Qualität und Massenleistung geleistet werden (SCHIRMER 2014). Die Qualitäts- und Leistungsmerkmale unterliegen zu gewissen Anteilen einer genetischen Kontrolle (HARDTKE und STEINER 2022; GEBUREK 2004).

2 Arbeitsplan und methodisches Vorgehen

2.1 Ausgangssituation und Auswahl der Bestände für die Plusbaumsuche

Die Arbeiten der NW-FVA gliedern sich in die in Abbildung 1 aufgeführten Maßnahmen. Im ersten Schritt erfolgte die Recherche der Ausgangssituation der Roteiche in Hessen, Niedersachsen, Sachsen-Anhalt und Schleswig-Holstein. Dafür wurden die Waldbaukonzepte in Bezug auf zukünftige Anbauswerpunkte der Roteiche analysiert, die zugelassenen Erntebestände anhand des Erntezulassungsregisters erfasst, die Forsteinrichtungs- und Standortdaten ausgewertet sowie bereits bestehende Versuchsflächen der NW-FVA gesichtet. Aufgrund der Datenverfügbarkeit beschränkt sich die Analyse lediglich auf den Staatswald. Zudem wird durch die Auswahl der Plusbäume im öffentlichen Wald der langfristige Zugriff auf die ausgelesenen Bäume sichergestellt.

Bei der Auswahl der Bestände für die Plusbaumsuche wurde die Standortwasserbilanz zu Grunde gelegt. Die Standortwasserbilanz für grund- und stauwasserfreie Waldstandorte kennzeichnet die durchschnittliche Wasserversorgung in der Vegetationszeit und setzt sich zusammen aus der klimatischen Wasserbilanz (Differenz zwischen Niederschlag und Verdunstung) sowie der nutzbaren Feldkapazität (auf 1 m Bezugstiefe). Somit wird anhand von Klima- und Bodenkomponenten die gesamte Wasserversorgung berücksichtigt. Die Standortwasserbilanz ist eine wichtige Kenngröße zur Beurteilung von Trockenstress. Es wurden Standortwasserbilanzklassen von jeweils 50 mm-Schritten ausgehend von 0 mm festgelegt.

Es sollte möglichst eine große Anzahl an Beständen zur Plusbaumauswahl genutzt werden. Es wurden alle Saatguterntebestände im Staatswald einbezogen, weil die Chancen, dort Plusbäume zu finden, naturgemäß höher sind. Insgesamt gibt es in den vier genannten Bundesländern 144 nach dem Forstvermehrungsgutgesetz zugelassene Erntebestände der Roteiche, die sich zu je rund 40 % in Niedersachsen und Hessen, zu rund 14 % in Sachsen-Anhalt und rund 7 % in Schleswig-Holstein befinden. Über die Hälfte der Erntebestände befindet sich im Staatseigentum (36 in Niedersachsen, 37 in Hessen, 9 in Sachsen-Anhalt und 6 in Schleswig-Holstein) mit einer durchschnittlichen Flächengröße von 1,9 ha (reduzierte Fläche).

Um ein breites Spektrum der Standortwasserbilanz abzudecken, wurden über die Erntebestände hinaus weitere Bestände zur Plusbaumsuche angefahren. Für die Auswahl dieser Bestände wurden die Kriterien, die für die Zulassung von Erntebeständen gelten, zu Grunde gelegt. Die Forsteinrichtungsdaten wurden nach den Kriterien

Alter (≥ 40 Jahre), Bestandesschicht (nur Hauptschicht), Bestandesfläche ($\geq 0,25$ ha) und Mischungsanteil ($\geq 50\%$ und $\geq 0,25$ ha) gefiltert. Ausgehend von den am schwächsten wasserversorgten Standorten wurden mit dieser Vorgehensweise die 88 Saatguterntebestände im Staatseigentum um 52 weitere Bestände auf trockeneren Standorten ausgeweitet. Zugleich wurde auf eine bessere räumliche Verteilung geachtet.

Nur wenige der bereits bestehenden Roteichen-Versuchsflächen der NW-FVA kamen für die Plusbaumsuche in Frage, da diese ein zu geringes Alter bzw. zu geringe Fläche aufweisen. Bestehende Herkunftsversuche sind bereits abgeschlossen oder zu jung und lassen daher keinen ausreichenden Samenertrag erwarten.



Abb. 1: Arbeiten der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt im Projekt RubraSelect.

2.2 Plusbaumauswahl

Nach Auswahl der Bestände erfolgte die Auslese der Plusbäume. Innerhalb des Projektverbunds wurde ein gemeinsames Aufnahmeformular festgelegt. Das Aufnahmeformular beinhaltet die wichtigsten phänotypischen Merkmale, die sich aus Leistungsmerkmalen (Baumhöhe, Brusthöhendurchmesser) und Qualitätsmerkmalen

(z. B. Geradschaftigkeit, Zwieselwuchs oder Drehwuchs) zusammensetzen. Die Einschätzung der Vitalität erfolgte im Verhältnis zum Bestandeskollektiv anhand der Kronenmorphologie nach ROLOFF (2016). Die Bäume wurden mit ihren Koordinaten erfasst und im Gelände markiert. Eine maximale Plusbaumanzahl pro Bestand wurde nicht festgelegt. Die Plusbäume sollten jedoch aus möglichst verschiedenen Beständen stammen, um eine breite genetische Basis sicher zu stellen. So wurden wenige Bäume je Bestand, aber dafür in vielen, räumlich getrennten Vorkommen gesucht.

Die Anzahl der Plusbäume je Bundesland wurde anhand der Forsteinrichtung proportional zur absoluten Roteichenfläche der einzelnen Bundesländer festgelegt und mittels der Standortswasserbilanz gleich verteilt. Das Hauptaugenmerk bei der Auswahl lag auf der Vitalität und Qualität ggf. zu Lasten der Wuchsleistung. Bei der Auswahl wurde darauf geachtet, dass die Aufnahmekriterien in einem ausgewogenen Verhältnis zueinanderstehen.

2.3 Vermehrung, Anzucht und Flächenanlage

Von den ausgewählten Plusbäumen werden Saatgut sowie Reiser gewonnen. Die Pfropflinge werden zur Sicherung des genetischen Materials in ein Klonarchiv ausgepflanzt. Aus der Absaat der Roteichenplusbäume werden Nachkommenschaftsprüfungen angelegt. Genetische Durchforstungen führen zu weiteren Ausleseschritten. In späteren Entwicklungsschritten ist die Überführung in eine Samenplantage geplant.

3 Erste Ergebnisse

Die Auswertung der Forsteinrichtungsdaten zeigt, dass die Roteiche in den Trägerländern zwar häufig vertreten ist, jedoch oft nur als Mischbaumart vorkommt und größere reine Roteichenbestände die Ausnahme bilden. Die durchschnittliche Baumartenfläche der Roteichenvorkommen liegt zwischen 0,4 ha (Hessen) und 0,7 ha (Sachsen-Anhalt). Der Anteil der Roteiche an der Baumartenzusammensetzung pro Bestand (Mischungsanteil) liegt im Durchschnitt zwischen 16 % (Hessen) und 44 % (Niedersachsen).

Insgesamt decken die Roteichenvorkommen in Hessen, Niedersachsen, Sachsen-Anhalt und Schleswig-Holstein eine breite Amplitude der Standortswasserbilanz ab, die eine Spanne von > -300 mm bis 350 mm aufweist. Der Schwerpunkt der Roteichenflächen liegt im Bereich von > -150 mm (insbesondere Sachsen-Anhalt und Hessen) bis 100 mm (insbesondere Niedersachsen und Schleswig-Holstein) (vgl. Abb. 2).

Es zeigen sich deutliche Unterschiede zwischen den Ländern. Während in Sachsen-Anhalt die durchschnittliche Standortswasserbilanz erheblich negativ (-114 mm) ist, liegt sie in Hessen zwar auch im negativen Bereich, fällt aber mit -4 mm deutlich besser aus. In Niedersachsen und Schleswig-Holstein liegt die Standortswasserbilanz mit jeweils rund 80 mm im positiven Bereich.

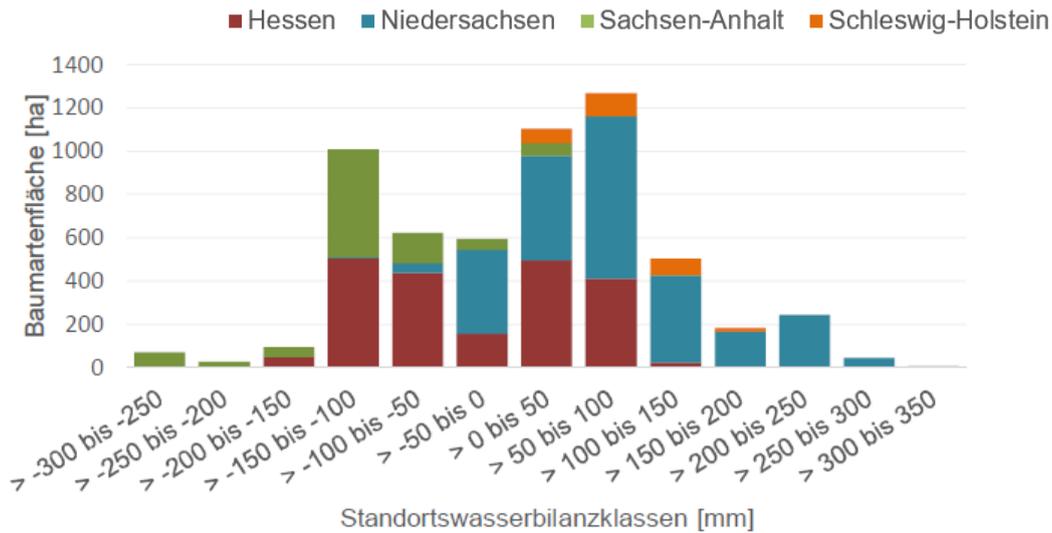


Abb. 2: Baumartenfläche [ha] aller Roteichenvorkommen im Staatswald nach Standortwasserbilanz-klassen [mm].

Saatguterntebestände bilden aufgrund ihrer phänotypisch guten Erscheinung die Hauptquelle für die Plusbaumauswahl. Es wurden 62 % der Plusbäume in Saatguterntebeständen ausgewiesen. Die Saatguterntebestände sind vermehrt auf Standorten mittlerer Standortwasserbilanz (> 0 mm bis 100 mm) ausgewiesen und decken nur einen geringen Bereich der Standortwasserbilanz ab (vgl. Abb. 3).

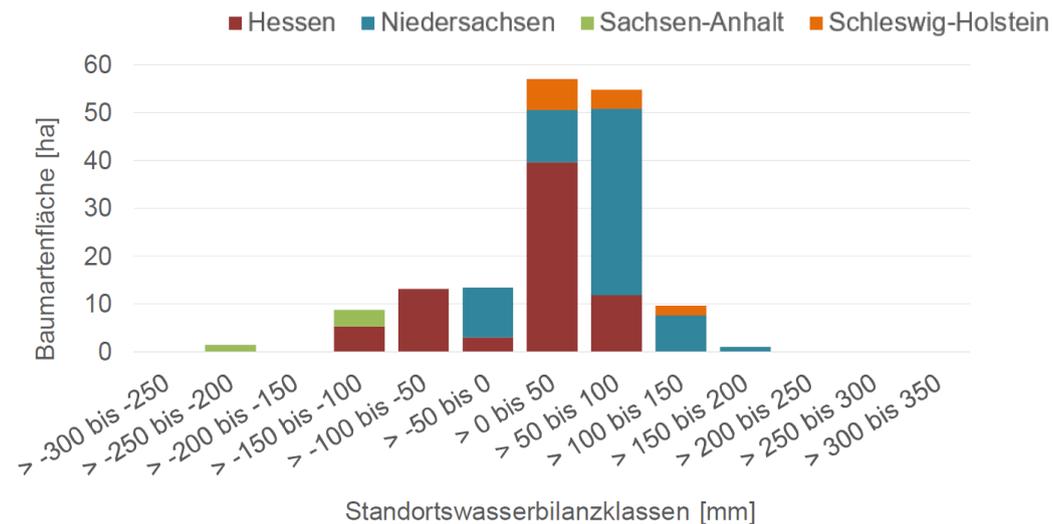


Abb. 3: Baumartenfläche [ha] der Roteichen-Erntebestände im Staatswald nach Standortwasserbilanz-klassen [mm].

Zusätzlich wurden Bäume von Standorten mit geringer Standortwasserbilanz (> -300 mm bis 0 mm) ausgewählt (Abb. 4). Diesen Bereich der Standortwasserbilanz können die Erntebestände nicht abdecken (Abb. 3).

Insgesamt wurden 50 Plusbäume ausgewählt, die annähernd gleichmäßig über die Standortwasserbilanz verteilt sind, mit einem Schwerpunkt im trockeneren Bereich. Insgesamt wurden 56 % der Plusbäume auf Standorten mit negativer Standortwasserbilanz ausgewiesen (Abb. 4). Die Abbildung 5 gibt einen Überblick über die räumliche Verteilung der ausgelesenen Plusbäume.

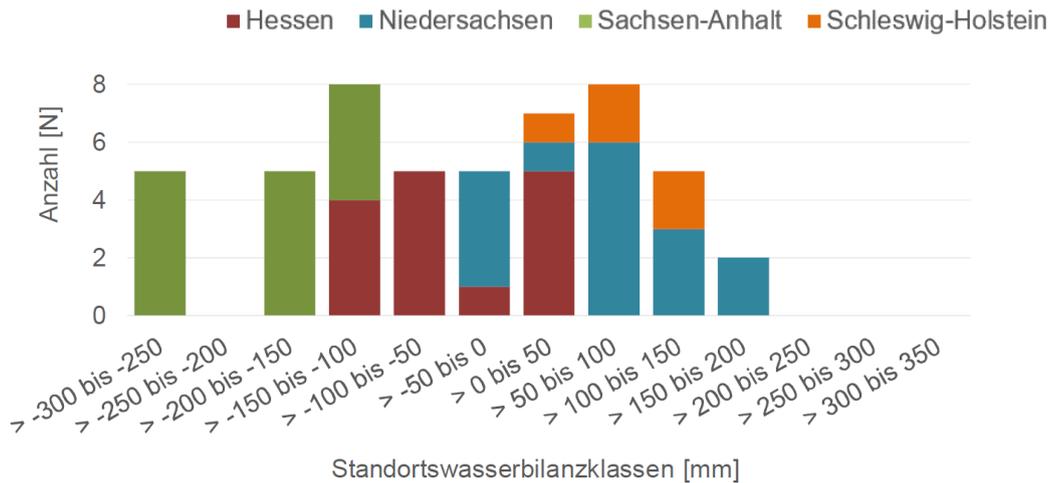


Abb. 4: Plusbaumanzahl nach Standortswasserbilanzklassen [mm].

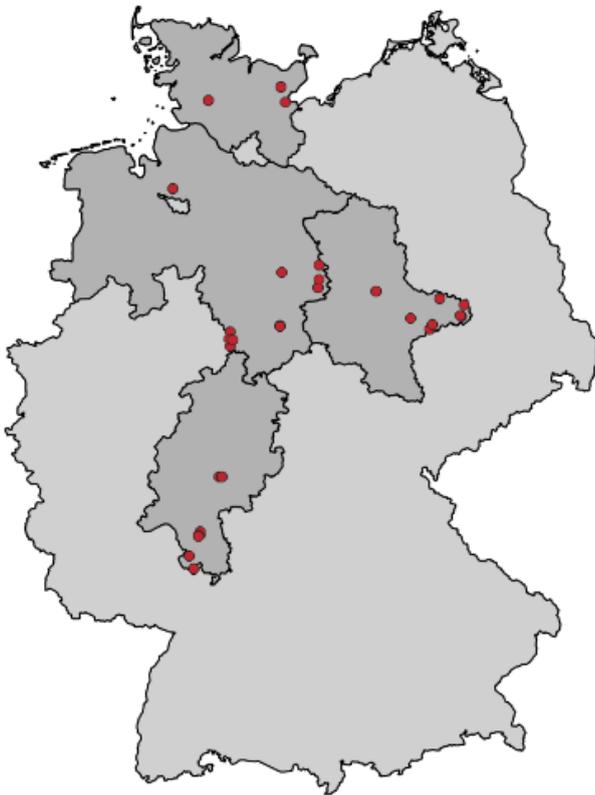


Abb. 5: Überblick über die räumliche Verteilung der ausgewählten Plusbäume.

4 Aktueller Stand und Ausblick

Die Plusbäume werden vegetativ und generativ vermehrt. Die Pfropfungen dienen der langfristigen Sicherung des genetischen Materials der Plusbäume in Klonarchiven. Dafür werden im Winter Reiser aus der Krone der Plusbäume gewonnen. Die Reiser werden auf handelsüblichen Roteichenunterlagen veredelt. Die einzelbaumweise Saatgutgewinnung kann erst in 2023 stattfinden. Im Jahr 2022 gab es bei der Roteiche keine ausreichende Mast.

Danksagung

Das Vorhaben wird im Rahmen Verbundprojekts RubraSelect aufgrund eines Beschlusses des deutschen Bundestages aus Mitteln der Bundesministerien für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) und für Umwelt, Naturschutz, nukleare Sicherheit und Verbraucherschutz (BMUV) durch die Fachagentur für Nachwachsende Rohstoffe e. V. (FNR) im Rahmen der Förderrichtlinie des Waldklimafonds gefördert (Förderkennzeichen: 2220WK03E4).

Referenzen

- BLE (2019): Übersicht über zugelassenes Ausgangsmaterial für forstliches Vermehrungsgut in der Bundesrepublik Deutschland, 01.07.2019, online verfügbar unter https://www.ble.de/SharedDocs/Downloads/DE/Landwirtschaft/Saat-und-Planzgut/Uebersicht_zugelassenes_Ausgangsmaterial.pdf?__blob=publicationFile&v=4 (Stand. 01.11.2022)
- GEBUREK T (2004): Die Weitergabe genetischer Information - eine wichtige Komponente bei der Waldverjüngung, BFW-Praxisinformation (4): 18-20.
- HARDTKE A, STEINER W (2020): Eichenplusbäume und deren Verwendung. Thünen Rep. 76: 9-22.
DOI:10.3220/REP1584625360000
- MEIßNER M, JANßEN A, KONNERT M, LIESEBACH M, WOLF H (2015): Vermehrungsgut für klima- und standortgerechten Wald. AFZ-DerWald (11): 24-26.
- ROLOFF A (2016): Wie verläuft der Alterungsprozess bei Bäumen - und welche Folgen hat das für die Vitalitäts-Interpretation? ProBaum (3): 2-6.
- SCHIRMER R (2014): Neuer Züchtungsansatz zur Anlage leistungsfähiger Saatguterntebestände von Roteiche. Bayrische Landesanstalt für Wald- und Forstwirtschaft (LWF), Heft 74 - Forstgenetik, Forstgenressourcen und Forstvermehrungsgut: 74-77.
- STEINER W (2012): Hochwertiges Vermehrungsgut durch züchterische Verbesserung: Ein Vergleich verschiedener Möglichkeiten am Beispiel der Roteiche (*Quercus rubra* L.). Forstarchiv 83 (2): 85-92.
- WHITE TL, ADAMS WT, NEALE DB (2007): Forest Genetics. CABI publishing. Cambridge, Massachusetts, USA.

Autorinnen und Autor

MARTHA TÖPPE, MIRIAM WATERMEIER, MARTIN HOFMANN
Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA), Abteilung C Waldgenressourcen,
Prof.-Oelkers-Str. 6, 34346 Hann. Münden;
Kontakt: martha.toeppe@nw-fva.de

Neue Samenplantagen für Deutschland – Empfehlungen auf Basis internationaler Erkenntnisse

HEIKE LIESEBACH, KATHARINA J. LIEPE, CORNELIA BÄUCKER

Zusammenfassung

Zur Umsetzung der Ziele der Forstpflanzenzüchtung in Deutschland werden für einige heimische Baumarten (*Pinus sylvestris*, *Picea abies*, *Larix decidua*, *Acer pseudoplatanus*, *Quercus* sp.) neue Samenplantagen aufgebaut. Fünf Hauptpunkte fassen zusammen, wie der aktuelle wissenschaftliche Kenntnisstand praktisch umgesetzt werden kann.

Nr.	Ziel	Was ist zu tun?
1	Angepasstheit sichern, „Outbreeding depression“ vermeiden	3 – 4 artspezifische Zuchtzonen berücksichtigen
2	Mindestmaß an genetischer Diversität sichern, Handlungsoptionen offenhalten	Mindestens 60 – 80 Klone je Samenplantage bei heimischen Baumarten verwenden
3	Heterosiseffekt nutzen, „Inbreeding depression“ vermeiden	Nur 1 selektierten Plusbaum pro Population bzw. pro Versuchsprüfglied als Klon je Samenplantage verwenden
4	Optimierung der Zufallspaarung	Gleiche Rametzahlen je Klon und passendes räumliches Design (Software ONA)
5	Zukünftige Arbeiten	Zuchtwerte ermitteln, Nachkommenschaftsprüfungen nach FoVG

Abstract

To implement the objectives of forest tree breeding in Germany, new seed orchards will be established for some native tree species (*Pinus sylvestris*, *Picea abies*, *Larix decidua*, *Acer pseudoplatanus*, *Quercus* sp.). Five main points summarize how the current scientific knowledge can be implemented practically.

No.	Objective	What to do?
1	Ensure adaptedness, avoid "Outbreeding depression"	Consider 3 – 4 species-specific breeding zones
2	Ensure minimum genetic diversity, keep options for action open	Use at least 60 – 80 clones per seed orchard for native tree species
3	Utilize heterosis effect and avoid „Inbreeding depression“	Use only 1 selected plus tree per population or per test unit as clone per seed orchard
4	Optimization of random mating	Equal numbers of ramets per clone and suitable spatial design (Software ONA)
5	Future work	Determine breeding values, progeny testing according to FoVG

1 Forstpflanzenzüchtung in Deutschland

"Wichtiges Ziel der Züchtung ist die Bereitstellung von Vermehrungsgut, das anpassungsfähig und leistungsstark genug ist, um den erwarteten Umweltänderungen bei der Erfüllung aller Waldfunktionen gerecht zu werden." Diese Aussage muss als der Kernsatz aus der Züchtungsstrategie für Deutschland (LIESEBACH M et al. 2013) angesehen werden. In diesem Satz ist auch klar ausgedrückt, dass die an erster Stelle genannte Anpassungsfähigkeit als Voraussetzung für das Zuchtziel Wuchsleistung und generell für alle Waldfunktionen betrachtet wird.

Die Züchtungsstrategie beinhaltet sechs spezifische Programme für Douglasie, Lärche, Bergahorn, Fichte, Kiefer und Eiche. Ihre Realisierung wurde mit großen deutschlandweit organisierten Verbundprojekten FitForClim (2014 – 2019) und AdaptForClim (2017 – 2021) begonnen, die vom Waldklimafonds gefördert wurden. Die Plusbaumselektion erfolgte erstmalig deutschlandweit im Projektverbund und nach abgestimmten Kriterien, wobei man sich primär auf Versuchsflächen konzentrierte. Bundesweit wurden dazu ca. 1500 Flächen erfasst und deren Daten gemeinsam aufbereitet. Reiser wurden geerntet, veredelt und Klonarchive mit Pflanzlingen aufgebaut. Konsequenter Folgeschritt ist nun der Aufbau von Samenplantagen, mit dessen Umsetzung im Projekt OptiSaat (2021 – 2025, ebenfalls Waldklimafonds) bereits begonnen wird. Der in der Züchtungsstrategie angestrebte „... **erzielbare Volumenmehrertrag [von] im Mittel zwischen 10 % und 30 % ...**“ soll, zumindest bei einigen Baumarten, mit „**Hochleistungssamenplantagen**“ erreicht werden. Im folgenden Beitrag soll es nun um den genetischen und räumlichen Aufbau dieser neuen Samenplantagen gehen, die der Produktion von Saatgut für vielseitig einsetzbare, angepasste, qualitativ hochwertige und leistungsstarke Forstpflanzen dienen sollen. Andere Samenplantagen, z. B. zur Erhaltung genetischer Ressourcen bei seltenen Baum- und Straucharten, sind hier nicht Gegenstand.

In Deutschland existieren bereits seit vielen Jahrzehnten Samenplantagen, aktuell mehr als 300. Darunter befinden sich 54 für *Pinus sylvestris*, 49 für *Larix sp.*, 44 für *Picea abies*, je 23 für *Pseudotsuga menziesii* und *Alnus glutinosa* und je 20 für *Prunus avium* und *Tilia cordata*. Sie sind sehr unterschiedlich in ihrer genetischen Zusammensetzung, der Anzahl der Klone, ihrem räumlichen Design und ihrer Größe. Zahlreiche Nachkommenschaften von Samenplantagen wurden bereits in Feldversuchen nach FoVG getestet. Erfolgreich waren dabei ca. 50 dieser Samenplantagen, welchen anschließend der Kategorie „Geprüft“ zugesprochen wurde. Die übrigen basieren bisher auf der zugrundeliegenden phänotypischen Auslese und sind in der Kategorie „Qualifiziert“ zugelassen.

2 Motivation

Absaaten dieser deutschen Samenplantagen zeigten in Nachkommenschaftsprüfungen teilweise bessere Qualitätseigenschaften im Vergleich zu den Standards oder zu anderen Prüfgliedern aus Bestandesabsaaten. Genauso konnten überlegene Wuchsleistungen festgestellt werden, aber bei weitem nicht bei allen Plantagenabsaaten. Stattdessen wurden viele als mehr oder weniger vergleichbar mit dem Durchschnitt der Nachkommen aus zugelassenen Saatgutbeständen eingestuft. Es stellt sich die Frage, woher die doch beträchtlichen genetischen Gewinne in der Wuchsleistung bei Nachkommenschaften aus forstlichen Samenplantagen kommen, von denen auf internationaler Ebene so häufig berichtet wird. Wie können wir die jetzt neu anzulegenden Samenplantagen optimieren, um den in der Forstpflanzenzüchtung angestrebten Zielen näher zu kommen? Der große Aufwand für die Realisierung der Züchtungsstrategie ist aus unserer Sicht nur gerechtfertigt, wenn nach der Plusbaumselektion und der Anlage von Klonarchiven nun auch das Bestmögliche für die Anlage der neuen Samenplantagen getan wird. Mit dieser Motivation wurde eine umfassende Literaturstudie zum internationalen Kenntnisstand in Bezug auf forstliche Samenplantagen, einschließlich zu Fragen der sexuellen Reproduktionsprozesse in Populationen, zu sog. Zuchtwerten (breeding values) in fortgesetzten Züchtungszyklen, zur Klonanzahl und zum räumlichem Design durchgeführt. Im Folgenden werden die Kernaussagen dieser Studie vorgestellt.

Die Originalarbeit, veröffentlicht in einer internationalen Fachzeitschrift (LIESEBACH H et al. 2021), geht ausführlich auf die gestellten Fragen ein, enthält zahlreiche Beispiele aus der Literatur und entsprechende Schlussfolgerungen bezogen auf Deutschland. Eine Übersetzung ins Deutsche befindet sich im Schlussbericht AdaptForClim (LIESEBACH M et al. 2020).

3 Populationsgenetischer Hintergrund

Ziel der Forstpflanzenzüchtung ist die Steigerung des Wachstums und die Verbesserung von Holzqualität und Resistenzen bei den Nachkommen durch die Kombination nicht miteinander verwandter Eltern mit gewünschten Eigenschaften. Ein Heterosis-Effekt als Maximum der in Abbildung 1 dargestellten Kurve kann durch die Paarung zwischen Herkünften erreicht werden. Als Fremdbefruchter haben unsere Waldbaumarten eine mehr oder weniger ausgeprägte Inzuchtdepression (inbreeding depression), die sich nicht nur bei Selbstungen, sondern auch bei der Paarung von Verwandten negativ auf Fitnessmerkmale und Wachstum auswirken kann. Zusätzlich existiert eine sog. „outbreeding depression“, die eintreten kann, wenn Nachkommen durch Kreuzung einer lokalen und einer schlecht angepassten, ökologisch weit entfernten, Population entstehen (Abb. 1).

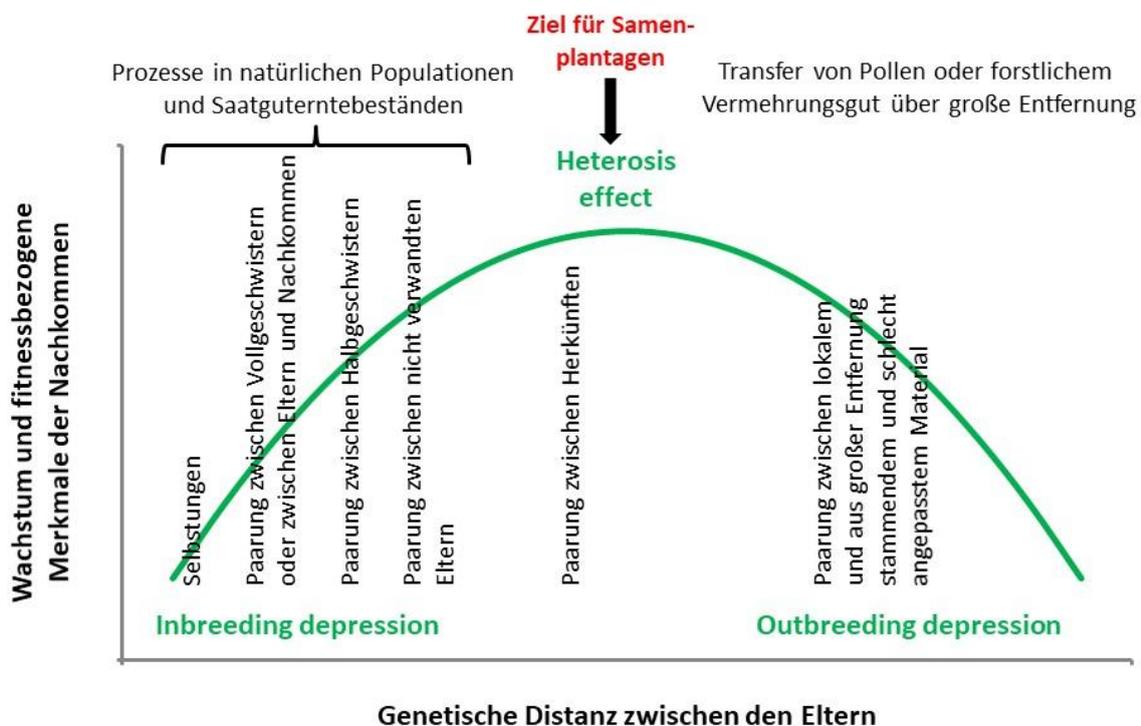


Abb. 1: Schematische Darstellung von Wachstum und fitnessbezogenen Merkmalen in Abhängigkeit von der genetischen Distanz zwischen Elternbäumen, adaptiert aus LIESEBACH H et al. (2021).

Zahlreiche experimentelle Befunde aus umfangreichen Kreuzungsprogrammen, teilweise über mehrere Generationen hinweg, belegen die Inzuchtdepression (siehe Originalarbeit). Hier soll nur auf ein ausgewähltes Beispiel eingegangen werden. In Kanada wurden 1987 Kreuzungen zur Erzeugung verschiedener Inzuchtgrade

bei Douglasie durchgeführt (WOODS und HEAMAN 1989; WOODS et al. 2002; STOEHR et al. 2015). Die Daten in Tabelle 1 zeigen die zunehmende Depression hinsichtlich Überlebensrate und Wuchsleistung bei steigendem Inzuchtgrad bei 26-jährigen Douglasien.

Tabelle 1: Inzuchtdepression bei Douglasie im Alter von 26 Jahren, Daten aus STOEHR et al. (2015).

Land	Inzuchtgrad F	Anzahl Familien	Inzuchtdepression Survival	Inzuchtdepression Volumen
Paarung zwischen nicht verwandten Eltern	0	20	0	0
Paarung zwischen Halbgeschwistern	0,125	66	– 20 %	– 25 %
Paarung zwischen Vollgeschwistern	0,25	36	– 40 %	– 40 %
Paarung zwischen Eltern und Nachkommen	0,25	17	– 40 %	– 40 %
Selbstungen	0,50	9	– 80 %	– 40 %

Wenn mehrere Plusbäume aus einer Population oder einem Versuchsprüfglied selektiert werden, ist die Wahrscheinlichkeit nicht gering, dass darunter Halbgeschwister sein können. Wie im gezeigten Beispiel der Douglasie muss dann für die Nachkommenschaft mit einer Inzuchtdepression von ca. 20 % bei der Überlebensrate und ca. 25 % beim Volumenertrag gerechnet werden. Diese Größenordnungen sind nicht als Einzelfall bei einer vielleicht schlechten Kombinationseignung zu verstehen, sondern waren das Mittelwtergebnis von 66 verschiedenen Kreuzungsfamilien (STOEHR et al. 2015).

Die bekannten gegenläufigen Effekte in fortgesetzten Züchtungszyklen zwischen einer Anreicherung erwünschter wachstumsfördernder Allele einerseits und der Inzuchtdepression andererseits haben im internationalen Rahmen dazu geführt, dass die Zuchtpopulationen und (Produktions-) Samenplantagen voneinander getrennt gehalten werden. Ferner existieren zumeist mehrere Zuchtpopulationen, die untereinander nicht verwandt sind. Neuere Modelle versuchen, den genetischen Gewinn in Plantagensaatgut auch bei Beteiligung von verwandten Klonen zu maximieren, indem mit einer höheren Anzahl an Klonen gearbeitet wird (z. B. MULLIN 2017).

4 Praxisempfehlungen für neue Samenplantagen

4.1 Artspezifische Zuchtzonen

Die geographische Lage von Deutschland und die damit einhergehende Variation des Klimas bedingen eine Unterteilung in sog. Zuchtzonen, um beispielsweise die unterschiedlichen Spätfrosthäufigkeiten zwischen Bereichen atlantischer und kontinentaler Klimaprägung angemessenen zu berücksichtigen. Die Ausweisung von baumartspezifischen Zuchtzonen orientierte sich dabei primär an klimatischen Unterschieden sowie der praktischen Realisierbarkeit und Wirtschaftlichkeit, die am besten mit drei bis maximal vier Zonen gewährleistet werden kann. Damit sind sie deutlich größer als die bereits bestehenden Einteilungen in Herkunftsgebiete oder auch Bundesländer. Die zur Validierung herangezogene Auswertung vorhandener Versuchsdaten bestätigte die Sinnhaftigkeit der Aggregation zu größeren Zonen auch hinsichtlich der genetischen Anpassung. Exemplarisch sind die Zuchtzonen für drei Baumarten in Abbildung 2 dargestellt. Basierend auf diesen Zuchtzonen sind die einzelnen Klone für die anzulegenden Samenplantagen auszuwählen und zu zonenspezifischen Kollektiven

zusammenzustellen. Nähere Erläuterungen dazu befinden sich in den FitForClim-Abschlussberichten (LIESEBACH M et al. 2020; MEIBNER et al. 2020).

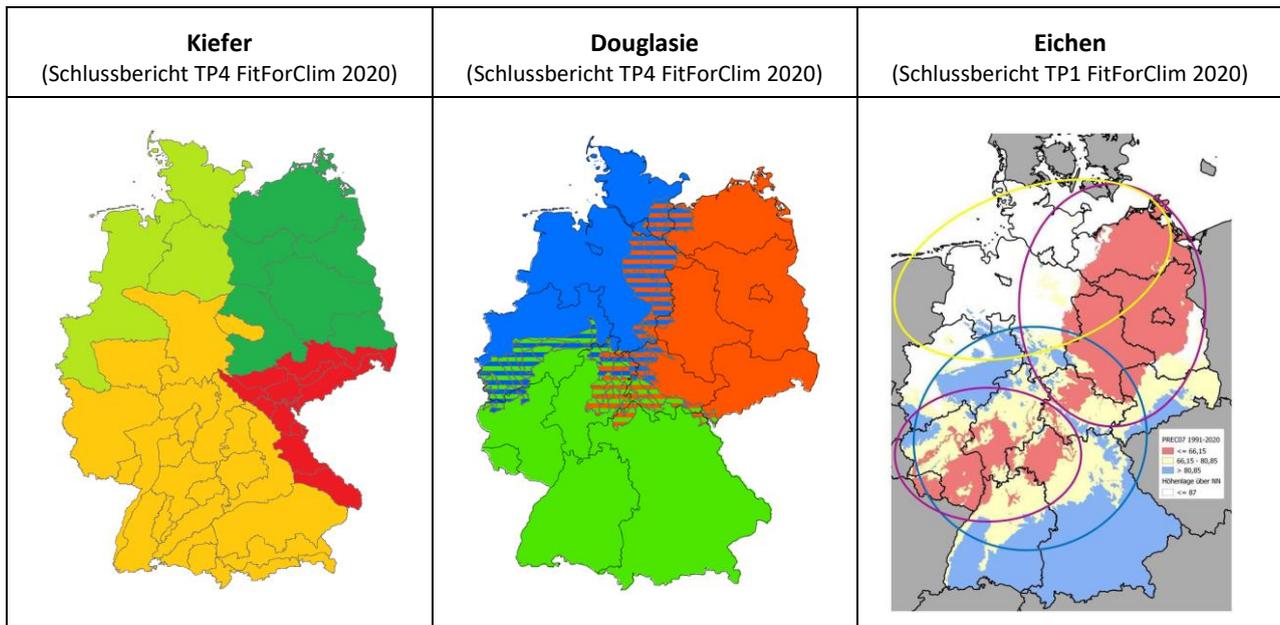


Abb. 2: Beispiele für Zuchtzonen für Kiefer (*Pinus sylvestris*), Douglasie (*Pseudotsuga menziesii*) und Eichen (*Quercus* sp.), aus (LIESEBACH M et al. 2020; MEIBNER et al. 2020).

4.2 Anzahl der Klone

Grundsätzlich gibt es keine allgemeingültigen Regeln für die Anzahl von Klonen in forstlichen Samenplantagen. Im Sinne der klassischen Forstpflanzenzüchtung lautet die Empfehlung in der internationalen Literatur 20-40 nicht verwandte Klone zu verwenden. Diese Zahl folgt dem ökonomisch orientierten Ziel der Maximierung des „Genetic gains“, erhält aber ein Mindestmaß an genetischer Diversität. Dabei muss jedoch ausdrücklich betont werden, dass sich diese Zahlen auf fortgeschrittene Züchtungszyklen beziehen, d. h. schon bekannte Zuchtwerte (breeding values) vorliegen und die Nachkommen dieser Plantagen eine begrenzte Zeit verwendet werden, also bereits parallel zu ihrer Beerntung Plantagen neuer Klonkomposition aufgebaut werden. Nur unter dieser Voraussetzung kann eine hohe und kontinuierliche Leistungssteigerung in der Nachkommenschaft durch strenge Selektion und Kombination weniger Klone erwartet werden.

Bei Samenplantagen der 1. Generation sind diese Zuchtwerte in der Regel nicht bekannt, da sie aus phänotypisch ausgewählten Plusbäumen zusammengestellt werden. Es existieren nur wenige aussagekräftige Arbeiten zur Klonzahl, einzig KANG et al. (2001) gibt eine übersichtliche Zusammenstellung zu insgesamt 255 Samenplantagen von verschiedenen Koniferenarten aus drei Ländern (Tabelle 2). Mit Ausnahme von Plantagen mit *Pinus sylvestris* in Finnland mit fast 140 Klonen lag die mittlere Klonzahl je Plantage laut KANG et al. (2001) zwischen 70 – 94 Klonen.

Für die neuen Samenplantagen in Deutschland werden bei den heimischen Baumarten (*Pinus sylvestris*, *Picea abies*, *Larix decidua*, *Acer pseudoplatanus*, *Quercus* sp.) je Zuchtzone mindestens 60 – 80 Klone empfohlen. Diese Zahl erhält (1) die Option für eine gezielte genetische Durchforstung der Samenplantage nach Zuchtwerten offen. Darüber hinaus gewährleistet sie (2) ein Mindestmaß an genetischer Diversität für eine spätere Anpassungsfähigkeit der Nachkommenschaft und (3) eine spätere Überführung der Nachkommenschaften in natürliche Verjüngung, ohne dabei einen zu starken genetischen Flaschenhalseffekt auszulösen. Die Zahl von 60 – 80 Klonen stellt einen Kompromiss dar zwischen populationsgenetischen Aspekten einerseits, die eine

höhere Klonzahl unterstützen und der praktischen Realisierbarkeit andererseits, die möglichst geringe Zahlen präferiert.

Für die Douglasie (*Pseudotsuga menziesii*) als eingeführte Nadelbaumart und für Hybridlärchen (*Larix decidua* × *L. kaempferi*) können geringere Klonzahlen berücksichtigt werden (siehe Originalarbeit LIESEBACH H et al. 2021).

Tabelle 2: Klonzahl und Größe von Samenplantagen der 1. Generation, Daten aus KANG et al. (2001).

Land	Baumart	Samenplantagen Anzahl	Mittlere Klonzahl	Mittlere Größe [ha]	Mittlere Rametzahl
Finnland	<i>Pinus sylvestris</i>	176	139	15,5	4137
	<i>Picea abies</i>	25	75	10,9	3182
Korea	<i>Pinus koraiensis</i>	13	70	7,0	2689
	<i>Pinus densiflora</i>	8	94	13,6	5454
Schweden	<i>Pinus sylvestris</i>	22	80	14,5	4614
	<i>Picea abies</i>	11	71	11,2	2713

4.3 Verwandtschaftsgrad der Klone

Wenn die angestrebte Leistungssteigerung in den Nachkommenschaften von neuen Samenplantagen in Deutschland erreicht werden soll, kann man den Verwandtschaftsgrad der Klone nicht außer Acht lassen und muss eine potentielle Inzuchtdepression gezielt vermeiden. Dies bedeutet, dass jeweils nur ein Klon aus einer Population oder aus einem Prüfglied für die Klonzusammenstellung einer Samenplantage zu verwenden ist. Damit wird nicht nur die Verwandtenpaarung vermieden, sondern auch die Heterosis im Sinne von Kreuzungen zwischen Populationen gefördert.

Selbstungen innerhalb eines Baums oder zwischen Ramets eines Klons können natürlich nie ganz ausgeschlossen werden. Sie sind jedoch, zumindest bei Koniferen, praktisch weniger relevant, da Hohlkörner entstehen können oder bei Polyembryonie eine Selektion schon vor der Samenreife stattfinden kann (LINDGREN 1975; SORENSEN 1982; KANAZASHI et al. 1990). Auch bei keimfähigen Samen aus Selbstungen sterben solche Sämlinge mit hoher Wahrscheinlichkeit frühzeitig ab oder können im Wachstum nicht mithalten.

4.4 Räumliche Anordnung der Klone

Wenn sich alle Klone einer Samenplantage mit allen anderen Klonen gleich häufig paaren, entsteht eine maximale Anzahl unterschiedlicher Kombinationen im Saatgut. Diese sog. Zufallspaarung sorgt für ausgewogene genetische Beiträge der einzelnen Klone. Der Schwerpunkt bei den neu anzulegenden Samenplantagen der 1. bzw. 1,5. Generation soll deswegen auf der Zufallspaarung liegen. Dies bedeutet, gleiche Rametzahlen der Klone anzustreben, und die räumliche Anordnung der Klone so zu gestalten, dass alle Kombinationen etwa gleich häufig benachbart stehen. Die Software ONA „Optimum Neighbourhood Algorithm“ (CHALOUPKOVÁ et al. 2016, 2019) ist geeignet, um solche optimalen räumlichen Layouts für die Samenplantagen zu erstellen. Praktisch entstehen natürlich immer Abweichungen von der Zufallspaarung, da die Blühintensität der einzelnen Klone nicht identisch ist und die Blühzeitpunkte nicht optimal überlappen.

Für das Design von Samenplantagen ab der 2. Generation können bei bekannten Zuchtwerten der Klone auch Rametzahlen nach Zuchtwerten gewichtet oder bei teilweiser Verwendung verwandter Klone die Inzuchtdepression durch bestimmte räumliche Anordnungen minimiert werden. Eine ausführlichere

Beschreibung weiterer Software-Programme zur Erstellung von Pflanzplänen für forstliche Samenplantagen befindet sich in der Originalarbeit (LIESEBACH H et al. 2021).

5 Zukünftige Arbeiten

Zukünftige Arbeiten im Zusammenhang mit forstlichen Samenplantagen zur Umsetzung von Züchtungszielen wird es in zwei Richtungen geben. Generell sollen Plantagenabsaaten nach den Richtlinien des FoVG geprüft werden, um später die Kategorie "Geprüft" für überlegene Samenplantagen zu erreichen. Darüber hinaus und um weitere Züchtungsfortschritte zu erzielen, ist es wichtig, Zuchtwerte für einzelne Klone zu ermitteln. Sie sind die Voraussetzung für eine sog. genetische Durchforstung der bestehenden Samenplantagen, um mit verringerter Klonzahl eine Leistungssteigerung erreichen zu können und die Zusammensetzung künftiger Generation von Samenplantagen weiter zu optimieren.

Die konventionelle Methode zur Ermittlung von Zuchtwerten besteht dabei in der Anlage von Versuchsflächen zur Nachkommenschaftsprüfung für die einzelnen Klone. Dazu können sowohl Kreuzungsnachkommen als auch Nachkommen aus freier Abblüte verwendet werden. Eine neue Methode zur Ermittlung von Zuchtwerten kann über moderne DNA-Marker die Verwandtschaft von schon bestehenden gemischten Nachkommenschaften ermitteln, Abstammungen rekonstruieren und so ohne eine klonweise Beerntung, Pflanzenanzucht und Neuanlage von Flächen auskommen. Dieses Konzept, genannt „Breeding without breeding“, ist 2006 im internationalen Rahmen zum ersten Mal vorgestellt worden (EL-KASSABY et al. 2006) und wurde seitdem ständig weiterentwickelt. Es soll geprüft werden, inwieweit von betreffenden Plusbäumen schon Nachkommenschaften existieren, die sich für einen solchen Ansatz eignen, um dann Aufwand und Potential der neuen Methode, auch im Vergleich zur konventionellen Verfahrensweise, abzuschätzen.

Referenzen

- CHALOUPOKOVÁ K, STEJSKAL J, EL-KASSABY YA, FRAMPTON J, LSTIBŮREK M (2019): Current advances in seed orchard layouts: Two Case Studies in Conifers. *Forests* 10 (2): 1-6. <https://dx.doi.org/10.3390/f10020093>
- CHALOUPOKOVÁ K, STEJSKAL J, EL-KASSABY YA, LSTIBŮREK M (2016): Optimum neighborhood seed orchard design. *Tree Genetics & Genomes* 12 (6): 105. <https://dx.doi.org/10.1007/s11295-016-1067-y>
- EL-KASSABY YA, LSTIBUREK M, LIEWLAKSANEYANAWIN C, SLAVOV GT, HOWE GT (2006): Breeding Without Breeding: Approach, Example, and Proof of Concept. *Proceedings of the IUFRO Division2 Joint Conference, 19-23 October 2006, Antalya Turkey*: 43-54.
- KANAZASHI A, KANAZASHI T, YOKOYAMA T (1990): The relationship between the proportion of self-pollination and that of selfed filled seeds in consideration of polyembryony and zygotic lethals in *Pinus densiflora*. *Journal of the Japanese Forestry Society* 72 (4): 277-285.
- KANG KS, HARJU AM, LINDGREN D, NIKKANEN T, ALMQVIST C, SUH GU (2001): Variation in effective number of clones in seed orchards. *New Forests* 21 (1): 17-33. <https://dx.doi.org/10.1023/A:1010785222169>
- LIESEBACH H, LIEPE K, BÄUCKER C (2021): Towards new seed orchard designs in Germany – A review. *Silvae Genetica* 70 (1): 84-98. <https://dx.doi.org/10.2478/sg-2021-0007>
- LIESEBACH M, DEGEN B, GROTEHUSMANN H, JANSEN A, KONNERT M, RAU H-M, SCHIRMER R, SCHNECK D, SCHNECK V, STEINER W, WOLF H (2013): Strategie zur mittel- und langfristigen Versorgung mit hochwertigem forstlichem Vermehrungsgut durch Züchtung in Deutschland. *Thünen Rep 7*. ISBN 978-3-86576-107-1
- LIESEBACH M, LIESEBACH H, SCHNECK V, BÄUCKER C, EUSEMANN P, HEIMPOLD C, LIEPE KJ, PAKULL B, RIECKMANN C, SCHRÖDER J, WOJACKI J (2020): Bereitstellung von leistungsfähigem und hochwertigem Forstvermehrungsgut für den klima- und standortgerechten Wald der Zukunft (FitForClim) –Teilprojekt 4. Großhansdorf, Germany, 66 p.
- LINDGREN D (1975): The relationship between self-fertilization, empty seeds and seeds originating from selfing as a consequence of polyembryony. ISBN 9138022885

- MEIßNER M, VOLMER K, HARDTKE A, STIEHM C, STEINER W (2020): Bereitstellung von leistungsfähigem und hochwertigem Forstvermehrungsgut für den klima- und standortgerechten Wald der Zukunft (FitForClim) – Teilprojekt 1 –. Hann. Münden, Germany, 66 p.
- MULLIN TJ (2017): OPSEL 2.0: a computer program for optimal selection in tree breeding. Report No: ISSN 1404-305X, 24 p.
- SORENSEN FC (1982): The roles of polyembryony and embryo viability in the genetic system of conifers. *Evolution*: 725-733.
- STOEHR MU, OTT P, WOODS JH (2015): Inbreeding in mid-rotation coastal Douglas-fir: implications for breeding. *Annals of Forest Science* 72 (2): 195-204. <https://dx.doi.org/10.1007/s13595-014-0414-0>
- WOODS JH, HEAMAN JC (1989): Effect of different inbreeding levels on filled seed production in Douglas-fir. *Canadian Journal of Forest Research* 19 (1): 54-59. <https://dx.doi.org/10.1139/x89-007>
- WOODS JH, WANG T, AITKEN SN (2002): Effects of inbreeding on coastal Douglas-fir: nursery performance. *Silvae Genetica* 51 (4): 163-170.

Autorinnen

HEIKE LIESEBACH, KATHARINA J. LIEPE,
Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf
Kontakt: heike.liesebach@thuenen.de

CORNELIA BÄUCKER
Thünen-Institut für Forstgenetik, Eberswalder Chaussee 3A, 15377 Waldsiedersdorf

Neue Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen in Bayern

MUHIDIN ŠEHO, BARBARA FUSSI, RANDOLF SCHIRMER, JOACHIM HAMBERGER, ALWIN JANßEN

Zusammenfassung

Die neuen Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen (HuV) in Bayern sind ein Aufbruch in eine neue Zeit, die viele Veränderungen für unsere Waldökosysteme mit sich bringen wird. Die Empfehlungen stellen den aktuellen Kenntnisstand dar und sollten als erster Schritt betrachtet werden. Es ist geplant, in regelmäßigen Abständen die Empfehlungen zu überarbeiten und aktuelle Forschungsergebnisse zu berücksichtigen.

Neben dem neuen Namen, der den Hauptfokus neben der Herkunft auf die Verwendung des Vermehrungsguts legt, sollen durch die neuen Empfehlungen für die Waldbesitzenden auch neue Möglichkeiten geschaffen werden, um ihre Wälder fit für den Klimawandel zu machen und artenreiche und stabile und genetisch vielfältige Mischwälder aufzubauen. Es gibt einige bekannte Grundsätze, die weiterhin berücksichtigt werden sollten.

Durch den dreistufigen Aufbau der neuen Verwendungsempfehlungen wird die Verwendung von *Bisher Bewährten*, *Klimaplastischen* sowie ganz neuen Herkünften, die nur im Rahmen von Praxisanbauversuchen (PAV) angebaut werden können, ermöglicht. Bei den klimaplastischen Herkünften orientiert sich die Empfehlung an der voraussichtlichen Klimaentwicklung. Die Herkünfte stammen aus Regionen, in denen heute das Klima herrscht, welches wir in den nächsten Jahrzehnten für das zugeordnete Herkunftsgebiet erwarten. Zusätzlich wird Vermehrungsgut der Kategorie „geprüft“ sowie der Kategorie „qualifiziert“ empfohlen. Da die Anzahl der Samenplantagen begrenzt ist, wird die Versorgung vorerst überwiegend auch aus „ausgewählten“ Saatguterntebeständen vorgenommen werden müssen.

Im Klimawandel ist es wichtig die Erhaltung zu intensivieren und die nachhaltige Nutzung zielgerichtet vorzunehmen. Dabei sollte großer Wert auf die Herkunftssicherheit gelegt werden. Die Wahl der geeigneten Herkunft und die Versorgung mit hochwertigem und herkunftssicherem Vermehrungsgut wird bei allen Baumarten (heimisch oder nichtheimisch) entscheidend für den Anbauerfolg und den Aufbau von stabilen Waldbeständen sein. Um dieses Ziel zu erreichen, werden bereits heute wichtige Schritte identifiziert:

- Erweiterung der Anbaumöglichkeiten und Streuung des Risikos für Waldbesitzer über aktualisierte Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen
- Strategien zum Erhalt der genetischen Vielfalt
- Bewertung der Anpassbarkeit und Anpassungsfähigkeit von Erntebeständen (Haupt- und Nebenbaumarten, seltene und Alternativbaumarten)
- Auswahl und Pflege von neuen Erntebeständen
- Anlage von Herkunftsversuchen und Nachkommenschaftsprüfungen (heimische und alternative Baumarten)
- Anlage von Samenplantagen (heimische und nicht heimische Baumarten)
- Dokumentation, Saatgutversorgung und Herkunftskontrolle

1 Einleitung

Die immer häufiger auftretende Trockenheit der letzten Jahre sowie die deutlich sichtbaren Primär- und Sekundärschäden an den heimischen Nadel- und Laubbaumarten stellen die einheimische Forstwirtschaft vor große Herausforderungen. Neben den Schadflächen von Fichten und Kiefern zeigen sich zunehmend Vitalitätseinbußen bei Buchen, Eichen und Bergahorn. Vor allem in den letzten 20 Jahren haben die biotischen und abiotischen Schäden stark zugenommen (z.B. invasive Ausbreitung von Schadorganismen, Trockenheits- und Dürreschäden, Spätfrost und Sturmereignisse). Anhand der Schäden wird deutlich, dass der Klimawandel das

ganze Waldökosystem sowie alle Leistungen und Güter, die die Wälder liefern, betroffen wird. Aufgrund der Langlebigkeit von Bäumen ist dabei die Frage der richtigen Baumarten- und Herkunftswahl umso wichtiger geworden. Für viele Waldbesitzende stellt sich die Frage, auf welche Baumarten und Herkünfte sie beim Waldbau setzen sollen und wo sie geeignetes und herkunftssicheres Saat- und Pflanzgut beziehen können. Die bisherigen Herkunftsempfehlungen, die für die Bewirtschaftung der meisten im Bundes- und Landesbesitz befindlichen Wälder bindend und für den restlichen Waldbesitz empfohlen sind, basieren auf Erfahrungen im Anbau und auf Erkenntnissen aus Versuchen der vergangenen 100 Jahre. Während der Jahre 1920 bis 2000 waren dabei die Klima- und Standortsbedingungen annähernd gleich. Die neuen Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen sollen neue Möglichkeiten für Waldbesitzende bieten, ihre Wälder fit für den Klimawandel zu machen. Die Empfehlungen stellen den aktuellen Kenntnisstand dar. Es ist geplant, die Empfehlungen regelmäßig zu aktualisieren und dabei die neuesten Forschungsergebnisse zu berücksichtigen.

Die bisherigen Herkunftsempfehlungen verfolgen den Ansatz, dass die residenten Populationen aus einem Herkunftsgebiet die größte Anpassung an die herrschenden Standorts- und Umweltbedingungen aufweisen und Vermehrungsgut aus demselben Herkunftsgebiet empfohlen werden kann. Die Auswahl von Saatguterntebeständen erfolgte nach den gesetzlichen Bestimmungen anhand des Phänotyps (Erscheinungsbild) mit guter Gesundheit und Vitalität. Unter Einbeziehung der prognostizierten Klimaänderung ist eine Erweiterung der bisherigen Herkunftsempfehlungen dringend geboten. Die Erweiterung der Anbaumöglichkeiten und Streuung des Risikos für Waldbesitzer über aktualisierte Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen stellen den ersten Schritt dar. Die genetische Anpassungsfähigkeit von Ausgangspopulationen soll zukünftig viel stärker untersucht werden und eine Grundlage der Empfehlung für die Verwendung darstellen.

Bereits untersuchte und positiv bewertete Saatgutquellen sollten vorrangig empfohlen werden. Vermehrungsgut der Kategorie „geprüft“, das die Eignung in Feldversuchen bewiesen hat, sowie der Kategorie „qualifiziert“, das in Samenplantagen geerntet wird, sind aus Einzelbäumen mit hoher Vitalität und hervorragenden Wuchs- und Qualitätseigenschaften aufgebaut worden. Sie weisen in der Regel eine hohe Anpassungsfähigkeit auf. Ihnen wird zugetraut, mit dem momentan bei uns herrschenden Klima zurecht zu kommen. Gleichzeitig wird davon ausgegangen, dass sie auch an das prognostizierte zukünftige Klima anpassungsfähig sind.

Darüber hinaus soll die Forschungsaktivität unterschiedlicher Fachdisziplinen zu Herkunftsunterschieden und der lokalen Anpassung, der Resistenz und Resilienz von Waldpopulationen und vor allem von zugelassenen Saatguterntebeständen intensiviert werden (MELLERT et al. 2021a, b; ŠEHO et al. 2022).

Grundsätze, die bei den neuen Verwendungsempfehlungen berücksichtigt werden sollten:

- Die lokalen Herkünfte sind nach wie vor die Grundlage der Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen. Allerdings ist die Bevorzugung der lokalen Herkunft nicht mehr in allen Fällen gerechtfertigt. Die genetische Vielfalt als Maßstab der Anpassungsfähigkeit der Erntebestände ist neben der Anpassungsfähigkeit zusätzlich einzuschätzen.
- Klimaplastische Herkünfte heimischer Baumarten müssen in die Empfehlungen stärker einbezogen werden. Hier gilt das Prinzip, Herkünfte eher aus wärmeren Herkunftsgebieten mit niedrigeren Sommerniederschlägen zu empfehlen, die vermutlich an die zu erwartenden Umweltbedingungen angepasst sind.
- Zusätzlich sollen seltene heimische Baumarten sowie Nebenbaumarten, die beim Waldbau stärker berücksichtigt werden und nicht dem Forstvermehrungsgutgesetz unterliegen, in die bayerischen Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen aufgenommen werden.
- Herkünfte alternativer Baumarten sollen zusätzlich empfohlen werden, wenn diese unter den jetzigen und den zukünftigen Umweltbedingungen zur Stabilisierung der Waldbestände beitragen können.
- Für eine sichere Herkunfts- bzw. Verwendungsempfehlung ist es unbedingt notwendig, das vorhandene Wissen durch Anlage von weiteren Herkunfts- und Praxisanbauversuchen zu erweitern und Anbauerfahrungen zu sammeln.

- Die forstgenetische Forschung kann wertvolle Aussagen in Bezug auf Angepasstheit und Anpassungsfähigkeit treffen.
- Um die nachhaltige Erzeugung von hochwertigem Vermehrungsgut zu erweitern, sollen vermehrt Erntebestände und Samenplantagen von heimischen Haupt- und Nebenbaumarten sowie von klimaplastischen Herkünften und alternativen Baumarten in Bayern angelegt werden.
- Die Biodiversität im Wald sollte auf allen Ebenen (Waldökosystem, Art und Gen) erhalten werden.
- Die Erhaltung (*in situ und ex situ*) und nachhaltige Nutzung der forstlichen Genressourcen sowie die Sicherung der Waldfunktionen (Nutz-, Schutz- und Erholungsfunktion) sollten weiterhin gewährleistet werden.

2 Stufenweises Vorgehen bietet Chancen und Risiken

2.1 Bisher bewährte Herkunft

In vielen Herkunftsgebieten gilt nach wie vor der Primat der lokalen Herkunft: in den Fällen, dass sowohl das jetzige (hohe Angepasstheit) wie auch an das künftige Klima (hohe Anpassungsfähigkeit) nach heutigen Erkenntnissen für den Anbau keine Probleme bereiten. Unter dieser Prämisse werden Herkünfte desselben Herkunftsgebietes dieser Stufe zugeordnet. Allerdings sind bei manchen Baumarten die Herkunftsgebiete sehr groß, so dass auch innerhalb dieser Gebiete die Klima- und Standortbedingungen relativ unterschiedlich sind. In Zukunft wäre eine auf die jeweiligen Umweltbedingungen des Pflanzortes ausgerichtete Empfehlung besser (reine Verwendungsempfehlung).

In einigen Herkunftsgebieten ist der Primat der lokalen Herkunft nicht haltbar. Beispielsweise ist in der Weißtannen-Herkunft 06 Frankenwald die genetische Anpassungsfähigkeit sehr gering, weshalb die örtliche Herkunft nicht vorrangig für Pflanzungen im selben Herkunftsgebiet empfohlen wird.

Beispiel Weißtanne (Abb. 1): In dieser Kategorie empfehlen wir zuerst die bayerischen Samenplantagen, die mit über 140 Klonen aus den relevanten Herkunftsgebieten (HKG) 06 und 07 aufgebaut wurden. Danach werden ausgewählte Saatguterntebestände des HKG 07 empfohlen. An letzter Stelle in dieser Stufe werde Saatguterntebestände des HKG 06 empfohlen, da die genetische Vielfalt und Diversität im Vergleich zu den Saatguterntebeständen in anderen bayerischen Herkunftsgebieten sehr gering ist (KONNERT und HUSSENDÖRFER 2004).

2.2 Klimaplastische Herkunft

Auf 50 % der Fläche Bayerns werden künftig bereits bei einem Temperaturanstieg von 2 °C Standortbedingungen vorherrschen, die aktuell nirgendwo in Bayern realisiert sind (FISCHER et al. 2018). Besonders in einigen Herkunftsgebieten in Unter- und Mittelfranken ist auch bei den Hauptbaumarten Buche, Trauben- und Stieleiche eine Erweiterung der Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen für Vermehrungsgut aus heute bereits wärmeren und trockeneren Regionen notwendig. Außerdem könnten innerhalb Bayerns Herkünfte für höhere Lagen empfohlen werden. Dabei gilt als Faustzahl bei Erwärmung um einen Grad Celsius pro 150 Höhenmeter.

Diese Empfehlung orientiert sich an der voraussichtlichen Klimaentwicklung. Die Herkünfte stammen aus Regionen, in denen heute das Klima herrscht, welches wir in den nächsten Jahrzehnten für das zugeordnete Herkunftsgebiet erwarten. Zusätzlich wird Vermehrungsgut der Kategorien „Geprüft“ und „Qualifiziert“ empfohlen. Allerdings sind Herkünfte aus einem wärmeren Klima in der Regel weniger an Frost- und Schneereignisse angepasst. Da in Bayern trotz des Klimawandels auch (Spät-)Fröste und Nassschneelagen vorkommen werden, sind Frost- oder Schneebruchschäden an diesen Herkünften nicht auszuschließen.

Beispiel Weißtanne (Abb. 1): Die Grundlage unserer Empfehlung bilden Herkunftsversuche. In beiden Versuchsserien haben sich Herkünfte aus Baden-Württemberg und Rumänien bei allen untersuchten Merkmalen als überdurchschnittlich erwiesen, daher werden diese als „Klimaplastische Herkünfte“ empfohlen.

827 06 Thüringisch-Sächsisch-Nordostbayerische Mittelgebirge

Bisher bewährte Herkünfte			
SP Leimbach	Bayern	Register-Nr. 091 827 06 082 3	qualifiziert
SP Hohenpeißenberg	Bayern	Register-Nr. 091 827 06 089 3	qualifiziert
SP Laufen- Penesöd	Bayern	Register-Nr. 091 827 07 060 3	qualifiziert
EB des HKG 827 07			ausgewählt
EB des HKG 827 06			ausgewählt
Klimaplastische Herkünfte			
SP Vitzroda	Thüringen	Register-Nr. 163 827 10 019 3	qualifiziert
SP Poiana Neamtului	Rumänien	PS-BR-SB79Avrig/Sibiu	qualifiziert
SP Garcina	Rumänien	PS-BR-NT81, Garcina/Neamt	qualifiziert
SP Carbunac	Rumänien	PS-BR-MM81 Baia Sorie /Maramures	qualifiziert
SP Vâlcele	Rumänien	PS-BR-CV82 Tălișoara	qualifiziert
EB des HKG 827 08			ausgewählt
EB des HKG 827 10		(nicht in spätfrostgefährdeten Lagen)	ausgewählt

Herkünfte für Praxisanbauversuche			
Bulgarien	SP Šolnik Dolni Chijlik/Varna		qualifiziert
Tschechien	EB CZ-2-2B-JD-00032-12-4-C		ausgewählt
	EB CZ-2-2B-JD-00034-12-5-C		ausgewählt
	EB CZ-2-2B-JD-00009-12-5-V		ausgewählt
	EB CZ-2-2B-JD-00063-13-6-C		ausgewählt
	EB CZ-2-2B-JD-00019-13-6-P		ausgewählt
	EB CZ-2-2B-JD-00005-13-6-P		ausgewählt
	EB CZ-2-2B-JD-00012-13-6-V		ausgewählt
	EB CZ-2-2B-JD-00010-13-5-V		ausgewählt
	EB CZ-2-2B-JD-00002-13-6-V		ausgewählt
Slowakei	EB 03525PP-224		ausgewählt
	EB 03526PP-225		ausgewählt
	EB 03445BR-231		ausgewählt
	EB 03543BB-237		ausgewählt
	EB 03544BB-237		ausgewählt
	EB 03545BB-252		ausgewählt

Abb. 1: Beispiel aus den aktualisierten Verwendungsempfehlungen 2023: Verwendungsempfehlung für die **Weißtanne** für das Herkunftsgebiet 827 06 – Thüringisch-Sächsisch-Nordostbayerische Mittelgebirge (EB = Erntebestände; HKG = Herkunftsgebiet), (BAYSTMELF 2023).

2.3 Herkünfte für Praxisanbauversuche

Diese Empfehlungsstufe enthält Vorschläge für Herkünfte bestimmter Baumarten, die nach aktueller Einschätzung in der Zukunft zum Anbau in Praxisanbauversuchen (PAV) geeignet sein könnten (JANSEN et al. 2019; HAMBERGER 2021) oder sich bereits in Herkunftsversuchen als vielversprechend erwiesen haben (z. B. bei Rotbuche; ŠEHO et al. 2022). Diese sind zum einen alternative Herkünfte von heimischen oder bei uns bereits bewährten alternativen Baumarten. Zum anderen werden Herkünfte für weitere alternative Baumarten empfohlen. In beiden Fällen soll die Eignung dieser Herkünfte bzw. Baumarten im Rahmen von Praxisanbauversuchen genauer beleuchtet werden, um möglichst schnell praxisrelevante Erkenntnisse zu gewinnen.

Beispiel Weißtanne (Abb. 1): In der Kategorie „Herkünfte für Praxisanbauversuche“ empfehlen wir Bestände, bei denen keine gesicherten Erkenntnisse vorliegen, jedoch im Rahmen von Praxisanbauversuchen gewonnen

werden sollen. In dieser Kategorie werden Herkünfte aus Tschechien (Herkunftsgebiet 12 Predhori Sumavy a Novohradskysch hor und 13 Sumava), der Slowakei (Herkunftsgebiet 2 Stredoslovenska und 3 Vychodoslovenska) und Bulgarien empfohlen.

3 Bisherigen Empfehlungen werden erweitert

3.1 Herkünfte seltener heimischer Baumarten und alternativer Baumarten

Im Klimawandel werden zunehmend Baumarten diskutiert, die für die heimische Forstwirtschaft bisher keine oder geringe Bedeutung hatten und oft wegen ihrer Konkurrenzschwäche gegenüber den Hauptbaumarten auf Extremstandorte verdrängt wurden. Sie weisen oft Eigenschaften (z. B. hohe Trockenheitstoleranz, Frosttoleranz usw.) auf, die im Klimawandel immer wichtiger werden und zur Stabilisierung der Waldbestände beitragen können. Die Baumarten kommen meist in kleineren und isolierten Populationen vor. Gerade bei diesen Baumarten ist die Auswahl von geeigneten Saatgutquellen entscheidend für den zukünftigen Anbauerfolg und die Anpassungsfähigkeit. Viele dieser Baumarten unterliegen nicht dem FoVG und können ohne jegliche gesetzliche Bestimmung produziert und Inverkehr gebracht werden. Dadurch ergibt sich ein hohes Risiko für die Versorgung mit hochwertigem und herkunftssicherem Vermehrungsgut für die Waldbesitzenden darstellt. Baumarten, die dieser Baumartengruppe angehören sind z. B. Elsbeere, Feldahorn, Flatterulme, Speierling und Eibe. Am Bayerischen Amt für Waldgenetik (AWG) wurden im Rahmen von wissenschaftlichen Untersuchungen forstgenetische Erkenntnisse gewonnen, die als Grundlage für die Erhaltung und Nutzung forstlicher Genressourcen dieser Baumarten genutzt werden können. Informationen zu phänotypisch und genetisch geeigneten Bestände wurden in das bayerische Erntezulassungsregister aufgenommen und dadurch den Waldbesitzenden sowie den Erntefirmen zur Verfügung gestellt.

Als weiterer Schritt wird die Verbesserung der Erntebasis für die Nebenbaumarten Spitzahorn, Hainbuche und Sommerlinde auf genetischer Grundlage vorgenommen. Diese Baumarten haben bisher eine untergeordnete Rolle gespielt oder wurden als dienende Baumarten genutzt, weshalb deren Anpassungspotential bisher nicht detaillierter untersucht worden ist. Die Ausweisung von Saatguterntebeständen erfolgte ausschließlich anhand des Phänotyps. Die Mindestanforderungen (20 Bäume im Bestand, 10 müssen beerntet werden) sind aus genetischer Sicht zu gering und sollten erweitert werden. Bei allen drei Baumarten wird eine Gesamtbewertung der genetischen Befunde und der regionalen Differenzierung vorgenommen. Neben anderen Parametern werden die genetischen Vielfaltparameter (genetische Vielfalt und Diversität) zur Bewertung der Erhaltungs- und Erntebestände herangezogen.

Im Rahmen von Projekten werden weitere mögliche Alternativbaumarten (z. B. Flaumeiche und Zerreiche) untersucht, die dem FoVG unterliegen, für die jedoch in Deutschland keine Herkunftsgebiete ausgewiesen sind. Das natürliche Vorkommensgebiet befindet sich größtenteils außerhalb Deutschlands.

Eine weitere Baumartengruppe stellen Baumarten mit ausgewiesenen HKG und ohne nennenswerte Vorkommensflächen in Bayern (z. B. Edelkastanie oder Robinie) dar. Bei diesen Baumartengruppen ist es besonders wichtig zu berücksichtigen, dass im EU-Ausland viele Erntebestände der Saatgutkategorie „quellengesichert“ zugelassen sind, die in Deutschland nach § 14 des FoVG für die Forstliche Nutzung nicht verwendet werden dürfen.

Eine viel diskutierte und immer wichtiger werdende Baumartengruppe bilden die möglichen Alternativbaumarten. In Bayern sind diese Baumarten in der Leitlinie der Bayerischen Forstverwaltung „Baumartenwahl für den Klimawald“ (BAYSTMELF 2020) geregelt und können förderfähig in Praxisanbauversuchen eingebracht werden.

Da bei den unterschiedlichen Baumarten der Stand des Wissens sowie Erkenntnisse zur Anbaueignung in Bayern stark variieren, wurden vier Kategorien eingeführt, die mit Mindestflächen limitiert sind. So können z. B. Baumarten der Kategorie 2, wie die Atlas- und Libanonzedern auf eine maximale Fläche von 0,5 ha, Baumarten

der Kategorie 3, wie die Orientbuche, auf eine maximale Fläche von 0,1 ha eingebracht werden. In der Kategorie 4 befinden sich Baumarten, die für den forstlichen Anbau nicht geeignet sind. Wenn sich der Kenntnisstand ändert, können diese Baumarten in die nächsthöhere Kategorie eingestuft werden.

ŠEHO und JANŤEN (2019) beschreiben die Erfahrungen und Herausforderungen, die bei bisherigen sowie neuen Einfuhrwellen mit alternativen Baumarten berücksichtigt werden sollten. Bei der Baumartengruppe der Alternativbaumarten muss berücksichtigt werden, dass bestimmte Baumarten (Atlaszeder, Libanonzeder, Zerreiche) dem FoVG unterliegen und keine HKG in Deutschland ausgewiesen wurden. Je nachdem wo das natürliche Verbreitungsgebiet liegt (z. B. EU, nicht EU oder USA), müssen die Einfuhrbestimmungen berücksichtigt werden. Des Weiteren sind in der Baumartengruppe der Alternativbaumarten auch Baumarten zu finden (z. B. Baumhasel, Orientbuche und Ungarische Eiche), die nicht dem FoVG unterliegen und ohne gesetzliche Regelungen eingeführt und Inverkehr gebracht werden dürfen. Bei allen genannten Baumartengruppen sollte ein bestimmter Erkenntnisstand vorliegen, um eine Bewertung der Anbauwürdigkeit und Anbaufähigkeit vornehmen zu können. Gerade bei Assisted-Migration-Maßnahmen sollten die genetischen Vielfaltparameter von Ausgangspopulationen und dem verwendeten Vermehrungsgut vor der Einbringung bekannt sein. Das AWG hat im Rahmen des CorCed Projektes, finanziert durch das BMEL, zahlreiche Populationen von Baumhasel und Zeder untersucht und bewertet. Des Weiteren sollten alle Anbauten, die in Deutschland stocken, genetisch charakterisiert und mit den Ausgangspopulationen verglichen werden, bevor sie zur Nutzung als Erntebestand empfohlen werden.

4 Grundlage zur Bewertung der Anbaueignung und Anbauwürdigkeit

4.1 Anbau- und Herkunftsversuche

Herkunftsversuche vergleichen Wuchsleistung, Vitalität und Qualität der Nachkommenschaften von autochthonen Beständen aus dem gesamten Verbreitungsgebiet einer Baumart. Sie ermöglichen Rückschlüsse über Unterschiede innerhalb einer Art hinsichtlich Genetik und Phänotyp sowie bezüglich ihrer klimatischen Anpassungsfähigkeit beim Anbau auf den jeweiligen Versuchsstandorten. Derzeit sind am AWG etwa 50 ha Anbau- und Herkunftsversuche unter anderem von Fichte, Douglasie, Tannenarten, Rotbuche, Roteiche, Schwarzkiefer und Slawonischer Stieleiche vorhanden. Wissen über die Eignung heimischer Baumarten sowie Alternativbaumarten und ihrer Herkünfte unter sich ändernden Klimabedingungen ist derzeit jedoch nicht in ausreichendem Umfang vorhanden, da die älteren Versuchsserien noch unter den früheren, weitgehend konstant bleibenden Klimabedingungen begründet wurden. In den letzten Jahren wurden erste Versuchsserien mit Atlas- und Libanonzeder und Baumhasel etabliert, die als Grundlage zur Bewertung der Anbaueignung und Erarbeitung von Herkunftsempfehlungen dienen sollen. In der Vergangenheit fanden beispielsweise die Ergebnisse der Herkunftsversuche mit unterschiedlichen Provenienzen von Douglasie Eingang in die Herkunftsempfehlungen (RUETZ 1981, 1984) Diese Versuchsanlagen führten zur Unterscheidung von grünen, grauen und blauen Varietäten und zur Verwendung von Saatgut aus besonders für Bayern geeigneten Samenzonen in den US-Bundesstaaten Washington und Nord-Oregon. Aufgrund des umfangreichen Versuchsprogramms konnten Herkünfte der grünen Douglasie aus dem Raum Darrington nach Wüchsigkeit und Widerstandsfähigkeit gegenüber Rostpilzen als besonders gut für Süddeutschland geeignet identifiziert werden. Aufgrund der Klimaerwärmung ist eine Ergänzung dieser Versuchsserien mit südlicher gelegenen Herkünften aus Südoregon und Kalifornien erforderlich, damit Aussagen über die Entwicklung von Herkünften aus trocken-wärmeren Regionen getroffen werden können.

Ein gutes Beispiel für die Umsetzung von Versuchsergebnissen in die Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen ist die im Klimawandel an Bedeutung gewinnende Baumart Schwarzkiefer. Der Herkunftsversuch von 2008 zeigte deutliche Unterschiede in der Wuchsleistung der fünf verschiedenen Unterarten (SCHIRMER 2023). In der Zukunft sollen vor allem Versuchsanbauten von Baumarten angelegt werden, die im Klimawandel im Fokus stehen.

Als heimische Baumarten stehen für die Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Erhaltung forstlicher Genressourcen“ (BLAG-FGR) Hainbuche, Winterlinde, Spitzahorn und Elsbeere im Zentrum des Interesses. Als Forschungsschwerpunkte im Bereich Alternativbaumarten werden Flaumeiche, Nordmann-Tanne, Orientbuche, Atlaszeder sowie Baumhasel aufgeführt (LIESEBACH et al. 2021; Tabelle 1). Da die heimischen Eichenarten ein Gewinner des Klimawandels sein werden, wird sich das AWG bei einem europaweiten Herkunftsversuch mit Traubeneiche beteiligen. Die Ergebnisse dieser wissenschaftlich aufgebauten Versuchsserien sollen zeitnah durch Beobachtungen und Erfahrungen aus der forstlichen Praxis im Rahmen der sog. Praxisanbauversuche (PAV) ergänzt werden.

Tabelle 1: Liste der von der BLAG-FGR als zukunftsfähig erachteten Baumarten (LIESEBACH et al. 2021).

Baumart	Ersatzpotenzial	Ergänzungspotenzial	Priorität	Empfehlung
Kategorie a „Seltene heimische Baumarten“				
Hainbuche	Rotbuche	Traubeneiche	1	unmittelbar berücksichtigen
Elsbeere		Traubeneiche	1	mittelbar berücksichtigen
Winterlinde	Traubeneiche, Stieleiche, Gewöhnliche Esche	Rotbuche	2	unmittelbar berücksichtigen
Spitzahorn	Rotbuche	Traubeneiche	2	unmittelbar berücksichtigen
Flaumeiche	Traubeneiche	Traubeneiche	2	unmittelbar berücksichtigen
Kategorie b „Europa-heimische Baumarten“				
Nordmannstanne	Gewöhnliche Fichte, Wadkiefer, Weißtanne	Weißtanne	1	unmittelbar berücksichtigen
Orientbuche	Rotbuche	Traubeneiche	1	unmittelbar berücksichtigen
Baumhasel		Rotbuche, Traubeneiche	1	mittelbar berücksichtigen
Kategorie c „Außereuropäische Baumarten“				
Atlaszeder	Gewöhnliche Fichte, Waldkiefer		1	unmittelbar berücksichtigen

4.2 Forstgenetische Forschung

Genkarten für Übersicht der genetischen Muster und Unterschiede zwischen Populationen

Die genetische Struktur einer Baumart über ihr Verbreitungsgebiet wird über genetische Marker erfasst. Dabei können regionale Muster auftreten und geben Aufschluss über die Rückwanderung der Baumart nach der letzten Eiszeit. Die auftretenden Muster resultieren aber auch aus der Art der Pollen- und Samenausbreitung und aus menschlichen Aktivitäten. Durch Saatgutverbringung über weite Distanzen können der regionale Genpool und die Genzentren einer Art langfristig verändert werden. Hier sind besonders seltene Baumarten zu nennen, die oft nicht im FoVG geregelt sind. So können beispielsweise bei der Elsbeere die von den Baumschulen angebotenen Pflanzen von einzelnen Parkbäumen stammen. Dies kann Auswirkungen auf die regionale genetische Struktur sowie Anpassungsfähigkeit der Populationen und auf die künftige Qualität der Bestände haben. Daher wurden für seltene Baumarten auf der Grundlage von genetischen Ergebnissen Herkunftsempfehlungen abgeleitet (z. B. für Flatterulme: KAVALIAUSKAS et al. 2022; ŠEHO et al. 2021, Elsbeere: KAVALIAUSKAS et al. 2021; BAIER et al. 2017, Feldahorn: FUSSI et al. 2021 und Eibe: ŠEHO et al. 2022; RAU et al. 2022). Diese basieren auf neutralen Markern, die eine hohe Variabilität besitzen und damit Unterschiede zwischen Populationen aufzeigen können.

Für die Beprobung werden systematisch je nach Vorkommen der Baumart im Untersuchungsgebiet Bestände ausgewählt. Der Fokus sollte auf möglichen Saatguterntebeständen oder Generhaltungsbeständen liegen. Um

jedoch ein möglichst umfassendes Bild der genetischen Zusammensetzung einer Baumart im Untersuchungsgebiet zu erhalten, sind auch für die Beerntung weniger geeignete Bestände miteinzubeziehen. Die damit erstellten genetischen Landkarten lassen sich für die Ausweisung von Herkunftsgebieten nach genetischen Ähnlichkeiten gut verwenden. So wurden z. B. in Bayern für die Flatterulme zwei Herkunftsgebiete abgegrenzt, wobei die zwei Genpools den Hauptflusssystemen Main und Donau folgen. Für die Elsbeere wurden in Süd-Deutschland vier Herkunftsgebiete festgelegt. Für den Feldahorn konnten keine räumlich genetischen Strukturen in Bayern gefunden werden und es wurde daher nur ein Herkunftsgebiet für Bayern definiert.

Verteilung der genetischen Vielfalt in den Beständen, Genetische Ausstattung von Saatguternte- und Erhaltungsbeständen

Viele seltene Baumarten besetzen heute Nischen auf Sonderstandorten und weisen eine vergleichsweise hohe Toleranz gegenüber Trockenheit auf. Daher werden diese in der forstlichen Beratung vermehrt für den Waldumbau empfohlen. Damit die Qualität des eingebrachten Vermehrungsgutes hoch ist, ist es notwendig, die genetische Vielfalt der Erntebestände zu kennen. Eine erste Einschätzung dazu liefern neutrale Marker, die, auch wenn sie keine direkte Funktion für die Anpassung haben, über Evolutionsprozesse in einer Population Aussagen zulassen. Populationen, die in der Vergangenheit etwa einem Flaschenhals oder starken Selektionsprozessen ausgesetzt waren, haben eine geringere Vielfalt als andere Bestände, die in ihrer Vergangenheit keiner starken Reduktion der Individuenzahl ausgesetzt waren. Auch eine starke Isolierung eines Bestandes von anderen Individuen derselben Art kann zu einer eingeschränkten genetischen Vielfalt führen.

Gerade im zunehmenden Klimawandel ist eine hohe genetische Vielfalt und damit hohe Anpassungsfähigkeit von Beständen und forstlichem Vermehrungsgut entscheidend, um für neue Herausforderungen gerüstet zu sein.

Der erste Schritt ist daher, diese genetische Vielfalt durch die Ausweisung möglichst großer Saatguterntebestände (100 bis 200 Bäume einer Art bei häufigen Baumarten, 80 bis 100 Bäume bei selteneren Baumarten) sicherzustellen. Beispielsweise sollten bei der Douglasie (und anderen windbestäubten Baumarten) mindestens 100 Bäume im Bestand stehen (WOJACKI et al. 2019). Während der Blüte kann es sogar zu einer Erhöhung der genetischen Vielfalt kommen, durch Prozesse während der Zellteilung (*crossing over*) oder durch Genfluss von außerhalb. Diese Vorgänge können sich bei großen Beständen und guter Vernetzung der Populationen noch positiver entfalten. All diese Bemühungen sind umsonst, wenn im Bestand zu kurze Verjüngungszeiträume gewählt werden oder bei der Saatguternte von zu wenigen Bäumen Saatgut geerntet wird.

Anpassung der Bestände an sich ändernde Umweltfaktoren erforschen

Bis heute sind die Standorts- und Umweltbedingungen unter denen zugelassene Erntebestände wachsen in Hinsicht auf klimarelevante bodenphysikalische Parameter meist unbekannt. Die Reaktion von Erntebeständen auf bisherige Klimaextreme ist bisher kaum untersucht worden. In der Forstpraxis werden häufig besondere tolerante Herkünfte diskutiert und nachgefragt.

Diesen Fragen wird derzeit in Forschungsprojekten nachgegangen (SensForClim, SensForBeech). Das Ziel ist es, nach klimatolerantem, heimischem Vermehrungsgut der Baumarten Fichte, Buche und Tanne zu forschen und für die Praxis verfügbar zu machen.

Aktuell geforderte Alternativmaßnahmen, wie „*assisted migration*“, könnten große Risiken bergen. Die Erfahrungen der forstlichen Praxis mit dem großräumigen Transfer sind vielfältiger Natur. Daher ist es unverzichtbar, zunächst zu prüfen, inwieweit lokale Forstgenressourcen heimischer Hauptbaumarten eine besondere Klimatoleranz aufweisen. Diese werden durch eine Kombination von ökologischen Nischenmodellen mit Methoden der Resilienzforschung sowie der Populationsgenetik untersucht, um besonders klimaangepasste Herkünfte zu identifizieren. Entlang des ökologischen Gradienten von feucht-kaltem zu warm-trockenem Klima finden entscheidende demografische und genetische Prozesse statt (FADY et al. 2016). Entlang dieses Gradienten bzw. in Regionen mit bereits deutlichen Absterbeerscheinungen aufgrund des Klimawandels wurden Bestände

ausgewählt, die mithilfe der Dendrochronologie und Genetik untersucht und mittels Boden- und Klimaparametern bewertet wurden.

Besonders adaptive Marker treten für die genetische Analyse der Anpassungsfähigkeit in den Vordergrund. Insbesondere soll erforscht werden, ob bestimmte Genvarianten mit vorherrschenden bzw. zu erwartenden Umweltbedingungen zurechtkommen. Diese könnten in Beständen auf derzeit trockenen Bedingungen bereits vorhanden sein und einen Vorteil gegenüber Bäumen oder Beständen zeigen, die diese Varianten nicht beinhalten. Die Zuwachsmessungen zeigen einen Blick in die Vergangenheit und könnten bei Bäumen mit an Trockenheit angepassten Genvarianten zu vorteilhaften Reaktionen geführt haben. Diese interdisziplinären Zusammenhänge werden in den Blick genommen und die Reaktionsnormen innerhalb der untersuchten heimischen Hauptbaumarten erfasst. Daraus werden Aussagen über die grundsätzliche Eignung von Erntebeständen für die Saatguterzeugung für die untersuchten Bereiche getroffen, sowie Grundlagen für die Neuzulassung von Erntebeständen bereitgestellt. Zum einen können für die Praxis künftig gezielt Verjüngungspflanzen ausgewählter Herkünfte herangezogen werden. Zum anderen bilden die Erkenntnisse daraus eine wertvolle Basis für hierauf aufbauende Forschungsarbeiten mit hoher Relevanz für die Praxis.

Krankheitsanfälligkeit gegenüber Schadorganismen untersuchen

Aktuelle Schädigungen auf Wälder werden nicht nur durch direkte oder indirekte Effekte des Klimawandels hervorgerufen (z. B. Borkenkäfer, Windwurf), sondern auch durch Krankheiten, verursacht von pilzlichen Erregern. Da ein immer größer werdender Anteil der Bäume weltweit als anfällig für Krankheiten und Pathogene gilt ist die Erforschung und das Management biotischer Risiken, vor allem in Zeiten des Klimawandels, äußerst relevant. Die Erforschung von genetischen Grundlagen von Anfälligkeiten gegenüber Schadorganismen ist für den Umgang damit von großer Bedeutung.

Die gemeine Esche wurde in der Vergangenheit als Ersatzbaumart im Zuge des Klimawandels auf basengesättigten Standorten gehandelt. Allerdings schränkt das Auftreten des Eschentriebsterbens (ETS) ihre Verwendung vor allem auf feuchten Standorten derzeit massiv ein. Bei der Esche beispielsweise belegen Studien einen nur geringen Anteil an resistenten Bäumen (um 1% der Individuen; KJÆR et al. 2011; MCKINNEY et al. 2014). In der Literatur wird häufig dokumentiert, dass vital und gesund geglaubte Bäume im folgenden Jahr drastische Symptome des ETS zeigen können. Verlässt man sich allein auf optische Indikatoren, ist eine adäquate Auswahl von geeigneten Plusbäumen erstmal nicht gesichert.

Genetische Resistenzmarker sind bisher nur in geografisch begrenzten Teilen für die Esche in Europa getestet worden. Es hat sich jedoch gezeigt, dass regionale Unterschiede in der Verwendbarkeit dieser Marker eine bedeutende Rolle spielen (ENDERLE et al. 2017). Daher ergibt sich die Notwendigkeit der Weiterentwicklung von genetischen Markern, die derzeit im Projekt FraxGen verfolgt wird.

Daneben könnte sich die Mischerbigkeit von Bäumen auf Individualebene als Vorteil für erhöhte Vitalität erweisen (FUSSI und KONNERT 2014). Auch könnten geschlechterspezifische Unterschiede den Gesundheitszustand der Eschen beeinflussen und sich daher als Resistenzindikator eignen. Zusätzlich zu den Resistenzmarkern könnten auch epigenetische Muster zum Verständnis der Anpassungsfähigkeit und der phänotypischen Plastizität von Bäumen gegenüber einem Stressfaktor beitragen. Die in Versuchen umfassend charakterisierten Einzelbäume können in Selektionsprogrammen genutzt werden, um die Grundlage für resistentes Vermehrungsgut zu schaffen. Hierbei ist die langfristige Überprüfung und Vererbbarkeit der Resistenz in einer Kombination von Feldversuchen und Labormethoden von großer Bedeutung.

Die Beobachtung eines Langzeitversuchs von Klonen und Nachkommenschaften zeigte, dass unter hohem Befallsdruck anfällige Jungeschen schnell selektiert werden (Abb. 2). Das grundlegende Resistenzpotenzial der Esche gegenüber dem Eschentriebsterben kann damit genauer beurteilt werden. Die gewonnenen Erkenntnisse leisten einen wichtigen Beitrag zum Erhalt und zur Nutzung der forstlichen Genressourcen bei der Esche. Durch *Ex-Situ* Erhaltungsmaßnahmen sollten die vitalen Eschen gesichert und als Grundlage für die Versorgung mit

hochwertigem Vermehrungsgut genutzt werden. Die Vorgehensweise bei der Esche kann Modellcharakter im Umgang mit anderen Pathogenen haben, mit denen die Forstwirtschaft künftig konfrontiert sein wird.



Abb. 2: Nachkommen von gesunden und kranken Mutterbäumen auf der Langzeitbeobachtungsfläche in Grabenstätt (Chiemsee). (Foto: H. SEIDEL, AWG).

5 Erhaltung und nachhaltige Nutzung forstlicher Genressourcen

5.1 Aufbau und Pflege von Erntebeständen und Samenplantagen

Die bisherige Strategie der Bayerischen Forstverwaltung war es, den Großteil des benötigten Vermehrungsguts in ausgewählten Saatguterntebeständen zu gewinnen und ergänzend Vermehrungsgut aus Samenplantagen (Abb. 3) einzubringen. Die residenten Populationen waren am Besten an die herrschenden Umweltbedingungen angepasst und das gewonnene Vermehrungsgut sollte in diesen Herkunftsgebieten vorrangig genutzt werden. Im Klimawandel kann diese Strategie nicht zwangsläufig auf allen Standorten weiterverfolgt werden und sollte durch den Aufbau von neuen Erntebeständen und Samenplantagen zur ökonomischen Produktion von Saatgut ergänzt werden.

Es muss angesichts der bereits aufgetretenen Schädflächen und der weitergehenden Klimaerwärmung mit einer verstärkten Nachfrage nach Vermehrungsgut gerechnet werden. Um genügend Forstvermehrungsgut bereitstellen zu können, müssen entsprechende Erntemöglichkeiten vorhanden sein. Die Auswahl und Pflege von neuen Erntebeständen sollte neu diskutiert und gezielt gefördert werden. Angesichts der steigenden Nachfrage nach hochwertigem und herkunftssicherem Vermehrungsgut für den Waldumbau im Klimawandel gewinnen Samenplantagen mit verbesserten Wuchseigenschaften an Bedeutung. Durch die gezielte Zusammenstellung ausgewählter Genotypen zu einer Reproduktionseinheit kann die Erhaltung des wertvollen Genmaterials und die Erzeugung von hochwertigem Saatgut gewährleistet werden. Insbesondere die Pflege und Nutzung vorhandener

und die Anlage weiterer Samenplantagen ist dringend geboten. Die genetische Ausstattung der einzelnen Samenplantagen, die für Anpassungsfähigkeit, Wachstum und Qualität eine entscheidende Rolle spielt, sollte bekannt sein. Daneben sollten eine Überprüfung der Klone und der zugehörigen Ramets vorgenommen werden. Genetische Analysen der bayerischen Samenplantagen wurden in den letzten zwei Jahren intensiviert und können kommendes Jahr größtenteils fertiggestellt werden.

Bei den meisten Hauptbaumarten und Herkünften wie z. B. Eichen, Buchen, Weitanen und Kiefern ist die geringe Anzahl an Samenplantagen (Zweck, Erhaltung und Nutzung) als Risiko zu sehen. Es besteht bereits heute ein sehr hoher Bedarf an hochwertigem und anpassungsfähigem Vermehrungsgut bei Waldumbaumaßnahmen in ganz Europa. Die gewonnenen Erkenntnisse aus Projekten wie FitFORclim und AdaptFORclim sowie die begründeten Klonarchive sollten genutzt werden, und neue Samenplantagen in den ausgewiesenen Zuchtzonen anzulegen.

Bei vielen seltenen Baumarten und Nebenbaumarten (z. B. Elsbeere, Flatterulme, Feldahorn, Hainbuche, Spitzahorn, Edelkastanie) gibt es noch eine unzureichende Anzahl an Saatgutquellen und kaum Samenplantagen. Bei den meisten Alternativbaumarten und Herkünften (z. B. Douglasie, Roteiche, Atlaszeder, Baumhasel und kalabrische Tanne) gibt es bisher keine gesicherte Saatgutversorgung.

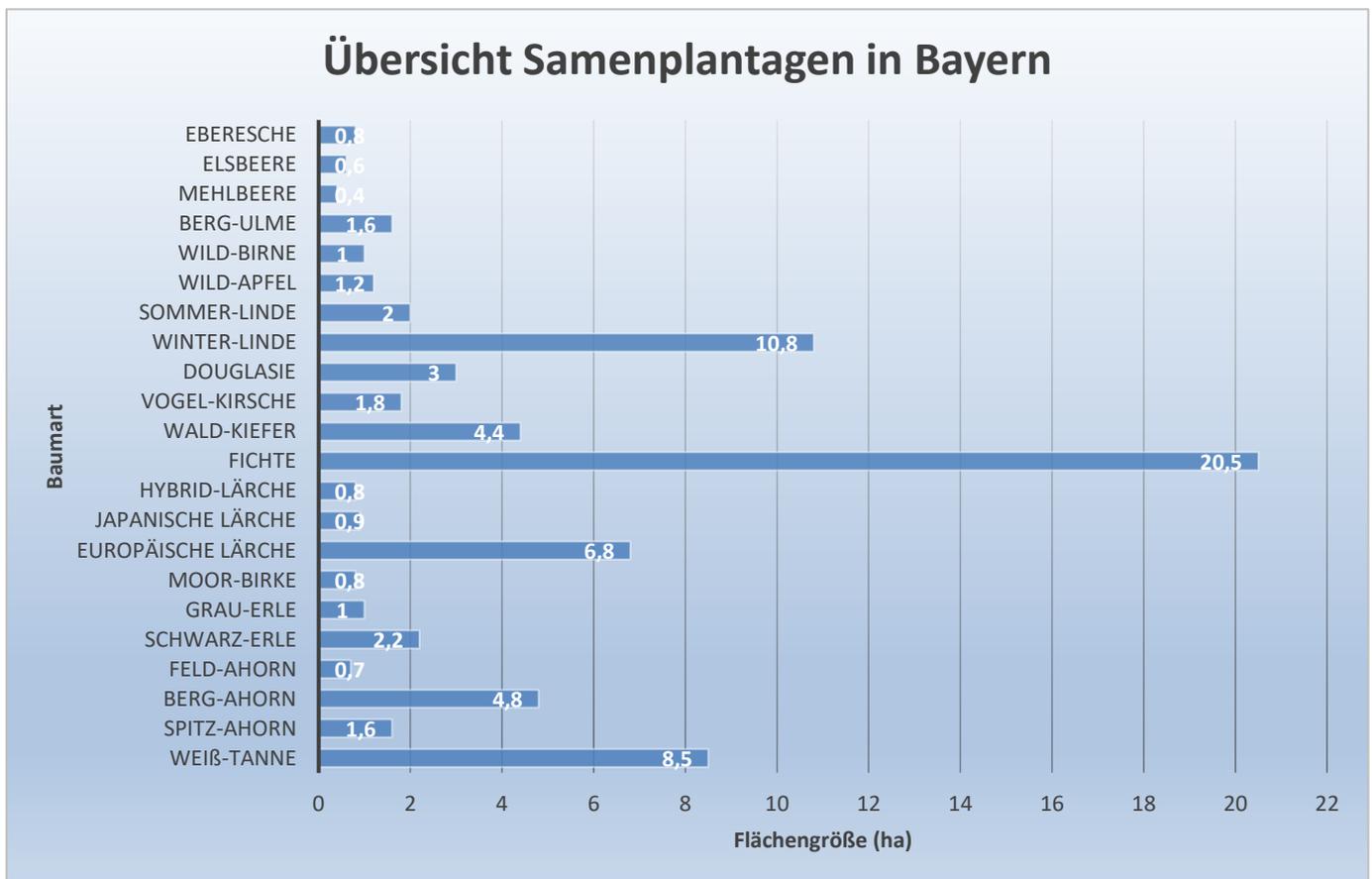


Abb. 3: Aktueller Stand der Samenplantagen in Bayern.

5.2 Planung neue Samenplantagen

Entsprechend der aktuellen Bewertung besteht in Bayern akuter Bedarf (Priorität 1 und 2) an ca. 25 neu anzulegenden Samenplantagen sowie Kopien von Samenplantagen, die alters- oder standortbedingt nicht

fortgeführt werden können. Wird im Durchschnitt pro Samenplantage eine Fläche von 2 ha veranschlagt, beläuft sich der aktuelle Flächenbedarf auf ca. 50 ha. Im Prinzip stehen dabei alle relevanten Baumarten im Fokus, eine hohe Priorität haben Baumarten wie z. B. Eichenarten, Douglasie, Elsbeere, Feldahorn, Spitzahorn, Hainbuche, Edelkastanie, Orientbuche, Baumhasel sowie Atlas- und Libanonzeder. Dabei sollten gezielt trockenheitstolerante Plusbäume identifiziert und verwendet werden, um die Erzeugung von hochwertigem und anpassungsfähigem Vermehrungsgut langfristig sicherzustellen.

5.3 Zugang zu hochwertigem Vermehrungsgut

Im Klimawandel werden mit Zunahme von Extremereignissen (Trockenheit, Sturm, Schädlingsbefall) fehlende Fruktifikation sowie schlechte Ernten erwartet. Umso wichtiger ist es, dass das vorhandene Saatgut auch zwischen den Bundesländern ausgetauscht wird. Die bayerischen Herkunfts- und Verwendungsempfehlungen beinhalten bereits Empfehlungen von geprüften Beständen und Samenplantagen aus anderen Bundesländern. Es sollte eine Plattform entwickelt werden, wo einzelne Bundesländer in drei Stufen (gering-mittel-hoch) ihr Saatgutaufkommen melden können. Bereits heute gibt es Interesse aus Nordeutschland, hochwertiges Saatgut aus bayerischen Samenplantagen anzukaufen.

In Bayern erfolgt die Beerntung der Samenplantagen durch staatliche und private Erntefirmen mit dem Ziel einer vollständigen Beerntung. Falls dieses Saatgut in Bayern nicht genutzt wird, sollte es aus Sicht des AWG auch in andere Bundesländer verkauft werden. Ein weiteres Beispiel sind die seltenen Baumarten wie Elsbeere, Feldahorn und Flatterulme. Bei diesen Baumarten wurden bis zu 15 Saatguterntebestände im bayerischen Erntezulassungsregister aufgenommen. Die Bestände zeichnen sich durch gute Qualität, eine hohe Anzahl an Individuen und mittlere bis hohe genetische Vielfaltsparameter aus. Bei einer entsprechenden Anfrage an den Waldbesitzenden kann das wertvolle Saatgut auch von weiteren Bundesländern genutzt werden.

5.4 Erhaltung forstlicher Genressourcen

Die Erhaltung forstlicher Genressourcen erfolgt im Rahmen des Konzepts zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in Bayern (ASP 2015) und verfolgt einen überregionalen Ansatz, um sicherzustellen, dass die bayerischen Wälder auch in 100 Jahren ihre Erbanlagen an die Folgegenerationen weitergeben können. Dabei sollten die Evolutionsprozesse weiter ermöglicht werden. Das vorliegende Konzept fasst die Maßnahmen zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in Bayern zusammen und bildet gleichzeitig die Grundlage für ihre Umsetzung, um die vielfältigen Funktionen unserer Wälder auch für zukünftige Generationen zu sichern. Die klimawandelbedingten Umweltveränderungen vollziehen sich so schnell, dass es zum Absterben von Waldpopulationen kommen kann, weil eine Anpassung aus eigener Kraft nicht mehr möglich ist. Aus diesem Grund ist es wichtiger denn je, die Erhaltung forstlicher Genressourcen sowie die Förderung der Biodiversität zu intensivieren. Die genetische Vielfalt der Erbanlagen ist die erste und wichtigste Ebene der Biodiversität und Grundlage der Anpassungsfähigkeit von Waldbaumpopulationen. Sie ist entscheidend für die Stabilität und Produktivität von heimischen Wäldern. Das oberste Ziel ist die Erhaltung der genetischen Information einer Baumart am Ort ihres Vorkommens über möglichst viele Waldgenerationen hinweg. Gerade bei kleineren Herkunftsgebieten und generell bei selteneren Baumarten muss die Erhaltung der örtlichen forstlichen Genressourcen beachtet werden. Die Bewertung der Erhaltungswürdigkeit und Erhaltungsdringlichkeit stellt den ersten Schritt bei der Ausweisung von Erhaltungsbeständen dar.

Das AWG bestimmt und bewertet für jeden Generhaltungsaspiranten mittels Genmarkern die genetische Struktur dieser Baumart. Aus genetischer Sicht sollen Vorkommen mit vergleichsweise hoher genetischer Vielfalt aber auch solche mit seltenen Genvarianten vorrangig als Generhaltungsobjekte festgelegt werden. Besonderer Fokus wird seit 2020 auf die Hauptbaumarten Buche, Tanne, Stieleiche und Bergahorn, die Nebenbaumarten Sommerlinde, Spitzahorn und Hainbuche sowie die seltenen Baumarten Elsbeere, Flatterulme, Feldahorn (Abb. 4), Speierling und Eibe gelegt. Daneben wird in Projekten forstgenetische Forschung zu den Baumarten Esche, Traubeneiche und Bergkiefer durchgeführt. Die Ergebnisse werden als Grundlage zur Erhaltung ökologisch wertvoller Reliktorkommen und teilweise stark gefährdeter Populationen verwendet.

Es ist dringend erforderlich, weitere Erhaltungssamenplantagen anzulegen, um Saatgut von wertvollen autochthonen wie nicht autochthonen, aber seltenen Waldbaumpopulationen (z. B. Speierling, Silberpappel, Mehlspeierling und Eibe) oder Einzelbäumen zu gewinnen, die vom Aussterben, von ausschließlicher Selbstbestäubung oder von unerwünschter Fremdbestäubung bedroht sind, oder die wegen standortsbedingter schlechter Fruktifikation nur äußerst selten beerntet werden können.



Abb. 4: Feldahorn im Gemeindewald Schonungen (Foto: M. ŠEHO, AWG).

5.5 Herkunftssicherheit

Die Herkunftskontrolle ist ein wichtiges Instrument, um die Waldbesitzenden mit hochwertigem und herkunftssicherem Vermehrungsgut zu versorgen. Entscheidend für den Anbauerfolg bei allen Baumarten ist die Wahl der geeigneten Herkunft und die Versorgung mit hochwertigem und herkunftssicherem Vermehrungsgut. Der Zugang zu Saatgut, das diese Voraussetzungen erfüllt, muss für alle Waldbesitzarten möglich sein. Saat- und Pflanzgut von Baumarten, die dem FoVG unterliegen, dürfen nur gehandelt werden, wenn diese den Vorschriften entsprechend geerntet und vertrieben wurden. Diese Vorschriften werden in Bayern von der Landesstelle, die am AWG angesiedelt ist, kontrolliert.

Um die Herkunftssicherheit zu erhöhen, wird zudem empfohlen, Vermehrungsgut zu verwenden, dessen Herkunft genetisch überprüfbar ist. Die genetischen Analysen können dabei verwendet werden, um nachzuweisen, ob das Vermehrungsgut aus den angegebenen Beständen oder Samenplantagen stammt. Dabei werden Chloroplasten- und Kernmikrosatellitenmarker verwendet. Am Beispiel der Weißtanne zeigten ŠEHO et al. (2022), wie die Herkunftskontrolle mittels genetischer Marker bei einer rumänischen Samenplantage funktioniert. Bei der Schwarzkiefer erfolgt in Zusammenarbeit mit französischen Kollegen eine taxonomische Zuordnung von Beständen und Samenplantagen einer Unterart auf genetischer Grundlage. Des Weiteren werden zur Überprüfung der Identität von ausgewählten Vorkommen (z. B. Baumhaselvorkommen bei Würzburg) Referenzproben aus dem natürlichen Verbreitungsgebiet verwendet. In einem ersten Schritt wird eine Zuordnung der zu untersuchenden Population zu vorhandenen genetischen Klustern im natürlichen Verbreitungsgebiet vorgenommen. Die Ermittlung und der Vergleich der genetischen Vielfaltsparameter mit Populationen aus dem natürlichen Verbreitungsgebiet (z. B. Baumhasel und Libanonzeder) erlaubt eine erste Bewertung des Vorkommens als mögliche Saatgutquelle. Bei den Baumarten, die nicht dem FoVG unterliegen, wie Elsbeere, Feldahorn, Flatterulme, Eibe und Speierling sollte analog verfahren werden und es sollten nur Erntebestände empfohlen werden, die eine mittlere oder hohe genetische Vielfalt aufweisen. Im bayerischen Erntezulassungsregister sind Bestände gelistet, die phänotypisch und genetisch bewertet wurden. Die gewonnenen genetischen Daten können für die Herkunftssicherung verwendet werden. Da bei diesen Baumarten die gesetzliche Grundlage fehlt, sollte möglichst zertifiziertes Saat- und Pflanzgut verwendet werden. Die beiden zur Zeit relevanten Zertifizierungssystemen, ZüF und FfV, bieten genetische Überprüfungen bei heimischen Haupt- und Nebenbaumarten sowie den seltenen heimischen Baumarten Elsbeere, Flatterulme und Feldahorn zur Herkunftssicherung an und sind zudem nach PEFC und FSC notwendige Voraussetzung, solange herkunftsgesichertes Material auf dem Markt verfügbar ist.



Abb. 5: Zapfenpflücker in der Krone einer Atlaszeder in Frankreich. (Foto: R. JENNER, AWG).

Zur Förderung der herkunftssicheren Saatgutversorgung von Alternativbaumarten und Herkünften in Bayern hat das AWG seit 2021 die Bemühungen intensiviert. So konnten neben zahlreichen vorbereitenden Arbeiten ein Probelauf einer ZÜF-Ernte bei der Atlaszeder in Frankreich (Abb. 5) sowie eine betreute Ernte bei der Libanonzeder in der Türkei vorgenommen werden. Das Saatgut wird anschließend an die privaten und staatlichen Baumschulen vermittelt. Genaues Vorgehen wird in GEIGER et al. (2022) beschrieben.

Referenzen

- BAIER R, FUSSI B, KAVALIAUSKAS D, GRUBER K, GÜNZELMANN G, PAULUS A, LANG E, LUCKAS M, WIENERS M, SCHMID R, KONNERT M (2017): Die Elsbeere – Generhaltung und Herkunftsfragen. *AFZ/Der Wald* (20): 14 – 18.
- ASP [Bayerisches Amt für forstliche Saat und Pflanzenzucht] (2015): Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in Bayern. Kurzversion S. 23.
- BAYERISCHES STAATSMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG LANDWIRTSCHAFT UND FORSTEN (2020): Baumartenwahl für den Klimawald. Leitlinien der Bayerischen Forstverwaltung. 16 S.
- BAYERISCHES STAATSMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG LANDWIRTSCHAFT UND FORSTEN (Hrsg.) (2023): Verwendungsempfehlungen für forstliches Vermehrungsgut in Bayern. 237 S.
- ENDERLE R, DOUNAVI A, KAROPKA M, KLEINSCHMIT J, METZLER B (2017): Untersuchungen zu genetischen Grundlagen der Resistenz gegenüber dem Eschentriebsterben in Südwestdeutschland. In: Workshop "Strategien zur Erhaltung forstlicher Genressourcen bei Esche angesichts des Eschentriebsterbens" Teisendorf.
- FADY B, ARAVANOPOULOS FA, ALIZOTI P, MÁTYÁS C, VON WÜHLISCH G et al. (2016): Evolution-based approach needed for the conservation and silviculture of peripheral forest tree populations. *Forest Ecology and Management* 375: 66-75.
- FISCHER HS, MICHLER B, FISCHER A (2018): Die zukünftige pnV Bayerns: Wie man sich Vorstellungen über die Standortsituation der Zukunft erarbeiten kann. *LWFaktuell* 119 (4): 46-49.
- FUSSI B, KONNERT M (2014): Genetic analysis of European common ash (*Fraxinus excelsior* L.) populations affected by ash dieback. *Silvae Genetica* 63: 198-212.
- FUSSI B, RAU B, KAVALIAUSKAS D, ŠEHO M (2021): Verbesserung der Erntebasis beim Feldahorn. *AFZ/Der Wald* (8): 18–21.
- GEIGER J, JENNER R, ŠEHO M (2022): Saatgut alternativer Baumarten für Bayern. *LWF aktuell* (3): 8-10.
- HAMBERGER J, ŠEHO M, WIMMER N (2021): Erste Blicke auf den Zukunftswald, Bayer. *Landw. Wochenblatt* (44): 58-59.
- JANŔEN A, ŠEHO M, SCHIRMER R, TRETTER S, PRATSCH S (2019): Praxisanbauversuche: Bewertung alternativer Baumarten in Bayern. *AFZ/Der Wald* 74 (5): 24-27.
- KAVALIAUSKAS D, FUSSI B, RAU B, ŠEHO M (2022): Assessing genetic diversity of European white elm (*Ulmus laevis* Pallas) in Bavaria as an indicator for in-situ conservation and sustainable use of the species genetic resources. *European Journal for Forest Research*, <https://doi.org/10.1007/s10342-022-01509-w>
- KAVALIAUSKAS D, ŠEHO M, BAIER R, FUSSI B (2021): Genetic variability to assist in the delineation of provenance regions and selection of seed stands and gene conservation units of wild service tree (*Sorbus torminalis* (L.) Crantz) in southern Germany. *European Journal of Forest Research*, <https://doi.org/10.1007/s10342-020-01352-x>
- KJÆR ED, MCKINNEY LV, NIELSEN LR, HANSEN LN, HANSEN JK (2011): Adaptive potential of ash (*Fraxinus excelsior*) populations against the novel emerging pathogen *Hymenoscyphus pseudoalbidus*. *Evolutionary Applications* 5: 219–228.
- KONNERT M, HUSSENDÖRFER E (2004): Genetische Variation der Weißtanne in Bayern. *LWF-Wissen* 45: 30-32.
- LIESEBACH M, WOLF H, BEEZ J, DEGEN B, ERLEY M, HAVERKAMP M, JANŔEN A, KÄTZEL R, KAHLERT K, KLEINSCHMIT J, PAUL M, VOTH W (2021): Identifizierung von für Deutschland relevanten Baumarten im Klimawandel und länderübergreifendes Konzept zur Anlage von Vergleichsanbauten - Empfehlungen der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ zu den Arbeitsaufträgen der Waldbaureferenten. *Thünen Working Paper* 172.
- MCKINNEY LV, NIELSEN LR, COLLINGE DB, THOMSEN IM, HANSEN JK, KJÆR ED (2014): The ash dieback crisis: genetic variation in resistance can prove a long-term solution. *Plant Pathology*, 63 (3): 485-499.
- MELLERT K-H, JANŔEN A, ŠEHO, M. (2021a): Anpassung an Klima und Boden bestimmt die Eignung von Herkünften. *LWF aktuell* (4): 43 – 45.

- MELLERT K-H, JANBEN A, ŠEHO M (2021b): Wo finden wir Alternativherkünfte der Buche für den Klimawandel? AFZ-DerWald (24): 16 – 20.
- RAU B, KAVALIAUSKAS D, FUSSI B, ŠEHO M (2021): Erhaltung der Eibe in Bayern. AFZ DerWald 12/2021, 19-22.
- RUETZ WF (1981): Douglasien-Herkunftsempfehlungen - ein Vorschlag für Bayern. AFZ 41: 1074-1077.
- RUETZ W, FOERST K (1984): Grundsätze für den Anbau der Douglasie in Bayern. Herausgegeben vom Bayer. Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten, 1-11 und Anhang.
- SCHIRMER R, TUBES M, ŠEHO M, HUBER G (2023): Entwicklung des süddeutschen Schwarzkiefern-Herkunftsversuchs nach 12 Jahren. Thünen Rep 105: 193-203.
- ŠEHO M, FUSSI B, RAU B, KAVALIAUSKAS D (2022): Conservation and Sustainable Use of Forest Genetic Resources of English Yew (*Taxus baccata* L.) in Bavaria. *SilvaWorld* 1 (1): 52 – 67. <https://doi.org/10.29329/silva.2022.462.06>
- ŠEHO M, FUSSI B, KAVALIAUSKAS D, TEODOSIU M, JANBEN A (2022): Herkunftskontrolle mittels genetischer Marker am Beispiel Weißtanne. AFZ-DerWald (4): 24-26.
- ŠEHO M, JANBEN A (2019): Alternativbaumarten im Klimawandel. LWF aktuell 123: 19–22.
- ŠEHO M, JANBEN A (2019): Neue Schwerpunkte und Herausforderungen im Klimawandel. AFZ/Der Wald 74 (5): 20-23.
- ŠEHO M, SOMMER C, KOHNLE U (2022): Der internationale Buchenherkunftsversuch von 1996/1998: Wachstums- und qualitätsrelevante Merkmale unter unterschiedlichen Standorts- und Klimabedingungen in Süddeutschland. AFJZ 191 (11/12): 243-261.
- ŠEHO M, CREMER E, RAU B, KAVALIAUSKAS D, FUSSI B (2021): Flatterulme – Herkunftsempfehlungen und Verbesserung der Erntebasis. AFZ/DerWald 4: 30-35.
- WOJACKI J, EUSEMANN P, AHNERT D, PAKULL B, LIESEBACH H (2019): Genetic diversity in seeds produced in artificial Douglas-fir (*Pseudotsuga menziesii*) stands of different size. *For Ecol Manage* 438: 18–24.

Autorin und Autoren

MUHIDIN ŠEHO, BARBARA FUSSI, RANDOLF SCHIRMER, JOACHIM HAMBERGER, ALWIN JANBEN
Bayerische Amt für Waldgenetik (AWG); Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf
Kontakt: muhidin.seho@awg.bayern.de

Forstgenetik trifft Forstpraxis: Erfahrungen und Ausblick aus „20 Jahre ZüF“

EVA CREMER, MONIKA KONNERT, ANDREAS LUDWIG, GERHARD WEZEL

Zusammenfassung

Vor 20 Jahren startete das erste Zertifizierungssystem für die Verbesserung der Herkunftssicherheit von forstlichem Vermehrungsgut in Deutschland, heute allgemein als „ZüF“ bekannt. In engem Zusammenspiel von Forstverwaltungen, Baumschulbranche und Wissenschaft wurde ein auf Rückstellproben, genetischen Vergleichen und Datenbank-Dokumentation basierendes Kontrollsystem etabliert, um die gesetzlichen Regelungen für forstliche Herkunftssicherheit zu ergänzen. Angefangen mit Isoenzymanalysen werden die genetischen Untersuchungen an Samen und Pflanzen heute auf DNA-Basis durchgeführt. Auch die internetbasierte Datenbank wird stetig optimiert. Vor dem Hintergrund des wachsenden Bedarfs an Forstpflanzen für einen klimagerechten Waldumbau leistet das ZüF-System mit der Bereitstellung von Vermehrungsgut überprüfbarer Herkunft auch in Zukunft einen wichtigen Beitrag. Daher wurden in den letzten Jahren die Baumartenpalette über die FoVG-Baumarten hinaus stetig erweitert und erste ZüF-Ernten im Ausland durchgeführt.

Abstract

Forest genetics meets forest practice: Experiences and outlook from "20 years of ZüF"

The first certification system for the improvement of provenance security for forest reproductive material in Germany started twenty years ago, today known as "ZüF". In close cooperation of forest administrations, forest nurseries and forest science a control system has been established that is based on reference samples, genetic comparisons and database-documentation. With it, the legal regulations for forest provenance security are added. For genetic analyses DNA-based method are used today and an internet database has been established that is continuously optimized. In providing forest plants with verifiable provenance identity, the ZüF-system essentially contributes to a climate-adapted forest silviculture. For this, the list of tree species that can be certified has been enlarged within the last years and also first ZüF-harvests have been carried out abroad.

1 Die Anfänge des Zertifizierungsverfahrens ZüF

Im Februar 2002 wurde bei Ulm (Baden-Württemberg) das erste Zertifizierungssystem für forstliches Vermehrungsgut in Deutschland gegründet. Der Zertifizierungsring für überprüfbare Forstliche Herkunft Süddeutschland e.V. (ZüF) hat sich die deutliche Verbesserung der Herkunftssicherheit bei Forstsaamen und Forstpflanzen zum Ziel gesetzt. Von Beginn an war man sich einig, dass ein solches Zertifizierungsverfahren die rechtlichen Regelungen nach FoVG bei der Ernte, der Anzucht und dem Vertrieb grundsätzlich nicht berührt (HUSSENDÖRFER 2002), sondern durch privatrechtliche Regelungen ergänzt.

Vorausgegangen war eine vier Jahre dauernde Entwicklungsarbeit, bei der die süddeutschen Baumschulen mit den Landesforstverwaltungen in Bayern und Baden-Württemberg inkl. deren forstlicher Forschungseinrichtungen eng zusammengearbeitet haben. Dabei wurden v.a. die genetischen Analysen zur sicheren Anwendung als Instrument für das Zertifizierungsverfahren mit Referenzproben getestet und auf Praktikabilität überprüft (KONNERT und HUSSENDÖRFER 2001, 2002).

2 Überprüfbare forstliche Herkünfte

Bei der künstlichen Waldverjüngung ist die Wahl der passenden Herkunft ausschlaggebend für die Stabilität und Produktivität des zukünftigen Bestandes. Bei Pflanzen, die mit einem ZüF-Zertifikat ausgeliefert werden, ist deren Abstammung von einem bestimmten Erntebestand, d. h. ihre Herkunft überprüfbar während des gesamten Produktionsprozesses bis zur Auslieferung an den Waldbesitzer. Dazu werden bei der Ernte genau gekennzeichnete Referenzproben zurückgelegt, die nach festgelegten Regeln gezogen wurden. Bei der Auslieferung der Pflanzen kann der Abnehmer auch eine Referenzprobe, diesmal eine Pflanzenprobe, ziehen. Der genetische Vergleich zwischen dieser Pflanzenprobe und zurückgelegter Saatgutprobe, aus der sie laut Begleitpapieren stammen sollte, kann Aufschluss geben, ob dies tatsächlich so ist. Eine genaue, lückenlose und zeitnahe Dokumentation aller Bewegungen von Saat- und Pflanzgut jeder ZüF-Partie in der online-Datenbank ist das zweite entscheidende Instrument bei der ZüF-Zertifizierung (Abb. 1).



Abb. 1: Ablaufschema bzgl. Referenzproben im Zertifizierungssystem ZüF.

3 Forstgenetische Methoden als Instrument bei der Herkunftssicherung

Angefangen mit Isoenzymanalysen werden die genetischen Untersuchungen an den Forstsamen und Pflanzen heute auf DNA-Basis mittels PCR-basierter Methoden (Kern-Mikrosatelliten) durchgeführt. ZüF hat dabei stark von der rasanten Entwicklung der letzten Jahre in der forstgenetischen Methodik profitiert.

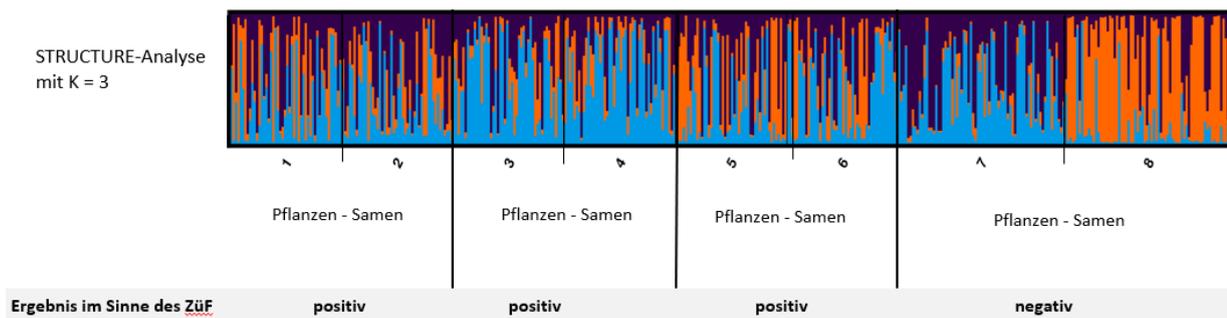


Abb. 2: Ergebnisse einer Bayesischen Clusteranalyse (STRUCTURE) für vier ZüF-Vergleichsuntersuchungen „Pflanzen und Samen“ der Baumart Douglasie auf Basis eines genetischen Datensatz mit 9 SSR-Orten (oben) inkl. Ergebnisschlussfolgerung im Sinne des ZüF (unten), bei der noch weitere genetische Werte einbezogen wurden.

Bisher wurden über 45.000 Einzelproben genetisch für eine Identitätsprüfung im ZüF-Verfahren analysiert; dies entspricht mehr als 350 Partievergleichen „Samen – Pflanzen“. In Abbildung 2 sind beispielhaft die Ergebnisse für vier genetische Vergleichsanalysen der Baumart Douglasie aus der Serie 2022 dargestellt.

4 Entwicklung und Ausblick

Die Entwicklung und Erfolgsgeschichte von ZüF lassen sich z. B. an der stetig steigenden Nachfrage Produktion von ZüF-Pflanzen erkennen. So sind momentan über 250 Mio. „im ZüF-Verfahren produzierte Pflanzen“ in der ZüF-Datenbank dokumentiert. Und die Tendenz zeigt nach oben, wenn man die letzten Jahre betrachtet (Abb. 3).

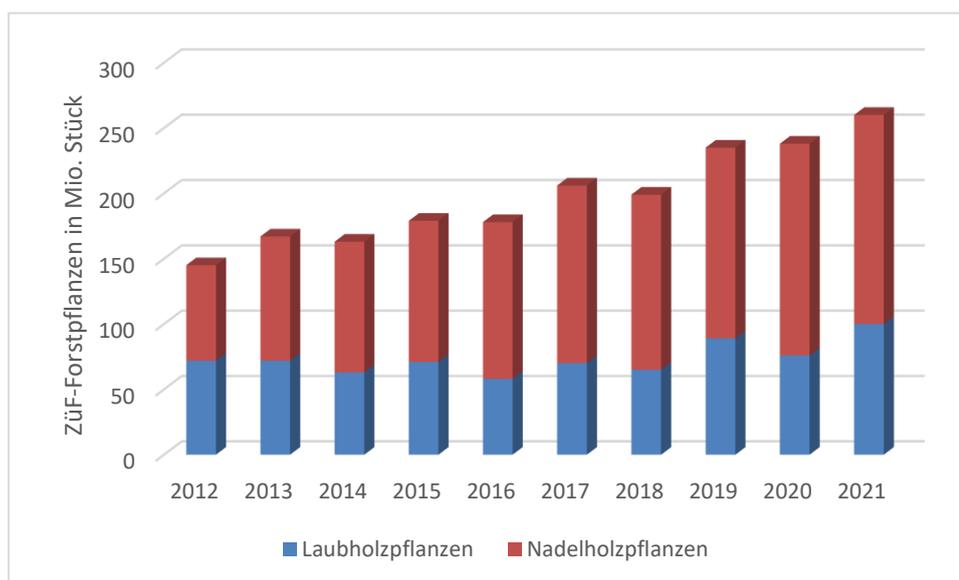


Abb. 3: Im ZüF-Verfahren jährlich dokumentierte Pflanzenzahlen der letzten 10 Jahre (alle Alterstufen)

Nachdem der Pflanzung als Instrument zur Walderneuerung in den letzten Jahren in vielen Bundesländern nur noch geringe Bedeutung beigemessen wurde, werden die Folgen des Klimawandels die künstliche Waldverjüngung wieder mehr in den Vordergrund stellen und damit die Nachfrage nach Saat- und Pflanzgut steigen (WEZEL 2020). Vor dem Hintergrund des wachsenden Bedarfs an Forstpflanzen für einen klimagerechten Waldumbau liefert das ZüF-System mit der Bereitstellung von Vermehrungsgut überprüfbarer Herkunft auch in Zukunft einen wichtigen Beitrag. Daher wurden in den letzten Jahren die Baumartenpalette über die FoVG-Baumarten hinaus stetig erweitert mit Arten, die im Klimawandel interessant sein dürften (z. B. Elsbeere, Flatterulme) sowie erste ZüF-Ernten im Ausland durchgeführt (z. B. in Frankreich und in Ungarn). Im Zusammenhang mit ZüF-Auslandsernten sind häufig logistische und organisatorische Aspekte zu beachten und im Vorfeld zu klären, z.B. Kontrollvorschriften zum FoVG im jeweiligen Land und sprachliche Angleichungen. In einem ZüF-Probelauf befinden sich derzeit die Baumarten Atlaszeder und Flaumeiche.

Der Forstpraxis, d. h. dem Waldbesitzer, ist vor dem aktuellen Hintergrund zu empfehlen, zertifizierte Forstpflanzen mit höchstmöglichen Standards bzgl. Herkunftssicherheit zu bestellen (KNICKREHM et al. 2022). Den endgültigen Nutzen aus einer verbesserten Herkunftssicherheit bei forstlichem Vermehrungsgut hat der Waldbesitzer, oder im übertragenen Sinne, der Wald.

Referenzen

HUSSENDÖRFER E (2002): Forum-Genetik-Wald-Forstwirtschaft. AFZ-DerWald (5): 216-220.

KNICKREHM U, PAUL A, ZIEGLER M, SCHAEFER C, HEWICKER, H-A (2022): Herkunftsgerechte Pflanzen sind nicht ausreichend verfügbar. AFZ-DerWald (14): 16-19.

KONNERT M, HUSSENDÖRFER E (2001): Auf dem Weg zu mehr Herkunftssicherheit bei forstlichem Vermehrungsgut. AFZ-DerWald (5): 22.

KONNERT M, HUSSENDÖRFER E (2002): Herkunftssicherung bei forstlichem Vermehrungsgut durch Referenzproben. AFJZ (6): 97-104.

WEZEL G (2020): Forstliches Vermehrungsgut im Klimawandel. Holz-Zentralblatt (48): 890-891.

Autorinnen und Autoren

EVA CREMER, MONIKA KONNERT, ANDREAS LUDWIG, GERHARD WEZEL

Zertifizierungsring für überprüfbare Forstliche Herkunft Süddeutschland e.V. (ZüF), Geschäftsstelle,
Aspachstr. 8a, 89290 Buch

Kontakt: eva.cremer@zuef.net

Herkunftsangaben bei alternativen Baumarten – derzeit und künftig

MIRKO LIESEBACH, DAGMAR SCHNECK

Zusammenfassung

Die Kontinuität der Ökosystemleistungen, wie Rohholzproduktion, Klimaschutz-, Erholungs- und Naturschutzleistungen, der Wälder sicherzustellen, bleibt auch im Klimawandel ein grundsätzliches Ziel. Wohlüberlegtes Handeln mit identitätsgesichertem forstlichem Vermehrungsgut ist der sicherste Weg zum Aufbau stabiler Mischwälder bzw. Waldökosysteme und zu einer Diversifizierung des Angebots. Am Beispiel der neun von der BLAG-FGR als zukunftsfähig erachteten alternativen Baumarten werden Wege zu identitätsgesichertem Vermehrungsgut aufgezeigt.

Abstract

Information of provenance for alternative tree species - present and future

Ensuring the continuity of ecosystem services, such as wood production, climate protection, recreation services and nature conservation services provided by forests, remains a fundamental goal even under climate change. Well-considered action with identity-assured forest reproductive material is the surest way to establish stable mixed forests or forest ecosystems and for diversity. Possibilities to identity-assured forest reproductive material are given for the nine alternative tree species that the BLAG-FGR considers to be sustainable under future conditions.

1 Einleitung

Der Klimawandel, wie insbesondere die drei Trockenjahre 2018 bis 2020 stellen die Forstwirtschaft zunehmend vor neue Herausforderungen. Nicht nur die Fichte (*Picea abies*), der „Brotbaum“ der Forstwirtschaft im Westen und in der kollinen und submontanen Stufe Deutschlands ist in weiten Teilen ihres Anbaugebiets großflächig ausgefallen. Selbst die Rot-Buche (*Fagus sylvatica*), die als Teil einer unter dem Einfluss des Klimawandels standortgerechten Baumartenzusammensetzung ein höheres Anpassungspotenzial erwarten ließe, weist im Kerngebiet ihrer Verbreitung merkliche Schäden auf.

Neben der aktuellen Schadensbewältigung stellt die langfristige Anpassung der Wälder an sich ändernde Klimabedingungen die zentrale Aufgabe der Forstwirtschaft in den nächsten Jahrzehnten dar. Es gilt artenreiche standortgerechte Mischwälder aufzubauen (MULK 2022). Bei der Wiederbewaldung und beim Waldumbau lassen sich in der Verjüngungsphase gezielt zukunftsfähige, resiliente Herkünfte und Baumarten einbringen. Hierfür wird hochwertiges Saat- und Pflanzgut von standortangepassten, klimastabilen und anpassungsfähigen Baumarten und Herkünften benötigt.

Aus der Vergangenheit wissen wir, dass der blinde Griff in die Saatgutkiste und die Verwendung von Vermehrungsgut unbekannter Herkunft nicht zielführend ist. Wie die Erfahrungen z. B. mit der Einführung der Douglasie (*Pseudotsuga menziesii*) nach Mitteleuropa lehrten, entscheidet die Wahl der Herkunft dabei wesentlich über Erfolg oder Misserfolg der Kultur. Gerade jetzt,

- wo Saatgut geeigneter Herkünfte nicht immer in ausreichender Menge verfügbar ist,
- wo nach Baumarten gefragt wird, die bisher ohne Bedeutung waren, oder
- wo zu Herkünften seltener Baumarten wenig bekannt ist, darf das bewährte Instrument zur Herkunftsidentität nicht außer Kraft gesetzt werden.

Neben seltenen heimischen Baumarten rücken zunehmend Arten aus Regionen, die dem künftigen Klima entsprechen, ins Zentrum des Interesses. Schon jetzt lassen sich Suchräume für potenziell geeignete Herkünfte identifizieren. Saatgut aus diesen Gegenden kann bereits heute für den Wald von morgen eingesetzt werden, wenn es nach den bewährten Regeln gesammelt, gekennzeichnet und getrennt gehalten wird.

Zu mehreren alternativen Baumarten sind neue Herkunftsversuche zumindest auf regionaler Ebene angelaufen (z. B. LIEVEN und NAGEL 2022; ŠEHO und JANBEN 2019). Bis jedoch aus den Ergebnissen dieser Versuche Empfehlungen abgeleitet werden können, vergehen naturbedingt noch Jahre. Wichtig ist, dass die herkunftsbezogenen Informationen mitgeliefert und dokumentiert werden, um so auch Jahre später einen Herkunftsbezug herstellen zu können.

Im Folgenden wird am Beispiel von neun alternativen Baumarten (Tabelle 1), die von der BLAG-FGR (LIESEBACH et al. 2021) als zukunftsfähig erachtet werden, Wege zu identitätsgesichertem Vermehrungsgut aufgezeigt. Die folgenden Ausführungen beschränken sich auf forstliches Vermehrungsgut aus Beständen und Samenplantagen.

Tabelle 1: Die neun von der BLAG-FGR (LIESEBACH et al. 2021) als zukunftsfähig eingestuften Baumarten.

Seltene heimische Baumarten	Europa-heimische Baumarten	Außereuropäische Baumarten
<i>Carpinus betulus</i> (Hainbuche)	<i>Abies nordmanniana</i> (Nordmanns-Tanne)	<i>Cedrus atlantica</i> (Atlas-Zeder)
<i>Sorbus torminalis</i> (Elsbeere)	<i>Fagus orientalis</i> (Orient-Buche)	
<i>Tilia contorta</i> (Winter-Linde)	<i>Corylus colurna</i> (Baum-Hasel)	
<i>Acer platanoides</i> (Spitz-Ahorn)		
<i>Quercus pubescens</i> (Flaum-Eiche)		

Die BLAG-FGR (LIESEBACH et al. 2021) empfiehlt, dass die Tannen-, Kiefern- und Eichenarten aus dem europäischen und nicht europäischen Umfeld jeweils in einem Art und Regionen übergreifenden Gesamtzusammenhang betrachtet werden sollen, weshalb neben Flaum-Eiche und Nordmanns-Tanne auch auf weitere Arten der Gattungen eingegangen wird.

2 Identitätssicherung bei Erzeugung und Vertrieb

2.1 EU geregelte Baumarten

Die Richtlinie 1999/105/EG der Europäischen Gemeinschaft über den Verkehr mit forstlichem Vermehrungsgut bildet die verbindliche Grundlage für die nationalen Bestimmungen aller Mitgliedstaaten. Sie regelt die vermarktungsrelevanten Aspekte der Erzeugung und des innergemeinschaftlichen Verkehrs. Im Anhang I zur Richtlinie sind 45 Arten (22 Laub- und 23 Nadelbaumarten), die Hybridlärche sowie die Gattung *Populus* aufgeführt (Tabelle 2), die für forstliche Zwecke in mindestens einem Teil der Gemeinschaft von Bedeutung sind. Die Richtlinie wurde von den Mitgliedschaften in nationales Recht umgesetzt. In Deutschland geschah das im Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) vom 22. Mai 2002, das somit seit etwa 20 Jahren in Kraft ist, und den zugehörigen Durchführungsverordnungen.

Tabelle 2: In Anhang I zur Richtlinie 1999/105/EG bzw. Anlage zum FoVG gelisteten Baumarten (Baumarten, die für die Forstwirtschaft in Deutschland keine Bedeutung haben, sind mit * markiert).

Laubbaumarten	Nadelbaumarten	Hybriden bzw. Gattungen
<i>Acer platanoides</i> (Spitz-Ahorn)	<i>Abies alba</i> (Weiß-Tanne),	<i>Larix xeurolepis</i> (Hybridlärche)
<i>Acer pseudoplatanus</i> (Berg-Ahorn)	<i>Abies cephalonica</i> (Griechische Tanne)*	<i>Populus</i> (Pappel) und Hybriden
<i>Alnus glutinosa</i> (Schwarz-Erle)	<i>Abies grandis</i> (Küsten-Tanne)	
<i>Alnus incana</i> (Grau-Erle)	<i>Abies pinsapo</i> (Spanische Tanne)*	
<i>Betula pendula</i> (Sand-Birke)	<i>Cedrus atlantica</i> (Atlas-Zeder)*	
<i>Betula pubescens</i> (Moor-Birke)	<i>Cedrus libani</i> (Libanon-Zeder)*	
<i>Carpinus betulus</i> (Hainbuche)	<i>Larix decidua</i> (Europäische Lärche)	
<i>Castanea sativa</i> (Edel-Kastanie)	<i>Larix kaempferi</i> (Japanische Lärche)	
<i>Fagus sylvatica</i> (Rot-Buche)	<i>Larix sibirica</i> (Sibirische Lärche)*	
<i>Fraxinus angustifolia</i> (Schmalblättrige Esche)*	<i>Picea abies</i> (Gewöhnliche Fichte)	
<i>Fraxinus excelsior</i> (Gewöhnliche Esche)	<i>Picea sitchensis</i> (Sitka-Fichte)	
<i>Prunus avium</i> (Vogel-Kirsche)	<i>Pinus brutia</i> (Kalabrische Kiefer)*	
<i>Quercus cerris</i> (Zerr-Eiche)*	<i>Pinus canariensis</i> (Kanaren-Kiefer)*	
<i>Quercus ilex</i> (Stein-Eiche)*	<i>Pinus cembra</i> (Zirbel-Kiefer)*	
<i>Quercus petraea</i> (Trauben-Eiche)	<i>Pinus contorta</i> (Dreh-Kiefer)*	
<i>Quercus pubescens</i> (Flaum-Eiche)*	<i>Pinus halepensis</i> (Aleppo-Kiefer)*	
<i>Quercus robur</i> (Stiel-Eiche)	<i>Pinus leucodermis</i> (Schlangenhaut-Kiefer)*	
<i>Quercus rubra</i> (Rot-Eiche)	<i>Pinus nigra</i> (Schwarz-Kiefer)	
<i>Quercus suber</i> (Kork-Eiche)*	<i>Pinus pinaster</i> (Strand-Kiefer)*	
<i>Robinia pseudomenziesii</i> (Robinie)	<i>Pinus pinea</i> (Pinie)*	
<i>Tilia cordata</i> (Winter-Linde)	<i>Pinus radiata</i> (Monterey-Kiefer)*	
<i>Tilia platyphylla</i> (Sommer-Linde)	<i>Pinus sylvestris</i> (Wald-Kiefer)	
	<i>Pseudotsuga menziesii</i> (Douglasie)	

Dem FoVG unterliegende Baumarten mit Bedeutung für den Wald in Deutschland

In der Umsetzung der Richtlinie 1999/105/EG hat Deutschland die Baumartenliste übernommen, jedoch 19 Baumarten (5 Laub- und 14 Nadelbaumarten) ausgenommen, die für die Forstwirtschaft im Inland ohne Bedeutung sind. Sie sind in der Anlage zum FoVG mit einem * markiert (Tabelle 2).

Unter den verbleibenden 26 Baumarten, der Hybridlärche sowie der Gattung Pappel befinden sich neben den Hauptbaumarten zahlreiche seltenere und Nebenbaumarten, denen im Klimawandel und zur Erhöhung der Biodiversität ein erhöhtes Augenmerk gegeben wird. Darunter sind drei Baumarten, die BLAG-FGR als Zukunftsarten sieht: **Spitz-Ahorn** (*Acer platanoides*), **Hainbuche** (*Carpinus betulus*) und **Winter-Linde** (*Tilia cordata*).

Für diese Baumarten sind in Deutschland Herkunftsgebiete ausgewiesen und zwar je 4 für den Spitz-Ahorn und die Hainbuche sowie 8 für die Winter-Linde. Weiterhin ist Ausgangsmaterial zur Erzeugung von forstlichem Vermehrungsgut zugelassen (Tabelle 3). Durch die Mitführung von Register- und Stammzertifikatsnummer (Tabellen 4 und 5) ist die Identität des hiervon gewonnenen Vermehrungsguts von der Ernte im Bestand oder in der Samenplantage über die Aufbereitung, Lagerung, Anzucht und Beförderung bis zum Endverbraucher lückenlos gesichert.

In andern EU-Mitgliedstaaten ist weiteres Ausgangsmaterial dieser Baumarten zugelassen, über das die EU-Datenbank FOREMATIS einen Überblick gibt (Tabelle 3). Die Anforderungen an die Identität sind vergleichbar mit denen in Deutschland.

Tabelle 3: In Deutschland und weiteren EU-Mitgliedsstaaten zugelassenes Ausgangsmaterial (Bestände bzw. Samenplantagen mit Anzahl [n] bei den Baumarten Spitz-Ahorn, Hainbuche und Winter-Linde (BLE, Stand 1.7.2019; FOREMATIS, Zugriff 31.03.2023).

Kategorie: Ausgangsmaterial:	Ausgewählt Bestände			Qualifiziert Samenplantagen			Geprüft Samenplantagen	
	DE	weitere EU		DE	weitere EU		DE	weitere EU
Baumart	n	n	Saat	n	n	Saat	n	n
Spitz-Ahorn	96	>82	AT, BE, BG, CZ, IT, LT, SK, SE	4	15	DK, FI, LT, LU, NL, SE	-	-
Hainbuche	185	85	AT, BG, HR, CZ, DK, HU, LT, SK, SI, SE	2	1	BE	-	-
Hainbuche	273	>220	AT, BG, CZ, DK, IT, LT, PL, SK, SI, SE	19	41	BG, CZ, DK, FI, LV, LT, LU, PL, SK, SE	1	-

Tabelle 4: Aufbau der Registernummer.

Registernummer (12-stellig)	Aufbau
Beispiel: 12 3 85104 001 2	Bundesland (2-stellig)
	ausstellende Stelle des Bundeslands (1-stellig)
	Herkunftsgebiet [Baumart und Gebiet] ([3- und 2-] 5-stellig)
	lfd. Nummer der ausstellenden Stelle (3-stellig)
	Kategorie (1-stellig)

Tabelle 5: Aufbau der Stammzertifikatsnummer in Deutschland.

Stammzertifikatsnummer (13-stellig)	Aufbau
Beispiel: D-12 205 1 0001 13	Mitgliedsstaat (D-)
	Bundesland (2-stellig)
	ausstellende Stelle des Bundeslands (3-stellig)
	Ernte/Mischung (1-stellig)
	lfd. Nummer der ausstellenden Stelle (4-stellig)
	Erntejahr (2-stellig)

Dem FoVG unterliegende Baumarten ohne Bedeutung für den Wald in Deutschland

Seit in Kraft treten des FoVG haben sich angesichts der Herausforderungen, die der Klimawandel an künftige Waldgenerationen stellt, die Ansichten, welche Baumarten von Bedeutung für den Wald in Deutschland sind, verschoben. Unter den 19 dem FoVG unterliegenden Baumarten, die für die Forstwirtschaft in Deutschland keine oder nur lokale Bedeutung haben, sind die Zedern sowie verschiedenen Eichen- und Tannenarten, denen ein Potenzial im Klimawandel eingeräumt wird (z. B. LIESEBACH et al. 2021; STMELF 2020). **Atlas-Zeder** (*Cedrus atlantica*), **Flaum-Eiche** (*Quercus pubescens*) und **Zerr-Eiche** (*Q. cerris*) sowie **Griechische Tanne** (*Abies cephalonica*) sind zumindest regional Hoffnungsträger.

Für diese Baumarten dürfen in Deutschland keine Herkunftsgebiete ausgewiesen werden. Damit kann hier auch kein Ausgangsmaterial zugelassen und kein Vermehrungsgut erzeugt werden.

In anderen EU-Mitgliedstaaten sind die Baumarten häufiger, so dass dort Herkunftsgebiete ausgewiesen und Ausgangsmaterial zugelassen sind. Dieses Vermehrungsgut kann für weitere Bearbeitungsschritte, wie die

Anzucht von Pflanzen, an Betriebe in Deutschland und an den Waldbesitzer (Endverbraucher) unter Einhaltung der Regeln des FoVG abgegeben werden.

Der Datenbank FOREMATIS der EU (<https://ec.forematis.eu>) ist für diese vier Baumarten das in der EU zugelassene Ausgangsmaterial zu entnehmen (Tabelle 6, LIESEBACH und SCHNECK 2022). Für Saatgut, das in anderen EU-Mitgliedstaaten auf der Grundlage der EU-Richtlinie in zugelassenen Beständen erzeugt wurde, ist somit auch die Identität sichergestellt.

Tabelle 6: In der europäischen Datenbank FOREMATIS (Zugriff 06.01.2022) gelistetes Ausgangsmaterial für Flaum- und Zerreiche sowie Atlaszeder und Griechische Tanne (QG Quellengesichert, AG Ausgewählt, QF Qualifiziert, GP Geprüft).

Land	Flaum-Eiche		Zerr-Eiche		Atlas-Zeder			Griechische Tanne			
	QG	AG	QG	AG	QG	AG	QF	GP	QG	AG	QF
Österreich	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-
Bulgarien	2	46	6	319	2	15	2	-	-	-	-
Griechenland	-	-	-	-	1	-	-	-	10	12	-
Kroatien	1	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-
Tschechien	7	1	9	1	-	-	-	-	1	-	-
Italien	135	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Frankreich	6	-	2	-	-	1	-	3	1	-	1
Ungarn	43	-	180	18	5	-	-	-	-	-	-
Italien	-	-	148	29	-	-	-	-	-	-	-
Niederlande	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-
Polen	1	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Portugal	-	-	-	-	3	-	-	-	-	-	-
Spanien	21	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Slowakei	-	-	-	8	-	-	-	-	-	-	-
Slowenien	-	-	1	1	-	-	-	-	1	-	-

Wenn Deutschland die Anlage zum FoVG ändert, können Herkunftsgebiete für die Baumarten, die bislang ohne Bedeutung für die Forstwirtschaft sind, ausgewiesen werden. Das ist die Grundvoraussetzung für die Zulassung von Ausgangsmaterial zur Erzeugung von Vermehrungsgut.

2.2 Nicht EU-geregelte Baumarten

Unter den für Deutschland relevanten Baumarten im Klimawandel gibt es auch zahlreiche, die nicht in der Anlage I der EU-Richtlinie enthalten sind und auch nicht zusätzlich ins FoVG aufgenommen wurden. Zu diesen zählen zum Beispiel die in Europa heimischen Baumarten **Elsbeere** (*Sorbus torminalis*), **Baum-Hasel** (*Corylus colurna*), **Orient-Buche** (*Fagus orientalis*) sowie **Nordmanns-Tanne** (*Abies nordmanniana*) und weitere Tannenarten sowie die unter 2.3 aufgeführten Arten.

Für diese Baumarten besteht die Möglichkeit, sie unter Anwendung des Schemas für forstliches Saat- und Pflanzgut der OECD (*OECD Scheme for the Certification of Forest Reproductive Material Moving in International Trade*) zu erzeugen und zu vertreiben. Anders als in der EU-Richtlinie gibt es keine Baumartenliste. Das Schema kann für alle Baumarten angewendet werden. Eine Ausweisung von Herkunftsgebieten ist auch hier erforderlich.

Hier gäbe es die Möglichkeit ein Herkunftsgebiet auszuweisen, das ganz Deutschland umfasst oder, was sinnvoller wäre, mehrere Herkunftsgebiete, um regionale Anpassung zu berücksichtigen.

Die amtlich vorgeschriebenen Begleitpapiere der OECD (*Specimen Certificate*), die denen des FoVG (der EU – Stammzertifikat/ *Master Certificate*) ähneln, verlangen dieselben Angaben. Das OECD-Schema nutzt dieselben 4 Kategorien für Vermehrungsgut wie das FoVG (bzw. die EU). Damit erhält der Waldbesitzer die für ihn relevanten Informationen.

Aktuell sind dem OECD-Schema 30 Länder beigetreten, darunter 18 EU-Mitgliedstaaten (Österreich, Belgien, Bulgarien, Dänemark, Deutschland, Finnland, Frankreich, Irland, Italien, Kroatien, Die Niederlande, Portugal, Rumänien, Schweden, Slowakei, Slowenien, Spanien und Ungarn) sowie 5 weitere europäische Staaten (Norwegen, Schweiz, Serbien, Türkei und das Vereinigte Königreich), die USA und Kanada sowie 5 Länder aus dem tropischen Afrika. Für nicht EU-geregelten Baumarten sind insbesondere die Länder Bulgarien, Serbien und Türkei von Interesse.

Das Schema ist zwar auf den zwischenstaatlichen Handel ausgelegt, kann aber auch für nicht EU-/FoVG-geregelte Baumarten innerhalb eines Landes angewendet werden. Theoretisch wäre dies somit auch innerhalb von Deutschland möglich, das jedoch das Schema noch nicht anwendet, da keine amtliche Stelle eingerichtet ist, die die Zertifikatsnummern verwaltet und Kontrollen durchführt.

2.3 Privatrechtliche Regelung bei seltenen heimischen Arten

Für die freie Landschaft hat das Gesetz über Naturschutz und Landschaftspflege (Bundesnaturschutzgesetz – BNatSchG § 40) die Verwendung von weiteren nicht dem FoVG unterliegenden Gehölzen geregelt. Hierunter fallen z. B. die Baumarten Elsbeere (*Sorbus torminalis*), aber auch Flatter-Ulme (*Ulmus laevis*), Wild-Apfel (*Malus sylvestris*) und Wild-Birne (*Pyrus pyraeaster*). Die Nachfrage nach identitätsgesichertem Vermehrungsgut dieser Arten ist in den vergangenen Jahren stark gestiegen. Die Erzeugung und Identitätssicherung selbst sind im BNatSchG nicht geregelt. Dafür wurde ein Fachmodul „Gebietseigene Gehölze“ (BMU 2019) als Grundlage privatrechtlicher Zertifizierungssysteme erstellt. Zunehmend gelangt mehr Vermehrungsgut mit Zertifizierungsnachweis auf den Markt. Der Nachweis erfolgt über eine bundesweit einheitliche 17-stellige Erntereferenznummer (Tabelle 7) bestehend aus dem Erntebestand (10 Stellen) und der Identifikationsnummer (7-stellige ID-Nummer), die die Erntepartie verschlüsselt. Diese Kennzeichnung erfolgt auf rein privatrechtlicher Basis. Über diesen Weg können Herkunftsinformationen für Baumarten, die sowohl in der Forstwirtschaft als auch in der freien Natur verwendet werden und nicht dem FoVG unterliegen, weitergegeben werden.

Tabelle 7: Aufbau der Erntereferenznummer aus Erntebestands- und ID-Nummer.

Erntereferenznummer (17-stellig) Beispiel: 12 133 20 002 01 21 1 01	Aufbau
Erntebestandsnummer (10-stellig)	Länderkennzeichen (2-stellig) Gehölzcode (3-stellig) Vorkommensgebiet (2-stellig) Erntebestand (3-stellig)
ID-Nummer (7-stellig)	Zertifizierungsstelle (2-stellig) Erntejahr (2-stellig) Ernte/Mischung (1-stellig) Laufende Ernte bzw. Mischung in einem Erntejahr und pro Erntebestand und Zertifizierungsstelle (2-stellig)

Die Forstsaatgut- und Forstpflanzenwirtschaft sowie die öffentliche und private Forstwirtschaft arbeiten in der DKV – Gütegemeinschaft für forstliches Vermehrungsgut e.V., einer freiwilligen Selbstverwaltungsorganisation, zusammen und weisen besonders wertvoller Erntebestände als Sonderherkünfte aus. Die Auswahl der Bestände erfolgt nach phänotypischen Gesichtspunkten. Die von der DKV an die Erntebestände gestellten Anforderungen liegen über den gesetzlichen Mindestnormen des Forstvermehrungsgutgesetzes (<https://dkv-net.de>). Neben den Baumarten, die dem FoVG unterliegen (z. B. **Hainbuche, Spitz-Ahorn, Winter-Linde**), nimmt sich die DKV außerdem der Baumarten an, die durch das FoVG nicht erfasst sind (z. B. **Elsbeere, Nordmanns-Tanne**). Für letztere Baumarten ist die Verleihung des Prädikates „Sonderherkunft“ derzeit das einzige nach objektiven Kriterien erfolgende Anerkennungsverfahren in Deutschland.

In Deutschland gibt es zwei private Zertifizierungssysteme für forstliches Vermehrungsgut: FfV (Forum forstliches Vermehrungsgut e. V.) und ZüF (Zertifizierungsring für überprüfbare Forstliche Herkunft Süddeutschland e. V.). Kern der Zertifizierung ist die Abbildung und Überprüfbarmachung des Handelsweges von der Saatguternte bis zur fertigen Forstpflanze. In den letzten Jahren wurden die Baumartenpalette über die FoVG-Baumarten hinaus stetig mit Arten erweitert, die im Klimawandel interessant sein dürften (z. B. Elsbeere) sowie probeweise erste Ernten im Ausland durchgeführt.

3 Verwendung

Im vorangegangenen Abschnitt wurde nicht auf die Kategorien forstlichen Vermehrungsguts eingegangen. Für die dem FoVG unterliegenden (EU-) Baumarten darf in Deutschland nur Vermehrungsgut der Kategorien „Ausgewählt“ aus Beständen, „Qualifiziert“ aus Samenplantagen oder „Geprüft“ aus Beständen oder Samenplantagen im Wald ausgebracht werden. Bei Vermehrungsgut der Kategorie „Quellengesichert“ gibt es eine relevante Einschränkung. In Deutschland darf forstliches Vermehrungsgut der Kategorie „Quellengesichert“ nicht für den Endverbraucher – also Anbau im Wald – angeboten oder abgegeben werden (§ 13 Abs. 3 FoVG). Für den Anbau im Wald sind derzeit keine Ausnahmen möglich. Ausgenommen sind lediglich Versuche (§ 21 1. FoVG), für die die BLE eine Ausnahmegenehmigung auf Antrag erteilen kann.

Dieses hat seine Berechtigung, wenn man sich die Zulassungskriterien anschaut. Als „Quellengesichert“ kann nahezu alles zugelassen werden. Dieses wäre für eine nachhaltige Forstwirtschaft bedenklich. Hier gilt es auch weiterhin an den bewährten hohen Standards bei der Zulassung von Ausgangsmaterial festzuhalten.

Das wird aus unterschiedlichen Gründen von mehreren Ländern außerhalb Deutschlands anders gesehen. In zahlreichen Ländern ist Ausgangsmaterial in der Kategorie „Quellengesichert“ zugelassen, wie die Beispiele in Tabelle 6 zeigen. Auch wenn Deutschland weiterhin von einer Zulassung von Ausgangsmaterial in dieser Kategorie absieht, wäre zu überlegen, ob nicht zumindest bei den bislang in Deutschland als forstlich unbedeutend eingestuften Arten auch mit Blick auf eine mögliche Erweiterung der Baumartenliste die Verwendung künftig ermöglicht werden sollte.

Aus welchen Bereichen das Vermehrungsgut letztendlich empfohlen werden kann, müssen die angelaufenen bzw. zu etablierenden Herkunftsversuche zeigen. Derzeit können nur Regionen mit vergleichbaren Standortbedingungen (z. B. Analogregionen) herangezogen werden. Eine Aufnahme alternativer Baumarten in die Herkunftsempfehlungen der Länder ist auch eine Voraussetzung, um Maßnahmen zu fördern.

4 Fazit

Auch im Klimawandel bleibt ein grundsätzliches Ziel, die Kontinuität der Ökosystemleistungen, wie Rohholzproduktion, Klimaschutz-, Erholungs- und Naturschutzleistungen, der Wälder sicherzustellen. Mit blindem Aktionismus ist in der derzeitigen Phase niemandem geholfen. Die Problematik ungeeigneter Herkünfte darf auch in Zeiten des Mangels nicht unterschätzt werden (KNICKREHM et al. 2022) (Abb. 1). Wohlüberlegtes

Handeln mit identitätsgesichertem Vermehrungsgut ist der sicherste Weg zum Aufbau stabiler Mischwälder bzw. Waldökosysteme und zu einer Diversifizierung des Angebots. Auch zum Vermehrungsgut alternativer Baumarten sind Herkunftsangaben möglich (Tabelle 8) und einzufordern.

Tabelle 8: Zusammenstellung der Herkunftsangaben bei ausgewählten alternativen Baumarten (Fettdruck derzeit verpflichtend).

Baumart	EU	FoVG	OECD	DKV	Fachmodul	FFV, ZüF
Spitz-Ahorn	X	X	X	X		X
Hainbuche	X	X	X	X		X
Winter-Linde	X	X	X	X		X
Flaum-Eiche	X	-	X			X
Zerr-Eiche	X	-	X			X
Atlas-Zeder	X	-	X			X
Griechische Tanne	X	-	X			X
Nordmanns-Tanne			X	X		X
Elsbeere			X	X	X	X
Baum-Hasel			X			X
Orient-Buche			X			X



Abb. 1: Bestand mit geradwüchsiger, vollholziger Hainbuche (Ausgangsmaterial zur Erzeugung von forstlichem Vermehrungsgut (links)) und spannrückige, ästhetisch ansprechende Hainbuche (als Ausgangsmaterial zur Erzeugung von forstlichem Vermehrungsgut ungeeignet (rechts)) (Fotos: M. LIESEBACH).

Derzeit sieht das FoVG drei Ausnahmen vor, die unter bestimmten Voraussetzungen die Erzeugung, Einfuhr bzw. Verwendung von forstlichem Vermehrungsgut ermöglichen:

- Mit einer Ausnahmeerlaubnis (§ 21 FoVG) der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) kann unter anderem Vermehrungsgut von Baumarten, die bislang ohne Bedeutung für die Forstwirtschaft sind, im Inland für Zwecke der Generhaltung oder Versuche erzeugt und in Verkehr gebracht werden.
- Weiterhin besteht die Möglichkeit, Saatgut dieser Baumarten nach § 15 FoVG in die EU einzuführen. Nach Vorliegen bestimmter Voraussetzungen kann hierfür durch die BLE ein Stammzertifikat mit Herkunftsangaben erstellt werden.
- Darüber hinaus besteht nach § 18 Abs. 7 (FoVG) die Möglichkeit, einzelne Partien von Vermehrungsgut weiterer, nicht dem FoVG unterliegender Baumarten einer amtlichen Kontrolle zu unterwerfen. Von dieser Möglichkeit wurde bisher kein Gebrauch gemacht.

Referenzen

- BMU (2019): Fachmodul „Gebietseigene Gehölze“ als Grundlage für einen entsprechenden „Scope“ zur Akkreditierung von Zertifizierungsstellen für Gehölze bzw. Gehölzsaatgut gebietseigener Herkunft bei der Deutschen Akkreditierungsstelle (DAkkS). 30 S.
https://www.bmu.de/fileadmin/Daten_BMU/Download_PDF/Artenschutz/Fachmodul_GEG_Juni2019_fin_clean_bf.pdf
- CREMER E, KONNERT M, LUDWIG A, WEZEL G (2023): Forstgenetik trifft Forstpraxis – Erfahrungen und Ausblick aus „20 Jahre ZüF“. *Tünen Rep* 105: 298-301.
- KNICKREHM U, PAUL A, ZIEGLER M, SCHAEFER C, HEWICKER, H-A (2022): Herkunftsgerechte Pflanzen sind nicht ausreichend verfügbar. *AFZ-DerWald* 77 (14): 16-19.
- LIESEBACH M, WOLF H, BEEZ J, DEGEN B, ERLEY M, HAVERKAMP M, JANßen A, KÄTZEL R, KAHLERT K, KLEINSCHMIT J, LEMMEN P, PAUL M, VOTH W (2021): Identifizierung von für Deutschland relevanten Baumarten im Klimawandel und länderübergreifendes Konzept zur Anlage von Vergleichsanbauten – Empfehlung der Bund-Länder-Arbeitsgruppe „Forstliche Genressourcen und Forstsaatgutrecht“ zu den Arbeitsaufträgen der Waldbaureferenten. *Thünen Working Paper* 172: 51 S.
- LIESEBACH M, SCHNECK D (2022): Herkunftsangaben bei alternativen Baumarten im Klimawandel möglich. *AFZ-DerWald* 77 (22): 36-40
- LIEVEN S, NAGEL R-V (2022): Alternative Baumarten – ein Lösungsweg für die Klimaanpassung der Wälder in Hessen? S. 33-38. In: NW-FVA, Hess. Ministerium Umwelt, Klimaschutz, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (Hrsg.): *Waldzustandsbericht 2022 für Hessen*.
- MLUK [Ministerium für Landwirtschaft, Umwelt und Klimaschutz des Landes Brandenburg] (2022): Empfehlungen zur Mischung von Baum- und Straucharten im Wald. *Die Baumartenmischungstabelle*. 92 S.
- STMELF [Bayerisches Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten] (2020): *Baumarten für den Klimawandel. Leitlinien der Bayerischen Forstverwaltung*. 16 S.

Autorin und Autor

MIRKO LIESEBACH

Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstr. 2, 22927 Großhansdorf

Kontakt: mirko.liesebach@thuenen.de

DAGMAR SCHNECK

Landesbetrieb Forst Brandenburg, Landesstelle für forstliches Vermehrungsgut, Eberswalder Chaussee 3, 15377 Waldsiedersdorf

Thünen Report

Bereits in dieser Reihe erschienene Hefte – *Volumes already published in this series*

1 - 85	siehe http://www.thuenen.de/de/infotehek/publikationen/thuenen-report/
86	Katja Butter, Martin Ohlmeyer Emissionen flüchtiger organischer Verbindungen von Holz und Holzwerkstoffen
87	Kim Pollermann Regional Governance: Begriffe, Wirkungszusammenhänge und Evaluationsansätze
88	Gerold Rahmann, Frédéric Rey, Reza Ardakani, Khalid Azim, Véronique Chable, Felix Heckendorn, Paola Migliorini, Bram Moeskops, Daniel Neuhoff, Ewa Rembiatkowska, Jessica Shade, Marc Tchamitchian (eds.) From its roots, organic inspires science, and vice versa. Book of Abstracts of the Science Forum at the Organic World Congress 2021, September 8-10, 2021. Rennes, France
89	Walter Dirksmeyer, Klaus Menrad (eds.) Aktuelle Forschung in der Gartenbauökonomie : Digitalisierung und Automatisierung - Welche Chancen und Herausforderungen ergeben sich für den Gartenbau? Tagungsband zum 3. Symposium für Ökonomie im Gartenbau am 15. November 2019 in Freising / Weihenstephan
90	Tobias Mettenberger, Patrick Küpper Innovative Versorgungslösungen in ländlichen Regionen: Ergebnisse der Begleitforschung zum Modellvorhaben Land(auf)Schwung im Handlungsfeld „Daseinsvorsorge“ : Band 1 der Begleitforschung Land(auf)Schwung
90	Gesine Tuitjer, Christian Bergholz, Patrick Küpper Unternehmertum, Netzwerke und Innovationen in ländlichen Räumen: Ergebnisse der Begleitforschung zum Modellvorhaben Land(auf)Schwung im Handlungsfeld „Regionale Wertschöpfung“ : Band 2 der Begleitforschung Land(auf)Schwung
91	Cora Vos, Claus Rösemann, Hans-Dieter Haenel, Ulrich Dämmgen, Ulrike Döring, Sebastian Wulf, Brigitte Eurich-Menden, Annette Freibauer, Helmut Döhler, Carsten Schreiner, Bernhard Osterburg, Roland Fuß Calculations of gaseous and particulate emissions from German agriculture 1990 – 2020 Berechnung von gas- und partikelförmigen Emissionen aus der deutschen Landwirtschaft 1990 – 2020
92	Kurt-Jürgen Hülsbergen, Harald Schmid, Hans Marten Paulsen (eds) Steigerung der Ressourceneffizienz durch gesamtbetriebliche Optimierung der Pflanzen- und Milchproduktion unter Einbindung von Tierwohlaspekten – Untersuchungen in einem Netzwerk von Pilotbetrieben
93	Heike Peter, Cornelia Toppel, Annett Steinführer Wohnstandortentscheidungen in einer wohnbiographischen Perspektive : Eine explorative Studie in ländlichen und großstädtischen Kontexten
94	Daniel Ziche, Erik Grüneberg, Winfried Riek, Nicole Wellbrock Comparison of the LUCAS 2015 inventory with the second National Forest Soil Inventory : Comparability and representativeness of two soil inventories conducted in Germany
95	Fanny Barz Boats don't fish, people do – A sociological contribution towards holistic fisheries bycatch management

- 96 Jacob Jeff Bernhardt, Lennart Rolfes, Peter Kreins, Martin Henseler
Ermittlung des regionalen Bewässerungsbedarfs für die Landwirtschaft in Bayern
- 97 Uwe Krumme, Steffi Meyer, Isabella M. F. Kratzer, Jérôme C. Chladek, Fanny Barz, Daniel Stepputtis, Harry V. Strehlow, Sarah B. M. Kraak, Christopher Zimmermann
STELLA - Stellnetzfisherei-Lösungsansätze : Projekt-Abschlussbericht
- 98 Anne Alix, Dany Bylemans, Jens Dauber, Peter Dohmen, Katja Knauer, Lorraine Maltby, Christoph J. Mayer, Zélie Pepiette, Balthasar Smith (eds)
**Optimising agricultural food production and biodiversity in European landscapes
Report of an online-Workshop**
- 99 Andreas Tietz, Antje G. I. Tölle
„Bauernland in Bauernhand“: Gutachten im Auftrag des Bayerischen Staatsministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten
- 100 Marlen Haß, Claus Deblitz, Florian Freund, Peter Kreins, Verena Laquai, Frank Offermann, Janine Pelikan, Viktoriya Sturm, Johannes Wegmann, Thomas de Witte, Friedrich Wüstemann, Maximilian Zinnbauer
Thünen-Baseline 2022 – 2032: Agrarökonomische Projektionen für Deutschland
- 101 Daniel Stepputtis, Thomas Noack, Uwe Lichtenstein, Constanze Hammerl, Juan Santos, Bernd Mieske
Verringerungen von Kunststoffmüll aus der Krabbenfisherei durch Netzmodifikationen – Dolly Rope Suspension (DRopS) : Projekt-Abschlussbericht
- 102 Elke Brandes, Martin Henseler, Peter Kreins, Gholamreza Shiravani, Björn Tetzlaff, Frank Wendland, Andreas Wurpts
**Modellierung von Mikroplastikeinträgen und Migrationspfaden im Einzugsgebiet der Weser :
MOMENTUM – Weser**
- 103 Susanna Esther Hönle
**Wie gelingt eine ambitionierte Agrarklimaschutzpolitik?
Eine vergleichende Analyse nationaler Ansätze zur Integration des Sektors Landwirtschaft in die
Klimapolitik am Beispiel Uruguays und Deutschlands**
- 104 Marcel Dehler
**Maßnahmen zur Reduzierung des Pflanzenschutzmitteleinsatzes – Anpassungsoptionen, Kosten und
Möglichkeiten zur umweltpolitischen Steuerung**
- 105 Mirko Liesebach (ed.)
**Beiträge von Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik für den Wald von Morgen : 7. Tagung der Sektion
Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung vom 12. bis 14. September 2022 in Ahrensburg Tagungsband**





THÜNEN

Thünen Report 105

Herausgeber/Redaktionsanschrift

Johann Heinrich von Thünen-Institut
Bundesallee 50
38116 Braunschweig
Germany

www.thuenen.de

ISBN 978-3-86576-265-8



9 783865 762658