

Forstpflanzenzüchtung für die Praxis

**6. Tagung der Sektion
Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung
vom 16. bis 18. September 2019 in Dresden**

Tagungsband

Mirko Liesebach (ed.)

Thünen Report 76

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) (2020) Forstpflanzenzüchtung für die Praxis : 6. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung vom 16. bis 18. September 2019 in Dresden : Tagungsband. Braunschweig: Johann Heinrich von Thünen-Institut, 296p, Thünen Rep 76, DOI:10.3220/REP1584625360000

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 76

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 978-3-86576-209-2
DOI:10.3220/REP1584625360000
urn:nbn:de:gbv:253-202003-dn062169-3

Forstpflanzenzüchtung für die Praxis

**6. Tagung der Sektion
Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung
vom 16. bis 18. September 2019 in Dresden**

Tagungsband

Mirko Liesebach (ed.)

Thünen Report 76

VERANTWORTLICHER AUTOR:

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

Thünen Report 76

Braunschweig/Deutschland, März 2020

Vorwort

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.

Vom 16. bis 18. September 2019 richtete die Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung ihre 6. Tagung in Dresden/Sachsen aus. Der Schwerpunkt der zweitägigen Vortragsveranstaltung lag auf dem Thema „Forstpflanzenzüchtung für die Praxis“. Anlass für die Tagung gab es mehr als genug. Der Klimawandel wird immer offensichtlicher. Die Auswirkungen des in weiten Teilen Deutschland zu trockenen und warmen Jahres 2018 stellen Waldbesitzer und -bewirtschafter vor Herausforderungen. Mit der Veranstaltung versuchten wir auf einige der anstehenden Fragen eine Antwort zu geben. So wurden Ergebnisse aus dem im Frühjahr abgeschlossenen Waldklimafonds-Verbundvorhaben FitForClim und anderen Forschungsvorhaben vorgestellt. Die Tagung endet mit einer halbtägigen Exkursion zu einigen der Versuchsflächen, die in den Vorträgen angesprochen wurden.

Die Veranstaltung wird 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.

Schlüsselworte: Forstgenetik, Forstpflanzenzüchtung, Klimawandel, Nachhaltigkeit

MIRKO LIESEBACH

Obmann der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung

Foreword

In 2009 the “Section Forest Genetics/Forest Tree Breeding” was established within the “German Union of the Forest Research Stations” (DVFFA) that was founded in 1951. The section was formed by consolidating of the “Working Group of Forest Genetics and Tree Breeding” from 1950 and the “Forum Genetics-Forests-Forest management” existing since 1980. It is an open platform where knowledge exchange becomes mutually beneficial for both scientists and other interested audiences. Our main topics cover forest tree breeding, molecular and quantitative genetics, including population genetics and provenance research, the conservation of forest genetic resources as well as seed science.

The 6th meeting of the “Section Forest Genetics/Forest Tree Breeding” took place in Dresden/Saxony from September 16–18, 2019. The presentations on the second day focused on the topic “Forest Tree Breeding for Practice”. There was more than enough reason for the conference. Climate change is becoming more and more obvious. The effects of the dry and warm year 2018 in large parts of Germany pose challenges for forest owners and managers. With the meeting we tried to answer some of the questions. For example, results from the FitForClim forest climate fund joint project completed in spring and other research projects were presented. The conference ends with a half-day excursion to some of the trial sites mentioned in the lectures.

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

Selected presentations are published in these proceedings to give the interested community access to results of the meeting.

Keywords: Forest genetics, forest tree breeding, climate change, sustainability

MIRKO LIESEBACH

Chairman of the Section Forest Genetics/Forest Tree Breeding



Tagungsteilnehmer bei den Vorträgen in Dresden (oben) und bei der Exkursion im FoB Plauen, Revier Leubnitz (unten) (Fotos: M. LIESEBACH)

Participants of the lectures in Dresden (above) and on the excursion in the forest enterprise Plauen, district Leubnitz (below)

Inhalt

Vorwort, Foreword	1
Gruppenbilder	3
Inhalt	5
Grußwort von Landesforstpräsident UTZ HEMPFLING	7

Züchtungsprodukte und deren Verwendung

HARDTKE A, STEINER W: Eichenplusbäume und deren Verwendung	9
KÄTZEL R, LÖFFLER S, BECKER F: Untersuchungen zur Klimaanpassung südosteuropäischer Herkünfte der Trauben-Eiche (<i>Quercus petraea</i>) in Brandenburg - Eine erste Auswertung	23
NEOPHYTOU C, BRAUN A, SEMIZER-CUMING D, FUSSI B, MÜCK I, SCHLOSSER F, SEEGMÜLLER S, MICHIELS H-G: Angepasste Eichen auf Reliktstandorten. Eine zukünftige Quelle für forstliches Vermehrungsgut?	37
HARDTKE A, MEIBNER M, STEINER W: Evaluierung verschiedener Saatguternte- und Behandlungsvarianten für Bestände der Stiel- und Trauben-Eiche	49
LIEPE KJ, MITTELBERG HS, LIESEBACH M: Der IUFRO-Fichtenherkunftsversuch von 1964/68 – Eine erste abschließende Auswertung der deutschen Flächen nach Herkunftsgruppen	60
CARÉ O, GAILING O, MÜLLER M, KRUTOVSKY KV, LEINEMANN L: Assoziation zwischen Kandidatengenen und der Kronenform der Fichte (<i>Picea abies</i> (L.) H. KARST.) zeigt die Klimaadaptation autochthoner Hochlagenbestände	73
MORGENSTERN K, POLSTER J-U, RÖDEL P, SCHÜTZEL P, REICHE B, KRABEL D: Phytopathogene Pilze in der forstlichen Pflanzenzucht – Entwicklung von DNA-basierten Schnelltests zur Qualitätssicherung bei der Forstpflanzenproduktion	81
DACASA-RÜDINGER MC, WOLF H: Zielkonflikte sind vermeidbar: über die Selektion von Trockenstress toleranten Genotypen in Züchtungsprogrammen mit Lärche und Douglasie	94
RIECKMANN C, SCHNECK V, LIESEBACH M: Ein Vergleich von Absaaten europäischer Hybridlärchen-Samenplantagen	100
DACASA RÜDINGER MC, GONZÁLEZ A, HAMANN K, HÜLLER W, WOLF H: Wirtschaftliche Produktionszeiten für geprüfte Hybridlärchen-Nachkommenschaften und deren Holzeigenschaften	119
SCHNECK D, KÄTZEL R, JANDER C: (Wieder-)Einbringung der Weiß-Tanne (<i>Abies alba</i> Mill.) in die Wälder Brandenburgs	126
SCHNECK V, HEIMPOLD C, LIESEBACH M: Aktuelle Ergebnisse der Züchtung von Hybridaspfen (<i>Populus × wettsteinii</i> Hämet-Ahti)	133
REICHE B, BRÜCKNER M, KÖGLER A, WEBER B, MORGENSTERN K, SEIBT KM, HEITKAM T, MEYER M, TRÖBER U, WOLF H, SCHMIDT T, KRABEL D: Anwendung des SINE-basierten Markersystems ISAP zur Identifizierung von Pappelklonen	144
BÄUCKER C, SCHNECK V, HEIKE LIESEBACH H: Versuchsanlagen mit <i>in vitro</i> vermehrten Riegelahornpflanzen für die Zulassung von Wertholz-Klonen nach FoVG	155
GROTEHUSMANN H: Umwandlung einer Nachkommenschaftsprüfung in eine Samenplantage am Beispiel der Vogel-Kirsche	168

PAST F, BUBNER B, Mewis I: Erste Experimente zum Einfluss von <i>Sphinx ligustri</i> L. auf das In-vitro-Wachstum und den Hormonhaushalt in den Blättern von <i>Fraxinus excelsior</i> L.	182
---	-----

Alternative Baumarten

BREIDENBACH N, WILDHAGEN H, BANDURSKI C, ENGELHARDT L, BÜTTNER M, GAILING O, KRUTOVSKY KV: Phänotypische und genetische Reaktionen von <i>Sequoia sempervirens</i> Herkünften auf Frosttemperaturen	201
HOFMANN M, GROTEHUSMANN H, SCHNECK V: Robinie – eine Option für den Klimawandel? - Erste Ergebnisse einer Klonprüfung	211
ŠEHO M, JANŇEN A: Alternativbaumarten im Klimawandel - das bayerische Vorgehen aus forstgenetischer Sicht	222

Zukunft der Forstpflanzenzüchtung und Empfehlungen für die Praxis

HÖLTKEN AM, EUSEMANN P, KERSTEN B, LIESEBACH H, KAHLERT K, KAROPKA M, KÄTZEL R, KUCHMA O, LEINEMANN L, ROSE B, TRÖBER U, WOLF H, VOTH W, KUNZ M, FUSSI B: Das Verbundprojekt GENMON: Einrichtung eines genetischen Langzeit-Monitorings in Buchenbeständen (<i>Fagus sylvatica</i> L.)	230
LIESEBACH H, WOJACKI J, PAKULL B, EUSEMANN P: Genetische Diversität von Douglasiensaatgut aus zugelassenen Erntebeständen und Samenplantagen – Schlussfolgerungen für die Praxis	246
DEGEN B: Forstpflanzenzüchtung in Deutschland im internationalen Vergleich - Erreichtes, Potentiale, Grenzen	260
KNICKREHM U, SCHULZKE R: Anforderungen von Seiten einer Landesstelle an die forstliche Forschung	267
LIESEBACH M: „Variation“ der Herkunftsempfehlungen in einem föderalen Staat	274
Gehölzphysiologen intensivieren Zusammenarbeit	285
Gemeinsame Erklärung - Forstliches Vermehrungsgut für den Wald im Klimawandel	286

Grußwort von Landesforstpräsident UTZ HEMPFLING

Sehr geehrte Damen und Herren,

nachdem im Mai dieses Jahres bereits der Deutsche Forstverein seine Jahrestagung in Dresden abgehalten hat, ist es mir eine große Freude, Sie heute hier in Dresden und in Sachsen begrüßen zu können.

Vor fast 20 Jahren fand in Pirna eine ähnlich gelagerte Tagung der Arbeitsgemeinschaft für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung zum Thema „Nachhaltige Nutzung forstgenetischer Ressourcen“ statt. Diese Tagung stand damals unter dem Eindruck, dass „in Deutschland die Nutzung forstgenetischer Ressourcen oder gar deren züchterische Beeinflussung zunehmend mit großer Zurückhaltung betrachtet werden“. War dieser Eindruck zum damaligen Zeitpunkt durchaus zutreffend, so haben sich die Rahmenbedingungen seit dieser Tagung im Herbst 2000 zum Teil drastisch verändert. Bis 2017 hatte sich die Nachfrage nach dem nachwachsenden Rohstoff Holz auf hohem Niveau eingestellt. Die privaten wie öffentlichen Forstbetriebe eilten von einem wirtschaftlichen Erfolg zum nächsten. Bis, ja bis eine Reihe von Stürmen, eine langanhaltende Dürre, eine sich daraus entwickelnde Borkenkäferkalamität, weitere Schadereignisse wie Nassschnee oder Tornados die Zeit der wirtschaftlichen Erfolge in der Forstwirtschaft dramatisch beendete. Die Ursache für diese Veränderung liegt in einem Phänomen, das von vielen verdrängt oder nicht wahrgenommen wurde und wird, das bagatellisiert oder ignoriert wurde und wird. Die Erde erwärmt sich weiter und weiter, die Folgen auch für uns werden immer spürbarer. Im Gegensatz zu den Waldschäden der 1970er und 1980er Jahre wird es aber nicht zu einem kurzfristigen Erfolg durch drastische Maßnahmen wie zur Luftreinhaltung kommen, es ist mit einer weiteren Erwärmung zu rechnen. So stehen wir alle vor der Frage: Wie geht es weiter?

Die Charta Holz 2.0, in deren Rahmen diese Tagung stattfindet, ist noch unter dem Eindruck der wachsenden Nachfrage nach dem Rohstoff Holz in das Leben gerufen worden. Dafür sprechen die Ziele wie die Erhöhung des nutzbaren Waldholzpotenzials und die nachhaltige Rohstoffversorgung. Für den Umgang mit dem Klimawandel sprechen die Schwerpunkte Risikominimierung, Anpassung der Wälder, Krisenmanagement. Die Themen, die diese Tagung anspricht, wie Züchtungsprodukte und deren Verwendung, die Frage von Alternativbaumarten oder die Zukunft der Forstpflanzenzüchtung sind somit hochaktuell.

Ich bin mir bewusst, dass gerade Ihre Vorhaben sehr langfristig und somit in einem von immer kurzfristigerem Denken geprägtem Umfeld hochambitioniert sind. Aber wenn nicht Sie diese Herausforderungen, die vor uns liegen, angehen, wer geht es sonst an? Die Herausforderungen betreffen nicht nur die Frage, wie gehen wir kurzfristig mit den Kalamitätsflächen um. Die Frage stellt sich, wie werden wir mittel- und langfristig stabile und leistungsfähige Wälder aufbauen können, die in der Lage sind, alle Waldfunktionen gleichermaßen zu erfüllen. Die Wälder der Zukunft werden sich von den bisher gewohnten deutlich unterscheiden, ja sie müssen sich unterscheiden, da sich die Standortverhältnisse immer weiter von dem althergebrachten Zustand entfernen werden.

Der Staatsbetrieb Sachsenforst hat ein vitales Interesse, sich diesen Herausforderungen zu stellen. Er besitzt mit dem Kompetenzzentrum für Wald und Forstwirtschaft eine Institution, die sich bereits seit geraumer Zeit mit den Fragestellungen zu den Auswirkungen des Klimawandels auf den Standort und den Wald auseinandersetzt. Das Kompetenzzentrum verfügt über eine ausgezeichnete Infrastruktur, die es ermöglicht, unterschiedlichste Aspekte dieses Themas zu untersuchen, von Fragen des Waldschutzes über Waldbau bis hin zur Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung. Dafür spricht die kontinuierliche und erfolgreiche Einwerbung von Drittmitteln über einen längeren Zeitraum. Es ist mir aber auch bewusst,

dass die Bewältigung der Herausforderungen, die der Klimawandel mit sich bringt, auch ein Überdenken der bisherigen Personalpolitik erfordert. Langfristige Forschungs- und Entwicklungsarbeiten sind nur sehr bedingt mit kurzfristigen Drittmittelprojekten erfolgreich zu bewältigen.

Ich wünsche Ihnen viel Erfolg bei Ihrer anspruchsvollen Tätigkeit und wünsche mir, dass es Ihnen gelingt, die Forstpraxis mit den Antworten und Lösungen zu versorgen, die sie in diesen sich schnell wandelnden Zeiten benötigt.

Vielen Dank

Dresden, 16.-18.09.2019

UTZ HEMPFLING
Staatsbetrieb Sachsenforst, Geschäftsleitung, Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna OT Graupa

Eichenplusbäume und deren Verwendung

ANDRE HARDTKE und WILFRIED STEINER

Zusammenfassung

Im Jahr 2011 fand in Berlin ein Workshop mit dem Titel „Forstpflanzenzüchtung“ statt. Zwei Jahre später wurden die wichtigsten Ergebnisse des Workshops in einer Züchtungsstrategie veröffentlicht. Auf Grundlage dieser Strategie wurde der Verbundkomplex „FitForClim“ und „AdaptForClim“ ins Leben gerufen. Hauptziel des Verbundes ist die Bereitstellung von hochwertigem und anpassungsfähigem Forstvermehrungsgut für den Wald der Zukunft. Dafür sollen mit Hilfe einer Massenauslese Plusbäume identifiziert und Zuchtpopulationen aufgebaut werden.

Für die Plusbaumauswahl wurde zuerst ein Suchschema entwickelt, welches die Suche in Deutschland nach definierten und einheitlichen Anforderungen ermöglicht. Die Plusbaumauswahl erfolgte auf Grundlage von Versuchsauswertungen und in zugelassenen Saatguterntebeständen. Insgesamt zeigen die identifizierten Plusbäume vielfach eine deutliche gesteigerte Wachstumsleistung. Ergänzend zu den Herkunftsgebieten wurden Verwendungszonen definiert, die den Aufbau von Zuchtpopulationen und die Anlage von Samenplantagen ermöglichen. Für die Trauben-Eiche wurden in Deutschland vorerst 3 Verwendungszonen ausgewiesen.

Zukünftige Samenplantagen müssen eine hohe Diversität oder Vielfalt vorweisen. Simulationen an genetischen Daten zeigten, dass bei den Eichen mindestens 60 bis 80 Genotypen auf einer Samenplantage vertreten sein sollten. Für eine uneingeschränkte Reproduktion der einzelnen Genotypen ist deren Austrieb- und Blühverhalten ebenfalls von besonderer Bedeutung. Bisherige phänologische Beobachtungen geben Hinweise, dass Plusbäume aus größeren Regionen auf Samenplantagen zusammengestellt werden können und sich deren Blühzeiträume dennoch weitgehend überlappen.

Schlüsselworte: Suchschema, Plusbaumauswahl, Verwendungszonen, genetische Analysen, Phänologie

Abstract

Oak plus trees and their use

In 2011, a workshop entitled "Forest Plant Breeding" was held in Berlin. Two years later, the most important results of the workshop were published in a breeding strategy. On the basis of this strategy, the network complex "FitForClim" and "AdaptForClim" was created. The main objective of the network is to provide high-quality and adaptable forest reproductive material for the forest of the future. For this purpose, plus trees will be identified by a mass selection and breeding populations will be established.

For the selection of plus trees, a search scheme was developed, which makes it possible to search in Germany according to standardised requirements. The plus tree selection was carried out on the basis of trial evaluations and in approved seed stands. Overall, the identified plus trees often show a significant increase in growth performance. In addition to the areas of origin, breeding zones were defined which allow the establishment of breeding populations and seed orchards. In Germany, 3 breeding zones were initially designated for sessile oak.

Future seed orchards must show a high degree of diversity. Simulations of genetic data showed that at least 60 to 80 genotypes of oak trees should be represented on a seed orchard. For the unrestricted reproduction of the individual genotypes, their flowering behaviour is of particular importance.

Preliminary phenological observations show that plus trees from larger regions can be assembled on a seed orchard and that their flowering periods do not differ significantly.

Keywords: search scheme, plus tree selection, breeding zones, genetic analyses, phenology

Einleitung

In Berlin fand 2011 der vom Thünen-Institut für Forstgenetik und der Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR) organisierte BMELV-Workshop mit dem Titel „Forstpflanzenzüchtung“ statt. Der Workshop gab einen Überblick zum aktuellen Stand und dem enormen Potential der Forstpflanzenzüchtung. Als wichtigstes Züchtungsziel wurde die Bereitstellung von anpassungsfähigem und leistungsfähigem Forstvermehrungsgut genannt, welches im Klimawandel für den Aufbau von neuen stabilen Wäldern benötigt wird.

Im Jahr 2013 veröffentlichten die führenden deutschen Forstpflanzenzüchter auf Grundlage des Workshops eine gemeinsame Strategie zur mittel- und langfristigen Versorgung mit hochwertigem forstlichem Vermehrungsgut durch Züchtung in Deutschland. Das Strategiepapier benennt die Fokusbaumarten (Berg-Ahorn, Douglasie, Eiche, Fichte, Kiefer und Lärche) und die mittelfristigen, notwendigen Züchtungsaktivitäten zum Erreichen des Züchtungszieles. Veröffentlicht wurde die Strategie im Thünen Report 7 (LIESEBACH et al. 2013). Die Strategie zeigt aber auch, dass die genannten Ziele nur erreicht werden, wenn alle Forstpflanzenzüchtung betreibenden Institutionen zusammen arbeiten und eine mittelfristige Finanzierung gesichert ist.

Auf Grundlage dieser mittelfristigen Strategie wurde der Projektkomplex FitForClim und AdaptForClim ins Leben gerufen und eine Förderung beim Waldklimafonds beantragt. Im Jahr 2014 startete das Projekt an dem hauptsächlich die Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, das Thünen-Institut für Forstgenetik, das Bayerische Amt für Waldgenetik und der Staatsbetrieb Sachsenforst beteiligt sind. Das Hauptziel der ersten Projektperiode war eine Massenauslese von Plusbäumen und die anschließende Sicherung in Klonarchiven. In anschließenden Projektperioden sollen mit Hilfe der Klonarchive Samenplantagen aufgebaut werden, die den Markt mit leistungsfähigem und klimastabilem Saatgut versorgen. Erstmals wurden die Arbeiten deutschlandweit harmonisiert. Zusätzlich ermöglichte der Projektverbund, an dem auch weitere Versuchsanstalten und Landesforstbetriebe teilnehmen, die Plusbaumauswahl im gesamten Bundesgebiet.

Im Zuge des Projektes wurden über 900 Eichen-Plusbäume (600 Trauben-Eichen und 300 Stiel-Eichen) ausgewählt. Bei der Suche sollten die bisherigen Züchtungsaktivitäten berücksichtigt werden. Ein weiteres Projektziel bestand darin, Verwendungszonen zu definieren. Mit Hilfe dieser Verwendungszonen sollen Zuchtpopulationen für den Aufbau von Samenplantagen zusammengestellt und die spätere Verwendung des Saatgutes geregelt werden.

Mittlerweile sind die Plusbaumauswahl und die Berechnung von Verwendungszonen abgeschlossen. Aktuell werden die über Pfropfung vermehrten Genotypen in Klonarchiven gesichert und die Anlage von neuen Samenplantagen geplant. Der Beitrag liefert einen Überblick über die Plusbaumsuche, die Leistungsfähigkeit des selektierten Materials und grundsätzliche Fragestellungen, die für die Anlage von neuen Samenplantagen beantwortet werden müssen.

Räumliches Suchschema

Zu Beginn der Plusbaumauswahl stand die Frage, wo und wie man nach den Plusbäumen suchen soll. Auf Projektebene einigte man sich schließlich darauf, für die einzelnen Baumarten detaillierte Suchschemata zu entwickeln. Besonders für die Eiche schien es wichtig zu sein, die Massenauslese nach definierten räumlichen Parametern zu steuern. Dadurch sollte verhindert werden, dass sich die Suche auf

kleinräumige Regionen konzentriert und andere Bereiche gänzlich bei der Plusbaumauswahl vernachlässigt werden.

In einem ersten Schritt wurden Kontingente ermittelt, wie viele Plusbäume in den einzelnen Bundesländern ausgewählt werden sollten. Dafür wurden die Ergebnisse der zweiten Bundeswaldinventur genutzt (BMELV 2002). Die absoluten Waldflächenanteile wurden hierfür in relative Anteile für jedes Land umgerechnet und mit der Gesamtzahl der zu suchenden Plusbäume verrechnet. Anschließend wurde nach einem Parameter gesucht, der die weitere Einteilung der Länderkontingente sinnvoll ermöglicht. Eine Literaturrecherche ergab, dass Eichenherkünfte durchaus unterschiedlich auf Trockenstress reagieren. So zeigten Herkünfte vom südlichen Alpenrand bessere Anpassungen als Herkünfte vom nördlichen (ARENDE et al. 2011). Die Auswertung eines europäischen Herkunftsversuches führt zu dem Ergebnis, dass die Überlebensraten abnehmen, wenn Herkünfte in wärmere und trockenere Regionen verbracht werden (SÁNEZ-ROMERO et al. 2017). Für die weitere Unterteilung der Länderkontingente wäre daher der Wasserhaushalt eine geeignete Größe. Um den Wasserhaushalt vollständig beschreiben zu können wird die klimatische Wasserbilanz (KWB) und die nutzbare Feldkapazität (nFK) der Standorte benötigt. Da einheitliche Flächendaten zur Berechnung des Wasserhaushaltes für Deutschland nicht zur Verfügung standen, wurde eine pragmatische Lösung gewählt. In Anlehnung an FALK et al. 2008 und AUGUSTIN 2016 wurde eine Durchschnittliche nFK der Waldböden von 133 mm angenommen. Somit wurde eine KWB von -133 mm in der Vegetationsperiode als Grenze definiert, die das Bundesgebiet in zwei Zonen mit unterschiedlich hohen Trockenstresswahrscheinlichkeiten aufteilt. Die roten Gebiete stellen hierbei Bereiche mit höherem und die grauen Gebiete mit geringerem Trockenstressrisiko dar (Abbildung 1).

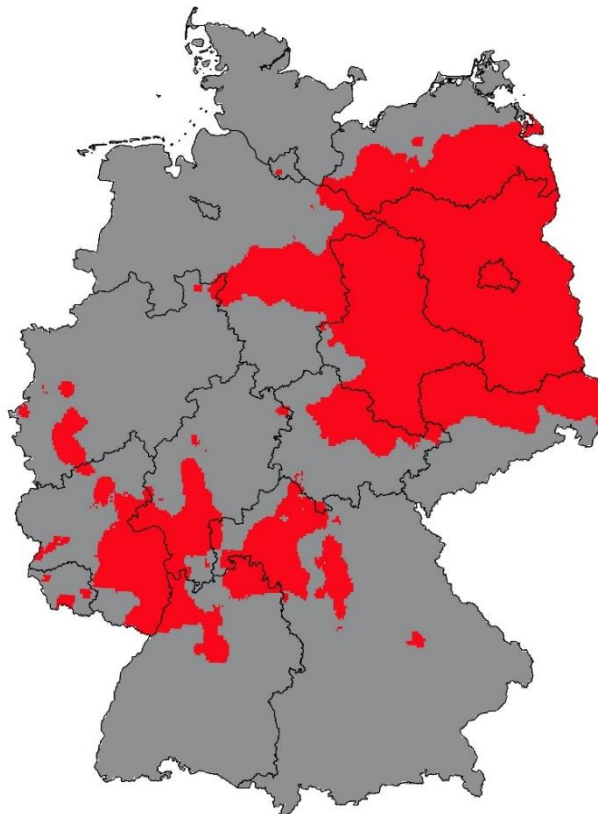


Abbildung 1: Gebieteinteilung nach der Klimatischen Wasserbilanz der Vegetationsperiode, Schwellenwert -133 mm. Rot: Regionen mit erhöhten Trockenstresswahrscheinlichkeiten

Ausgehend von den relativen Flächenanteilen der unterschiedlichen Trockenstresswahrscheinlichkeiten wurden die einzelnen Länderkontingente weiter aufgeteilt. Abschließend sollte der Standort ebenfalls berücksichtigt werden. Dafür wurden die Standortangaben der Waldökologischen Naturräume Deutschlands verwendet (ALDINGER et al. 2005). Das Ergebnis ist ein differenziertes Suchschema, das eine möglichst flächen- und standortrepräsentative Plusbaumsuche in Deutschland ermöglichte.

Plusbaumauswahl

Innerhalb des Projektes wurde für die Eichenplusbaumsuche ein einheitlicher Aufnahmebogen erarbeitet, der die wichtigsten phänotypische Merkmale umfasst. Dabei handelt es sich um Leistungsmerkmale (Baumhöhe und Brusthöhendurchmesser) und Formmerkmale, die zu gewissen Anteilen einer genetischen Kontrolle unterliegen. Zu nennen wären Geradschaftigkeit, Zwieselwuchs, Steilastigkeit, Drehwuchs und Wasserreiserbesatz. Die Plusbäume müssen eine überdurchschnittliche Leistung bei guten bis sehr guten Formen zeigen, wenn sie als Plusbäume ausgewählt werden sollen. Zusätzlich wurde die Vitalität der Plusbäume berücksichtigt. Hierfür wurde im Sommer die Kronenverlichtung (AG KRONENZUSTAND) oder im Winter die Kronenmorphologie (AG DBF/LII-KRONENZUSTAND 2001) angesprochen. Lediglich Bäume mit einer guten Vitalität wurden letztendlich ausgewählt.

Die Stiel- und Trauben-Eichen sind bisher in Deutschland und Europa nur wenig züchterisch bearbeitet worden. Züchtungsaktivitäten beschränkten sich hauptsächlich auf die Plusbaumauswahl zur Anlage von Zuchtpopulationen oder Samenplantagen (KLEINSCHMIT et al. 1975, HUBERT & SAVILL 1999). Dementsprechend kann nur auf einen geringen Züchtungsfortschritt zurückgegriffen werden. Nur wenige Eichen-Versuchsflächen konnten ausgewertet und für die Auswahl von Plusbäumen genutzt werden.

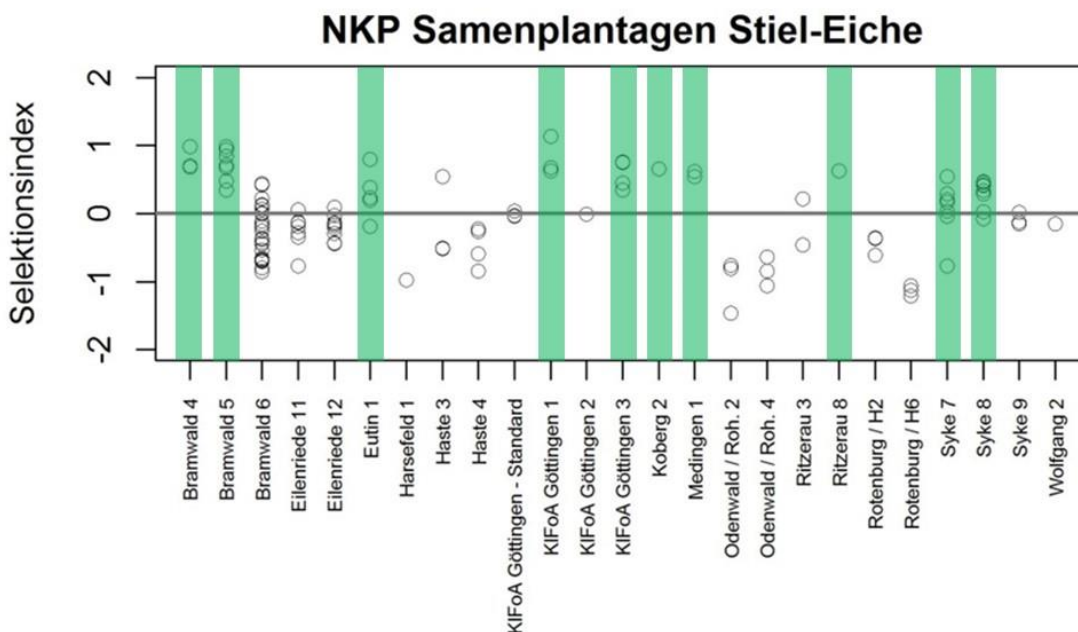


Abbildung 2: Auswertung von Einzelbaumabsaaten einer Stiel-Eichen-Samenplantage. Abgebildet ist der Wert des Selektionsindex. Grün hinterlegt sind die Herkünfte in denen nach Plusbäumen gesucht werden sollte.

Auf Projektebene einigte man sich darauf, mit einem Selektionsindex zu arbeiten, der Leistungs- und Formmerkmale vereint. Mit Hilfe der Z-Transformation wurden die einzelnen Merkmale standardisiert (auf einen Durchschnittswert 0 normiert) und zu festgelegten Anteilen addiert. Bei den Eichenversuchsflächen waren dies zur Hälfte die Wuchshöhe als Leistungsmerkmal und zur anderen Hälfte

die Geradschaftigkeit als Formmerkmal. Das Ergebnis ist ein Indexwert, der bei guten Eigenschaften im positiven und bei schlechten im negativen Bereich liegt. Für jede Versuchsfläche wurde der Selektionsindex berechnet und grafisch abgebildet. Lediglich in Herkünften mit mehrheitlich positiven Werten wurden Plusbäume gesucht. Herkünfte mit durchweg negativen Ergebnissen wurden nicht herangezogen (Abbildung 2).

An der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt existieren mehrere ältere Serien mit Einzelbaumabsaaten von Samenplantagen. Hier konnte nach der statistischen Auswertung direkt auf den Versuchsflächen nach Plusbäumen gesucht werden. Leider konnten nicht mehr alle Flächen sicher rekonstruiert werden, sodass in Summe nur 35 Plusbäume direkt aus Versuchen identifiziert werden konnten. Weitere Versuche, meist Bestandesabsaaten aus jüngeren Jahren konnten zwar mit dem gleichen statistischen Verfahren bewertet werden, jedoch waren die Flächen zu jung für eine direkte Plusbaumauswahl. In diesen Fällen wurden die Elternbestände aufgesucht und dort nach Plusbäumen gesucht. Ein Großteil der identifizierten Plusbäume stammt jedoch aus Saatguterntebeständen oder Beständen mit hervorragenden Formeigenschaften, die mit Hilfe der Forsteinrichtungswerke der Landesforstbetriebe ausgewählt wurden. Insgesamt wurden im Verbundprojekt 1052 Plusbäume identifiziert, die sich wie geplant recht homogen in Deutschland verteilen (Abbildung 3).

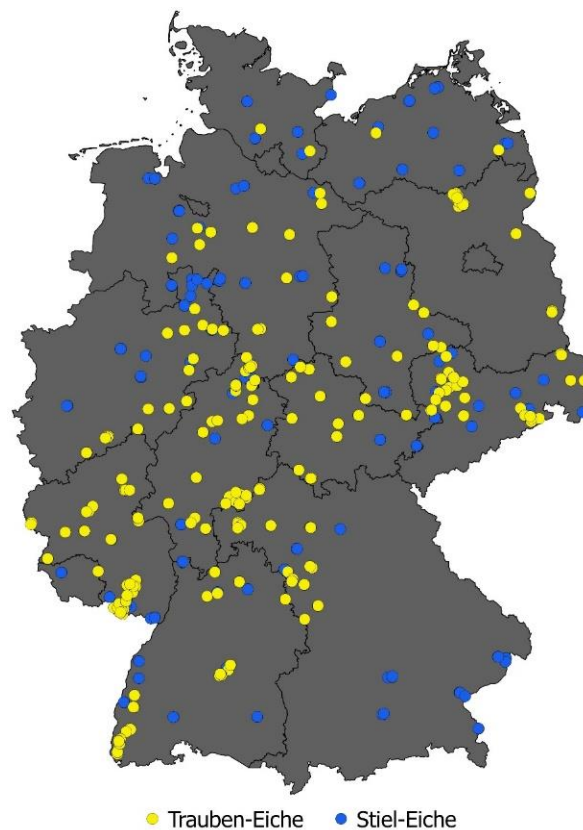


Abbildung 3: Verteilung der Eichen-Plusbäume in Deutschland, die im FitForClim-Projekt gesucht wurden

Die identifizierten Plusbäume zeigen vielfach eine deutliche Überlegenheit gegenüber der ersten Ertragsklasse (Abbildungen 4 und 5). Bemerkenswert sind die selektierten Plusbäume aus Samenplantagen-Absaaten. Diese zeigen immer eine deutlich Überlegenheit gegenüber der ersten Ertragsklasse. Die Auswahl nach mehreren Ertragskomponenten steigert zwar den Gesamtertrag erheblich, jedoch kann bei einzelnen Komponenten die Merkmalsausprägung schlechter ausgeprägt sein

(Hattemer 1993). Daher liegt die Wuchsleistung einiger Bäume unterhalb der ersten Ertragsklasse. Auch können schlechtere Standorte zu geringeren Höhenwuchsleistungen führen.

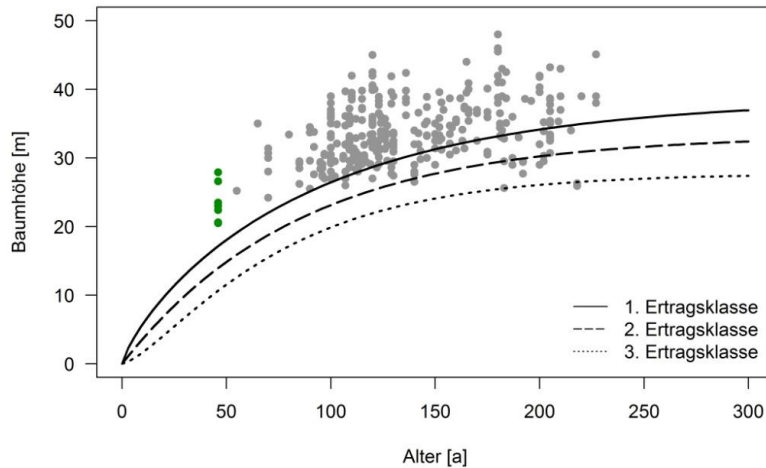


Abbildung 4: Höhenwuchsleistung der Stiel-Eichen-Plusbäume in Relation zu den Ertragstafelwerten. Grundlage für die Höhenkurven sind die Werte für die starke Durchforstung (SCHÖBER 1975). Grün hervorgehoben sind die Plusbäume, die aus Versuchsfeldern selektiert wurden.

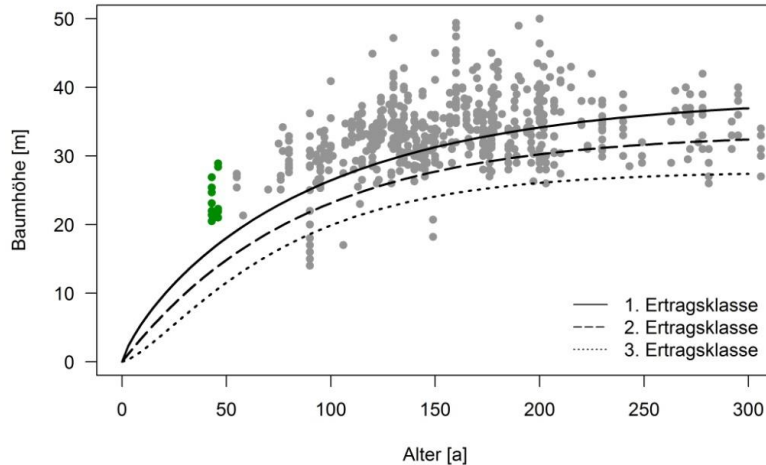


Abbildung 5: Höhenwuchsleistung der Trauben-Eichen Plusbäume in Relation zu den Ertragstafelwerten. Grundlage für die Höhenkurven sind die Werte für die starke Durchforstung (SCHÖBER 1975). Grün hervorgehoben sind die Plusbäume, die aus Versuchsfeldern selektiert wurden.

Verwendungszonen

Zusätzlich sollten Verwendungszonen berechnet werden. Diese sind als Ergänzung zu den bestehenden Herkunftsgebieten zu verstehen und werden für den Aufbau von Zuchtpopulationen benötigt. In folgenden Projektperioden sollen für die ausgewiesenen Zonen Samenplantagen aufgebaut werden, die der Forstpraxis besonders hochwertiges und für die Region klimatisch angepasstes Saatgut liefern sollen.

Für die Berechnung von Verwendungszonen sollten die Daten aus Versuchsserien verwendet werden. Als statistische Methode wurde der Ansatz der Regressionsbäume gewählt, mit deren Hilfe Daten binär in unterschiedliche Gruppen mit möglichst homogenen Eigenschaften aufgeteilt werden können. Der Vorteil des Verfahrens liegt in der recht einfachen Interpretation der Ergebnisse. Zur Berechnung wurde die Statistik Software R (R-CORE TEAM 2018) und das Packet `r-part` verwendet (THERNEAU & ATKINSON 2018). Genutzt wurden Höhendaten des Versuchs und monatliche sowie aggregierte Klimadaten aus der Climate EU Datenbank (ClimateEU v4.63). Diese Methode stellt jedoch gewissen Anforderungen an die Datengrundlage. Entscheidendes Kriterium war die Prüfgliedanzahl und deren Verteilung. Fast alle Versuchsserien erwiesen sich als ungeeignet, weil die Serien nur wenige Prüfglieder umfassten, oder diese nur kleinräumig verteilt sind. Letztendlich erwies sich nur eine Fläche aus dem Zuständigkeitsbereich der NW-FVA auf Grund ihrer Prüfgliedanzahl (50 Herkunftse Trauben-Eiche) und deren Verteilung in Deutschland als brauchbar.

Das Modell errechnete als wichtigste Einflussgröße auf die Höhenwuchsleistung die Variable Niederschlag im Juli am Herkunftsort des Prüfglieds. Bei einem Wert von 73,5 mm Niederschlag im Juli teilt das Modell die Prüfglieder in zwei Gruppen mit einer mittleren Wuchshöhe von 16,3 m (Prüfgliedgruppe 1, Juliniederschlag <73,5 mm) und 18,3 m (Prüfgliedgruppe 2, Juliniederschlag > 73,5 mm). Damit wird Deutschland in zwei Zonen unterteilt, eine mit weniger und eine mit mehr Niederschlag (siehe Abbildung 6). Man erkennt klar, dass Herkunftse aus trockeneren Regionen auf der Versuchsfläche (84 mm Niederschlag im Juli) eine bessere Höhenwuchsleistung zeigen als Herkunftse von feuchteren Regionen (siehe Abbildung 6). Anscheinend nutzen Bäume der trockeneren Herkunftse das Wasserangebot am Versuchsflächenstandort effizienter. Umgekehrt bedeutet das aber auch, dass Bäume feuchterer Herkunftse in trockenen Regionen weniger gut angepasst sind.

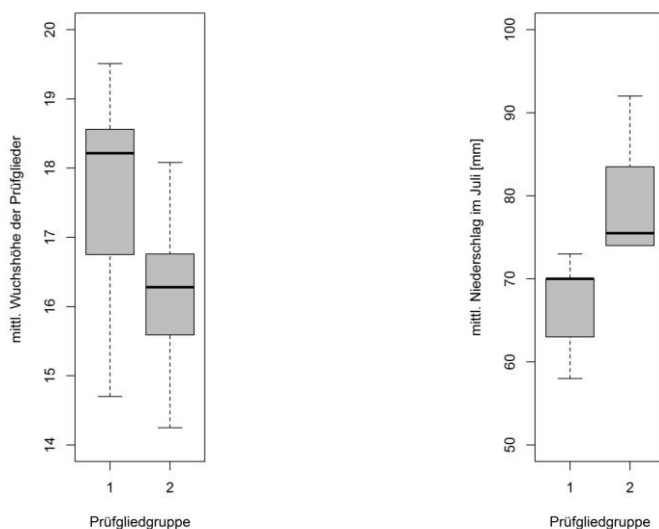


Abbildung 6: Links: mittlere Wuchshöhen der Prüfglieder getrennt nach Eingruppierung des R-Part Modells. Rechts: Mittlere Niederschläge der Prüfglieder am Herkunftsort getrennt nach Eingruppierung des R-Part Modells. Prüfgliedgruppe 1 = Herkunftse von trockeneren Gebieten, Prüfgliedgruppe 2 = Herkunftse von feuchteren Gebieten.

Aufbauend auf den Ergebnissen wurde Deutschland primär in 2 Zonen unterteilt (trockenere und feuchtere Gebiete). Aus administrativen Gründen wurden die trockenen Regionen in einen westlichen und östlichen Bereich unterteilt. Schlussendlich wurden für die Trauben-Eiche in Deutschland 3 Verwendungszonen ausgewiesen. Die erste umfasst die feuchteren Regionen der Mittelgebirge, die zweite

die trockeneren Regionen in Ost-Deutschland und die dritte die trockeneren Regionen in West-Deutschland (Abbildung 7). Zusätzlich wurde ein Übergangsbereich von $\pm 5\%$ des Grenzwertes ausgewiesen. Innerhalb des Übergangsbereiches kann die Verwendung von Material beider Verwendungszonen empfohlen werden. Für den nordwestlichen und südlichen Raum wurden vorerst keine Verwendungszonen ausgewiesen, weil es sich um klassische Stiel-Eichen Standorte handelt, oder waldbaulich die Trauben-Eiche keine große Rolle spielt.

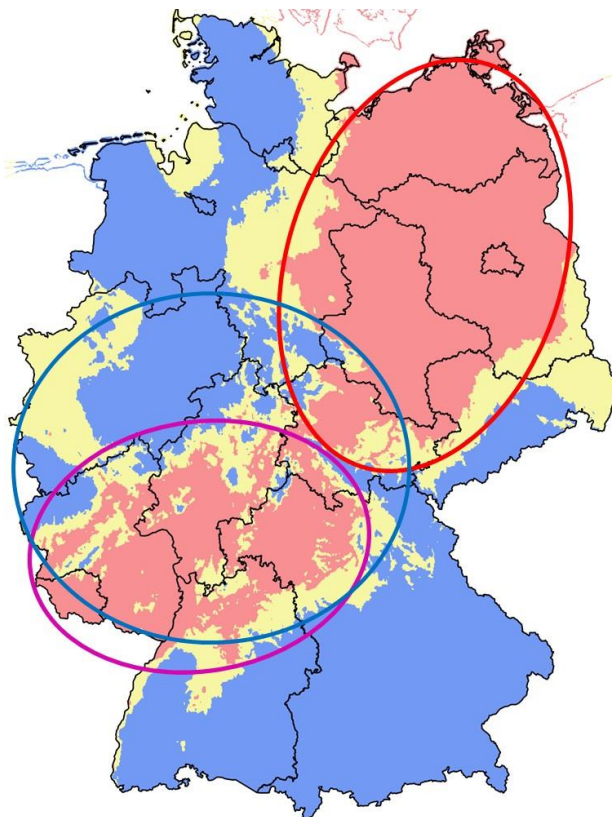


Abbildung 7: Ausgewiesene Verwendungszonen in Deutschland. Grundlage ist das R-Part Model. Der rote Bereich stellt die Regionen mit einem Niederschlag von weniger als 69,8 mm und die blauen Bereiche Regionen mit mehr als 77,3 mm dar. Zusätzlich ist ein Pufferbereich von 69,9 bis 77,2 mm Niederschlag (gelb) ausgewiesen. Blaue Umrandung = Verwendungszone feuchtere Regionen; pinke Umrandung = Verwendungszone trockenere Regionen West-Deutschland; rote Umrandung = Verwendungszone trockenere Regionen Ost-Deutschland.

Genetische Analysen

Alle identifizierten Plusbäume wurden ebenfalls genetisch charakterisiert. Dafür wurden 12 Mikrosatelliten genutzt, die sich in der Vergangenheit besonders für die Artunterscheidung bewährt haben: QrZAG65, QrZAG87, QrZAG7, QrZAG5b, QrZAG20, QrZAG104, QrZAG15, QrZAG110, QrZAG11, QrZAG96, QrZAG112 und MsQ13 (LEPAIS et al. 2006, STEINKELLNER et al. 1997, DOW et al. 1995). Die Bereitstellung der genetischen Daten erfolgte durch das Bayerische Amt für Waldgenetik (AWG).

Grundsätzlich wurden die Daten für eine exakte Artunterscheidung benötigt. Die Aufnahme der Plusbäume erfolgte auch in den Wintermonaten, in der eine Artansprache am Laub schlecht möglich war. Das führte dazu, dass einige Bäume bei der Kartierung als falsche Art angesprochen wurden. So konnten insgesamt 69 Bäume durch genetische Analysen der jeweils anderen Art zugeordnet werden. Weitere 16

Individuen zeigten triploide Strukturen und sind damit für die spätere Anlage von Samenplantagen ungeeignet.

Darüber hinaus können die genetischen Daten für konzeptionelle Überlegungen zur Anlage von Samenplantagen genutzt werden. Im Vordergrund stand hierbei die Frage, wie viele Genotypen auf einer Samenplantage ausgepflanzt werden müssen, damit das Saatgut nicht nur leistungsfähig, sondern auch nachhaltig divers ist. Mit Hilfe der Plusbaumdaten wurde der Zusammenhang zwischen der Anzahl der Genotypen und populationsgenetischen Variationsmaßen Vielfalt und Diversität untersucht. Verwendet wurden hierfür die genetische Vielfalt und die Diversität nach GREGORIUS (1978). In Simulationen wurden für verschiedene Anzahlen von Genotypen (Abstufung in 20er Schritten) jeweils 100 zufällige Stichproben aus der Grundgesamtheit aller Plusbäume gezogen und die genannten Parameter berechnet.

In den Abbildungen 8 und 9 sind die Ergebnisse der Simulationen für die genetische Diversität dargestellt. Bei der Stiel-Eiche zeigt sich, dass sich der Median von 40 auf 60 Individuen noch einmal deutlich verschiebt. Danach bleibt er abgesehen von geringen Schwankungen auf einem Niveau (siehe Abbildung 8). Ein t-Test zeigte ebenfalls, dass sich ab 60 Genotypen die Verteilungen nicht mehr signifikant voneinander unterscheiden. Bei der Trauben-Eiche zeigte sich ähnliches, jedoch erst ab einer Individuenzahl von 80 (Abbildung 9). Der t-Test zeigte ab diesen Punkt ebenfalls keine signifikanten Unterschiede zwischen den Verteilungen. Nach dieser Auswertung sollten bei den Eichen mindestens 60 bis 80 Genotypen für eine hohe Diversität auf einer Samenplantage vertreten sein. Sollen zu einem späteren Zeitpunkt, aufbauend auf Ergebnissen einer Nachkommenschaftsprüfung, die schlechtesten Vererber entfernt werden, sollten anfänglich höhere Genotypenzahlen vorgesehen werden. Daher wird empfohlen, neue Eichensamenplantagen mit ca. 100 Genotypen zu begründen.

Bei der genetischen Vielfalt verhält es sich anders. Hier können durchweg höhere Vielfaltswerte durch die Hinzunahme weiterer Genotypen erzielt werden (Abbildungen 10 und 11). Auch der t-Test zeigt selbst bei hohen Individuenzahlen signifikante Unterschiede zwischen den Verteilungen. Jedoch werden bei einer vorgesehenen Plantagengröße von 100 Genotypen ca. 75% der überhaupt möglichen Allele erfasst. Somit weisen Plantagen in der angestrebten Größe eine ebenfalls hohe Vielfalt auf.

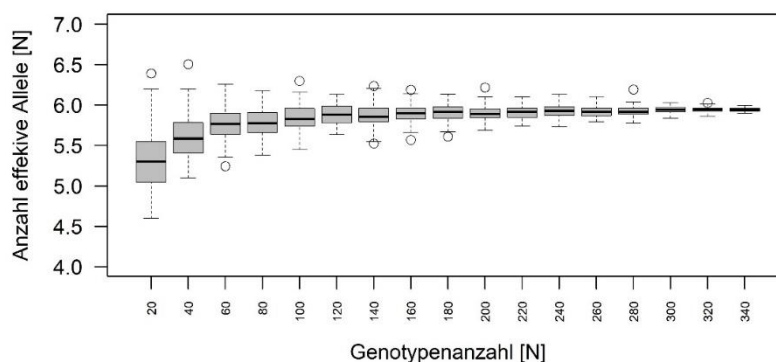


Abbildung 8: Genetische Diversität der Stiel-Eichen-Plusbäume in Abhängigkeit von der Genotypenzahl. Für die Berechnung eines Boxplots wurden jeweils 100 zufällig gezogene Teilpopulationen verwendet.

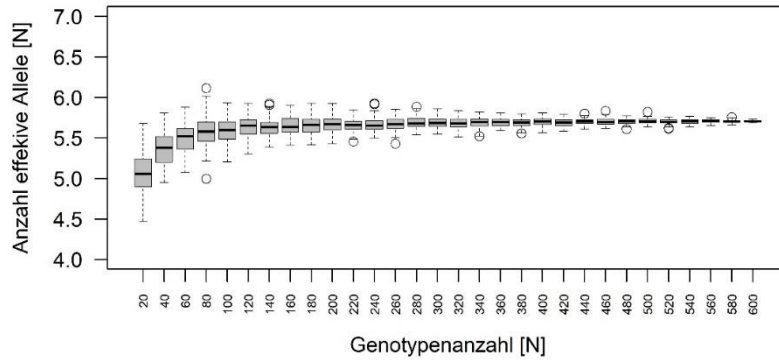


Abbildung 9: Genetische Diversität der Trauben-Eichen Plusbäume in Abhängigkeit von der zu Grunde liegenden Genotypenzahl. Für die Berechnung eines Boxplots wurden jeweils 100 zufällig gezogene Teilpopulationen verwendet.

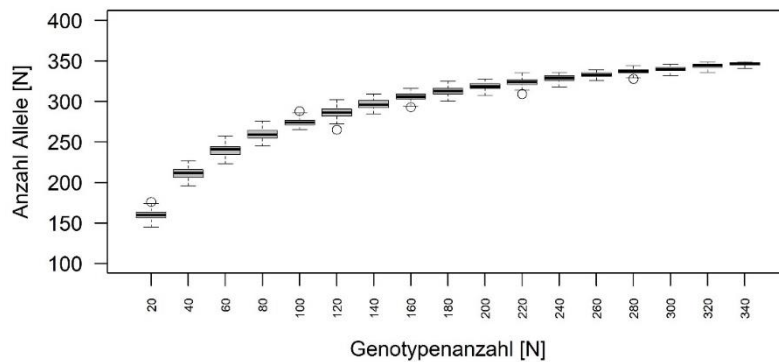


Abbildung 10: Genetische Vielfalt der Stiel-Eichen-Plusbäume in Abhängigkeit von der Genotypenzahl. Für die Berechnung eines Boxplots wurden jeweils 100 zufällig gezogene Teilpopulationen verwendet.

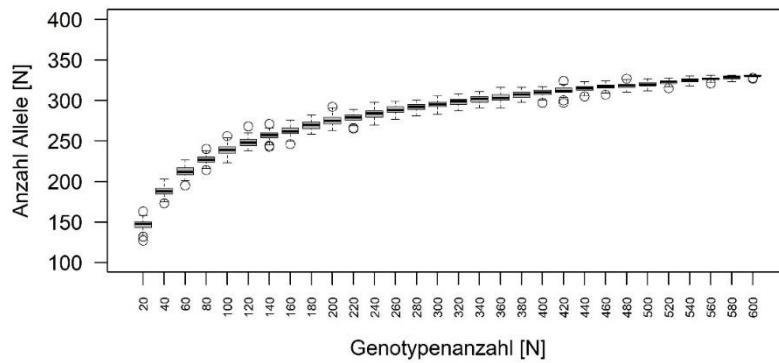


Abbildung 11: Genetische Vielfalt der Trauben-Eichen Plusbäume in Abhängigkeit von der zu Grunde liegenden Genotypenzahl. Für die Berechnung eines Boxplots wurden jeweils 100 zufällig gezogene Teilpopulationen verwendet.

Phänologische Aufnahmen

Für die Anlage von Samenplantagen ist neben der genetischen Zusammensetzung das Blühverhalten der Genotypen von besonderem Interesse. Auf den Plantagen werden möglichst Panmixie nahe Reproduktionsverhältnisse angestrebt. Diese ist nur erreichbar, wenn sich die Blühzeiten weitestgehend überschneiden und keine Teilkollektive mit disjunkten Blühintervallen bestehen.

In den Knospen sind die Blatt- und Blütenanlagen für die kommende Vegetationsperiode angelegt. Generell laufen Blütenentwicklung und Blattentfaltung synchron ab (KRAHL-URBAN 1959) und werden zeitlich von Erb- und Umweltfaktoren bestimmt (CHESNOIU et al. 2009). Die Blüte findet jedoch vor der vollständigen Blattentfaltung statt (ROHMEDEK & SCHÖNBACH 1959). Durch die Beobachtung des Austriebsverhaltens einzelner Genotypen können daher auch Rückschlüsse über die Blühzeiten gezogen werden.

Im Pflanzkamp der NW-FVA standen Pflanzlinge von 445 Eichengentypen (197 Stiel-Eichen und 248 Trauben-Eichen). Im Zeitraum vom 08.04.2019 bis zum 27.05.2019 wurde an 15 Terminen der Austrieb der Knospen bonitiert. Dafür wurde auf einen Boniturschlüssel zurückgegriffen, der sich für die Aufnahme an jungen Pflanzen bewährt hat (TREES4FUTURE 2015). Dieser unterscheidet den Austrieb in 5 Stufen: Knospe geschlossen, Knospe geschwollen, Knospe geöffnet, Blätter entfalten sich und Blätter vollständig entfaltet. Die Bonitur wurde an bis zu 4 Pflanzen eines Genotyps durchgeführt und ein Mittelwert je Genotyp berechnet. Für die deskriptiven Auswertungen wurden Klimadaten aus der ClimateEU Datenbank genutzt.

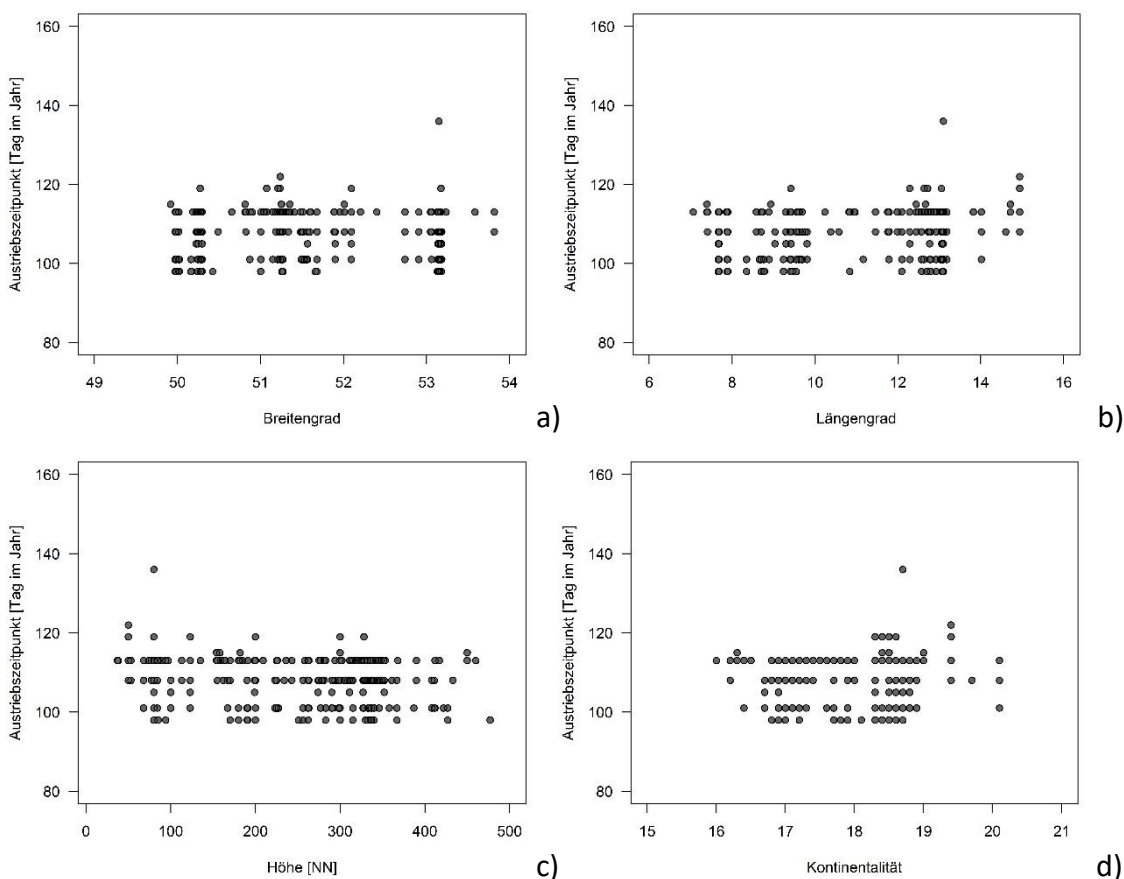


Abbildung 12: Zusammenhang zwischen dem Austriebstermin (Stadium der Knospenschwellung) und ausgewählten Lage- und Klimaparametern der Plusbaumherkünfte der Trauben-Eichen.

Die Auswertungen zeigen, dass bei den vorhandenen Eichenherkünften keine Zusammenhänge zwischen den Austriebszeitpunkt (Knospe angeschwollen) und ausgewählten Lage- und Klimaparametern bestehen (Abbildung 12). Genotypen einer Samenplantage können daher auch großräumig zusammengestellt werden.

Auf Grundlage der genetischen Untersuchungen wurden bereits Individuen für die Anlage von Samenplantagen ausgesucht. Davon sind einige Genotypen im Kamp der NW-FVA vertreten. Eine Gegenüberstellung der Austriebszeiträume (Knospe geschwollen bis Laub vollständig entfaltet) der Genotypen zeigt eine große Übereinstimmung (Abbildung 13). Es ist zwar zu erkennen, dass nicht zwischen allen Genotypen gleiche Paarungswahrscheinlichkeiten bestehen, aber es können auch keine Teilkollektive mit völlig disjunkten Austriebszeiträumen identifiziert werden. Selbst sehr frühe oder späte Genotypen haben die Möglichkeit, sich mit weiteren Genotypen an der Reproduktion auf der Samenplantage zu beteiligen.

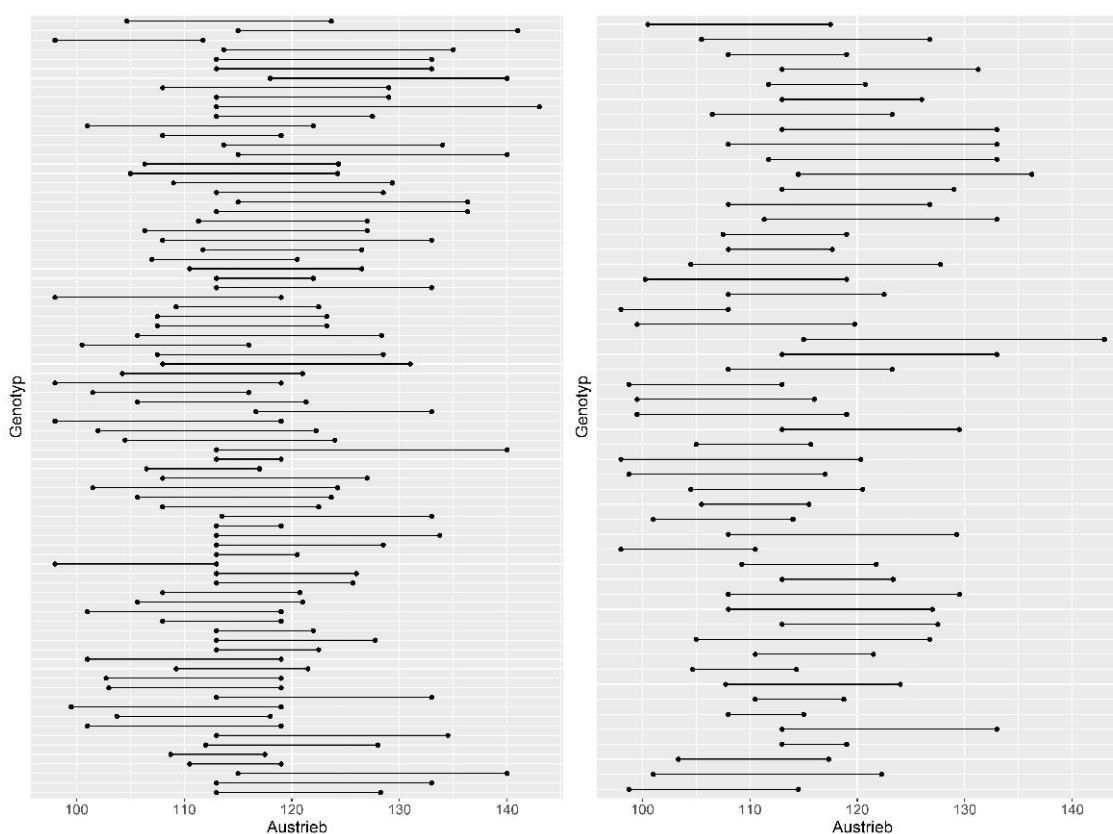


Abbildung 13: Zeiträume des Austriebs der für Samenplantagen vorgesehenen Genotypen. Abgebildet ist der Zeitraum von der geschwollenen Knospe bis zur vollständigen Blattentfaltung abhängig vom Tag im Jahr. Rechts: Genotypen für die Samenplantage Trauben-Eiche trockenere Regionen West-Deutschland, links: Genotypen für die Samenplantage Trauben-Eiche trockenere Regionen Ost-Deutschland.

Aktueller Stand und Ausblick

Aktuell werden die Genotypen mit zu wenigen Wiederholungen nachgepfropft und Klonarchive zu Sicherung des Materials angelegt. Die erzielten Ergebnisse helfen unter anderem, zukünftige Samenplantagen optimal zu designen und mit den geeigneten Genotypen zu bestücken. In kommenden Projektperioden sollen durch Sekundärpfropfungen von Pflanzen aus den Klonarchiven heraus neue

Samenplantagen begründet werden, die dann der Forstpraxis das dringend benötigte leistungsfähige und klimastabilere Saatgut zur Verfügung stellen.

Danksagung

Die Verbundprojekte "FitForClim" und "AdaptForClim" wurden über den Waldklimafonds vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft und dem Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit aufgrund eines Beschlusses des deutschen Bundestages gefördert (Förderkennzeichen: 28WB400701).

Literatur

- AG DBF/LII-KRONENZUSTAND (2001): Kronenstrukturschlüssel für Alteichen. Arbeitsgemeinschaft Dauerbeobachtungsflächen / Levell- Kronenzustand des Bundes und der Länder.
- AG KRONENZUSTAND (2007): Waldbäume – Bildserie zur Einschätzung von Kronenverlichtung bei Waldbäumen. Arbeitsgemeinschaft Kronenzustand des Bundes und der Länder.
- ALDINGER E, ASCHKE N, AYDIN CT, BAUMGART A, BURSE K, ERHARD M, FENKNER-GIES U, FRITZ E, GAUER J, GAUGER T, GRÜLL M, HOCKE R, HOLZHAUSEN M, KATZSCHNER W, KÖLLING C, LEMKE E, MICHIELS HG, MILBERT G, SCHMIDT GA, SCHMIDT W, STÜBER V, ULLRICH T, WIEBEL M, WOLFF B (2005) Waldökologische Naturräume Deutschlands – Forstliche Wuchsgebiete und Wuchsbezirke. Mitteilungen des Vereins für Forstliche Standortskunde und Forstpflanzenzüchtung. Nr. 43.
- AREND M, KUSTER T, GÜNTHARDT-GEORG M S, DOBBERTIN M (2011) Provenance-specific growth response to drought and air warming in three European oak species (*Quercus robur*, *Q. petraea* and *Q. pubescens*)
- AUGUSTIN S, BRAUN S (2016) Der Wasserhaushalt der Waldböden. Züricher Wald, 4: 16-20.
- BMELV (2002): Die zweite Bundeswaldinventur – BWI²-Der Inventurbericht.
- CHESNOIU E, SOFLETEA N, CURTU A, TOADER A, RADU R, ENESCU M (2009) Bud burst and flowering phenology in a mixed oak forest from Eastern Romania. *Annals of Forest Research*, 52(1): 199-206.
- DOW BD, ASHLEY MV, HOWE HF (1995) Characterization of highly variable (GA/CT) n microsatellites in the bur oak, *Quercus macrocarpa*. *Theoretical and Applied Genetics*, 91(1): 137-141.
- FALK W, DIETZ E, GRÜNERT S, SCHULZE B, KÖLLING C (2008) Wo hat die Fichte genügend Wasser? *LWF aktuell*, 66: 21-25.
- GREGORIUS H-R (1978) The concept of genetic diversity and its formal relationship to heterozygosity and genetic distance. *Math. Biosciences* 41: 253-271.
- HATTEMER HH, BERGMANN F, ZIEHE M (1993) Einführung in die Genetik für Studierende der Forstwissenschaft. J. D. Sauerländer's Verlag. Frankfurt am Main.
- HUBERT J, SAVILL P (1999) Improving oak: The first steps towards a breeding programme. *Quarterly Journal of Forestry* 93 (2): 117-125.
- KLEINSCHMIT J, WITTE R, SAUER A (1975) Möglichkeiten der züchterischen Verbesserung von Stiel- und Traubeneichen (*Quercus robur* und *Quercus petraea*). *Inventur der Eichen-Samenplantagen. Allgemeine Forst- und Jagdzeitung* 146 (9): 157-166.
- KRAHL-URBAN J (1959) Die Eichen: Forstliche Monographie der Traubeneiche und Stieleiche. Verlag Paul Parey. Hamburg und Berlin.
- LEPAIS O, LEGER V, GERBER S (2006) Short note: high throughput microsatellite genotyping in oak species. *Silvae Genetica* 55 (4-5): 238.
- R CORE TEAM (2018): R: A language and environment for statistical computing, Austria.
- ROHMEDER E, SCHÖNBACH H (1959) Genetik und Züchtung der Waldbäume. Verlag Paul Parey. Hamburg und Berlin.
- SÁNEZ-ROMERO C, LAMY JB, DUCOUSSO A, MUSCH B, EHRENMANN F, DELZON S, CAVERS S, CHALUPKA W, DAGDAS S, HANSEN JK, LEE SJ, LIESEBACH M, RAU HM, PSOMAS A, SCHNECK V, STEINER W, ZIMMERMANN NE, KREMER A (2017) Adaptive and plastic responses of *Quercus petraea* populations to climate across Europe. *Global Change Biology* 23 (7): 2831-2847.
- SCHOBER R (1975) Ertragstabellen wichtiger Baumarten. J. D-Sauerländer's Verlag. Frankfurt a. M.

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.

THERNEAU R, ATKINSON B (2018) Recursive Partitioning and regression Trees, R package version 4.1-15, <https://CRAN.R-project/package=rpart>.

TREES4FUTURE (2015): TREES4FUTURE – Designing Trees for the Future, D2.1 – Common protocols and reference standards for selected traits and species.
http://www.trees4future.eu/uploads/t4fdeliverables/T4F_D21_submitted.pdf (2019-12-20)

Autoren

ANDRÉ HARDTKE, Dr. WILFRIED STEINER

Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA), Abteilung C Waldgenressourcen Prof.-Oelkers-Str. 6,
34346 Hann. Münden
andre.hardtke@nw-fva.de

Untersuchungen zur Klimaanpassung südosteuropäischer Herkünfte der Trauben-Eiche (*Quercus petraea*) in Brandenburg - Eine erste Auswertung

RALF KÄTZEL, SONJA LÖFFLER und FRANK BECKER

Zusammenfassung

Im Bundesland Brandenburg wurden 2015 vier Herkunftsversuche mit ukrainischen, bulgarischen, rumänischen, griechischen, österreichischen und rheinland-pfälzischen Herkünften sowie heimischen Trauben-Eichen eingerichtet. Anhand diverser Merkmale (Wachstum, Qualität, Phänologie, Vitalität, Frosthärte, Trockenstresstoleranz) soll untersucht werden, ob südosteuropäische Herkünfte eine Alternative zu heimischen Herkünften unter den Bedingungen des Klimawandels darstellen.

Eine erste Auswertung nach vierjähriger Versuchsdauer zeigt (1) große herkunftsspezifische Unterschiede bezüglich der untersuchten Merkmale und (2) große individuelle Unterschiede innerhalb einer Herkunft. Bislang überzeugt keine Herkunft in allen untersuchten Merkmalen. Aufgrund des frühen Austriebs sind die südosteuropäischen Herkünfte vor allem spätfrostgefährdet, was gleichzeitig den Höhenzuwachs mindert.

Die biochemische Phenotypisierung erfolgte auf der Grundlage von Biomarkermustern, die aus Blattparametern (Blatttrockenmasse, Blattfläche, Gehalte an Blattwasser, Pigmente (Chlorophyll und Carotinoide), Stärke, Proteinen, Phenolen, Verhältnisse von Chlorophyll/Carotinoide, Kohlenhydrate/Stärke) erstellt wurden. Die Anteile der Biomarkermuster, die unterschiedliche Vitalitätsgruppen repräsentieren, unterschieden sich bei Eichen aus Rumänien, Bulgarien und Griechenland deutlich von allen anderen Herkünften.

Die griechischen Eichen aus Mittelgebirgshöhenlagen, bei denen es sich teilweise um Hybriden zwischen Trauben- und Flaum-Eichen handelt, zeigen das beste Entwicklungspotenzial, da sie in allen Parametern mittlere Positionen einnehmen.

Schlüsselworte: Trauben-Eiche, Herkunftsversuch, Phenotypisierung, Phänologie, Biomarker, Herkunftstransfer

Abstract

Studies on climate adaptation of southeast European provenances of the sessile oak (*Quercus petraea*) in Brandenburg - first results

The selection of tree provenances with superior adaptability to conditions of a changing climate is crucial to ensure the resilience of future forests. To aid this selection process we have established four provenance trials using sessile oaks from Ukrainian, Bulgarian, Romanian, Greek, Austrian and two German (Rhineland-Palatinate and Brandenburg) origins in the federal state of Brandenburg. Using a diverse set of physiological characteristics (growth, quality, phenology, vitality, cold hardiness, tolerance against drought stress) we evaluated, if Southeast European provenances represent viable alternatives to domestic provenances under conditions of climate change.

The biochemical phenotyping was based on biomarker patterns which comprised characteristics of the leaves, including their dry weight, area, contents of water, pigments (chlorophyll, carotenoids), starch,

proteins, and phenols, and the content ratio of chlorophyll/carotenoids and carbohydrates/starch. A first interim analysis after 4 years of the trials revealed a large variability of the assessed parameters both (1) *between* and (2) *within* provenances. The fraction of biomarker patterns that represent different vitality groups were clearly distinct among oaks from Romania, Bulgaria and Greece compared to all other investigated provenances. Non of the provenances appeared unequivocally superior across *all* parameters. Due to their early shoot, the Southeast European provenances were particularly vulnerable to late frost, which reduced their height increment.

The Greek oaks from low mountain ranges – which partly include hybrids between sessile and downy oaks – showed the overall best developmental potential, achieving medium ranks across all parameters.

Keywords: sessile oak, provenance trial, phenotyping, phenology, biomarker, assisted migration

Hintergrund und Versuchsziele

Seit fast drei Jahrzehnten ist der Waldumbau in Brandenburg mit großen Flächenanteilen auf die heimische Trauben-Eiche fokussiert. Angesichts erhöhter Mortalitätsraten und verminderter Vitalitätszustände der Eiche insbesondere nach Trockenjahren drängte sich u. a. die Frage auf, ob südosteuropäische Trauben-Eichen-Provenienzen zukünftig einen risikoärmeren Eichenanbau ermöglichen und die lokalen Herkünfte ersetzen könnten.

Bei Betrachtung des gesamten Verbreitungsgebietes der Trauben-Eiche wird deutlich, dass sich die Baumart im Laufe ihrer evolutiven Entwicklung Habitats erschließen konnte, die seit langem durch niederschlagsarme oder winterwarme Wuchsbedingungen gekennzeichnet sind. Es ist daher davon auszugehen, dass sich in diesen Regionen Eichenpopulationen mit einer hohen Trockenstresstoleranz entwickelt haben. Ob allerdings südosteuropäische Herkünfte eine potenzielle Saatgutquelle für künftige brandenburgische Eichenbestände werden könnten, bedarf der kritischen experimentellen Überprüfung, zumal Witterungsextreme nicht nur als Dürrephasen auftreten. Die (Spät-)Frosttoleranz und eine abweichende Fotoperiode sind weitere Anpassungskriterien, die über eine Anbauempfehlung entscheiden. Inwiefern fremdländische Trauben-Eichen-Herkünfte auch hinsichtlich der Frosttoleranz und Austriebsphänologie, der Wuchsleistung und der Pflanzenqualität überzeugen können, wird auf vier Herkunftversuchsflächen in Brandenburg untersucht.

Die im Jahre 2015 eingerichteten Herkunftsversuche sind auf einen Vergleich von ukrainischen, bulgarischen, rumänischen, griechischen, österreichischen und rheinland-pfälzischen Herkünften und heimischen, brandenburgischen Trauben-Eichen ausgerichtet. Folgende Untersuchungsziele stehen im Vordergrund:

- Bewertung des adaptiven Potenzials verschiedener Trauben-Eichen-Herkünfte unter den Standortbedingungen Brandenburgs zur Ableitung von Herkunftsempfehlungen,
- Erfassung der Variation zwischen und innerhalb der Herkünfte bezüglich Wachstum, Qualität, Phänologie, Vitalität, Frosthärte, Trockenstresstoleranz, Schaderregerbefall,
- Vergleich der Untersuchungsmerkmale zwischen vier unterschiedlichen Standorten Brandenburgs, einschließlich unterschiedlicher Überschirmung zur Überprüfung der Genotyp-Umwelt-Interaktion,
- Bewertung der Risiken bei der Verwendung fremder Eichenherkünfte.

Generell stellen Herkunftsversuche eine besondere Bewährungsprobe für die angebauten Provenienzen dar: zum einen sollen die Pflanzen ihre genetisch erworbenen Vorteile aus ihren Ursprungsgebieten (z.B. Trockenstress- und Hitzetoleranz) mitbringen und sich gleichzeitig an die neuen Anbauggebiete (z.B. Frostereignisse, kürzere Vegetationszeit) exzellent anpassen. Im Ergebnis der Untersuchungen wäre jene Herkunft am besten geeignet, die unter künftigen Wuchsbedingungen extreme klimatische Perioden überleben kann und die meisten forstlich wünschenswerten Merkmale vereinigt.

Herkünfte

Unter den verwendeten acht Provenienzen stammen drei Herkünfte aus Deutschland: Saatgut aus Rheinland-Pfalz (RP, Herkunftsgebiet 81808: Pfälzer Wald) und Saatgut von zwei unterschiedlichen Standorten Brandenburgs (BB I und BB II, mit gleichem Herkunftsgebiet 81804: Ostdeutsches Tiefland) (BLE, 2017). Weiter wurde Saatgut von fünf Herkünften außerhalb Deutschlands verwendet: Österreich (A), Ukraine (UA), Rumänien (RO), Bulgarien (BG) und Griechenland (GR). Bei dem Saatgut handelte es sich überwiegend um einzelbaumweise Absaaten von 20-30 Mutterbäumen je Herkunft (Tabelle 1). Nach mündlicher Mitteilung der österreichischen Kollegen stammt die österreichische Herkunft ursprünglich aus Kroatien (STROHSCHNEIDER mdl. 2019).

Tabelle 1: Übersicht der klimatischen Bedingungen der ausgewählten Herkünfte an den Ursprungsorten

Herkunft	Land	Koordinaten	Ortsnähe	Jahresniederschlag (MW) [mm/Jahr]	Jahres- temperatur (MW) [°C/Jahr]	Höhe [m ü NN]
Brandenburg I	D	N52.477032;E14.242066	Heinersdorf	551	8,6	85
Brandenburg II	D	N52.893017;E13.884367	Chorin	555	8,4	55
Rheinland-Pfalz	D	N41.768551;E23.103451	Johanniskreuz	670	8,4	480
Österreich	A	N39.424767;E22.976067	Göllersdorf	535	9,2	254
Ukraine	UA	N48.528950;E16.161917	Kodyma	450	7,9	288
Rumänien	RO	N49.335384;E07.826517	Lasi	517	9,6	220
Bulgarien	BG	N47.074451;E27.700533	Gorna Breznitsa	533	14	750
Griechenland	GR	N48.097466;E29.114500	Florina	623	11	824

Pflanzenanzucht und Versuchsanlage

Die Auswahl der Saatguterntebestände, die Saatgutgewinnung, Pflanzenanzucht und Versuchsflächenanlage sowie die Beschreibung der standörtlichen und meteorologischen Bedingungen wird unter KÄTZEL et al. (2019) detailliert vorgestellt.

Die aus den beiden Anzuchtkampagnen der Jahre 2011 und 2012/13 hervorgegangenen Eichenpflanzen wurden im Frühjahr 2015 (Ausnahme Brandenburg II im Herbst 2015) auf vier Versuchsflächen Neuthymen, Rarangsee, Hubertusstock und Tannenwald ausgepflanzt (Abbildung 1). Die bedeutendste Versuchsfläche wurde im Forstrevier Neuthymen auf einem ehemaligen Wildacker mit mittlerer bis kräftiger Nährkraft (Bergrader Sand-Braunerde (BgS), Klimastufe f) mit allen acht Herkünften und 5.092 Pflanzen angelegt. Die Pflanzung auf der 8,1 ha großen Freifläche erfolgte in einem 3 x 3 m Verband, in dessen Zwischenräume Schwarz-Erlen ausgebracht wurden. Je nach vorhandener Pflanzenanzahl/Herkunft wurden bis zu drei Parzellen im Blockversuch angelegt (Abbildung 2). Gleichzeitig konnten mit den individuenreichen Herkünften Brandenburg II, Rumänien und Bulgarien drei weitere Versuchsflächen (Rarangsee, Hubertusstock und Tannenwald) als Voranbau unter Kiefernschirm angelegt werden.

Die nachfolgende Auswertung beleuchtet ausschließlich die Entwicklung der Eichen auf der Versuchsfläche Neuthymen in der Landeswaldoberförsterei Steinförde (Abt. 3355 y²).

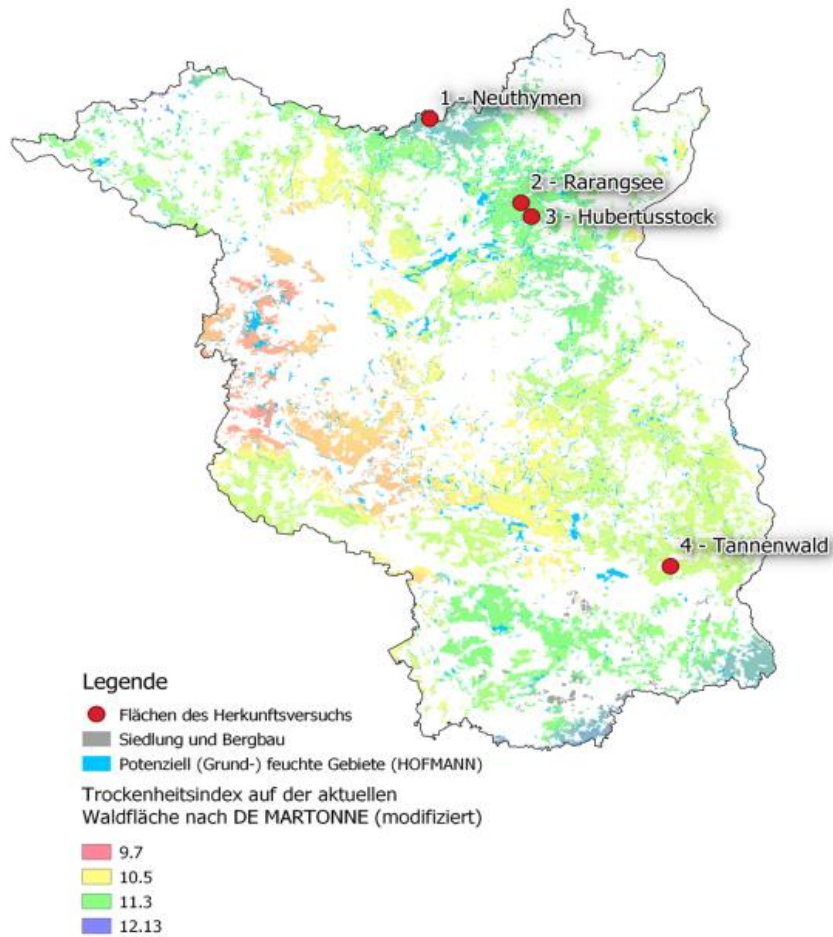


Abbildung 1: Lage der Versuchsflächen im Land Brandenburg



Abbildung 2: Versuchsanlage Neuthymen im Jahr 2015 mit Herkünften und Parzellenzuordnung (hier BB 1 = BB I, BB 1a = BB II)

Untersuchungsprogramm

Für die vielfältigen Untersuchungen wurden je Herkunft, Parzelle und Versuchsfläche eine Anzahl von Versuchsbäumen (meist 20 je Parzelle und Herkunft) gekennzeichnet und eingemessen. Bei Ausfällen wurden Ersatzbäume ausgewählt. Untersucht wurden eine Reihe unterschiedlicher Parameter, die u. a. die Vitalität, den Genotyp, die Austriebsphänologie, Frost- und Trockenstresstoleranz, Wuchsqualität und Wuchsleistung charakterisieren (Tabelle 2).

Tabelle 2: Untersuchungsprogramm nach Schwerpunkten und Intensität von 2015 bis 2019

Parameter	Untersuchungsjahr
Genetische Differenzierung	2015
Anwuchserfolg, Mortalität	September 2015
Phänologie des Blattaustriebs	2016-2018
Frostschäden	2016, 2017
Vitalität, Schäden (Dürre, Mehltau, Fraß)	2017-2019
Wuchshöhe	2016-2019
Wurzelhalsdurchmesser	2018
Wuchsqualität, Habitus	2018
Biomarker für Stresstoleranz	2015-2019
Meteorologische Daten (Temperatur)	2017-2019

Ergebnisse

Genetische Differenzierung der Herkünfte

Unmittelbar nach der Versuchsanlage erfolgte die genetische Charakterisierung der Eichenherkünfte anhand von Chloroplasten-Haplotypen (cpDNA) durch die Fa. ISOGEN (Göttingen). Die Untersuchungen beruhen u. a. auf den Ergebnissen von PETIT et al. (2002), die eine deutliche genetische Differenzierung verschiedener Refugialgebiete der Eiche auf der Grundlage von Chloroplasten-Mikrosatelliten (ucd4, udt1, udt4) zeigen. Die genetische Variation in den untersuchten cpDNA-Bereichen wurde zu Haplotypen zusammengefasst und entsprechend PETIT et al. (2002) und GAILING et al. (2009) in einen Farbcode übertragen. Insgesamt war jede Herkunft mit 15 Blattproben repräsentiert.

Die Herkunft Brandenburg zeigt für alle Proben uniform den Haplotypen 1, der auf einen Ursprung im italienischen Refugium hindeutet (vgl. RÜFFER & KÄTZEL 2006). Der Haplotyp 5 kommt mit 60 % ausschließlich in den Bäumen aus Griechenland vor. Rheinland-Pfalz und Österreich zeigen jeweils zu 100 % den Haplotypen 7. Der Haplotyp 7 ist häufiger im Süden und Südosten Europas zu finden, kommt aber auch in Italien vor. Die Haplotypen 26 und 27 wurden im Rahmen der vorliegenden Analyse erstmalig definiert. Es handelt sich um bisher unbekannte Haplotypen, die möglicherweise auch auf eine Beimischung mit anderen Arten, z. B. *Q. pubescens* hindeuten. Der Haplotyp 26 kommt in Rumänien und der Ukraine vor, der Haplotyp 27 nur in Griechenland. Die Bulgarische Herkunft weist nur den Haplotypen 10-11 auf, dieser ist in Westeuropa häufig und wäre daher in Bulgarien nicht unbedingt zu erwarten gewesen.

Mortalität und Vitalität

Nach fast fünf Vegetationsperioden zeigten die beiden Brandenburger Herkünfte bei der Vollaufnahme im Sommer 2019 die geringste Ausfallrate (14 %), gefolgt von den Herkünften aus Rumänien und Österreich mit jeweils 19 %. Von bereits nur noch wenigen Individuen der ukrainischen Herkunft waren weitere 62 % der Eichen abgestorben. Von den Herkünften aus Bulgarien, Griechenland und Rheinlandpfalz überlebten ca. drei Viertel der Bäume (Abbildung 3).

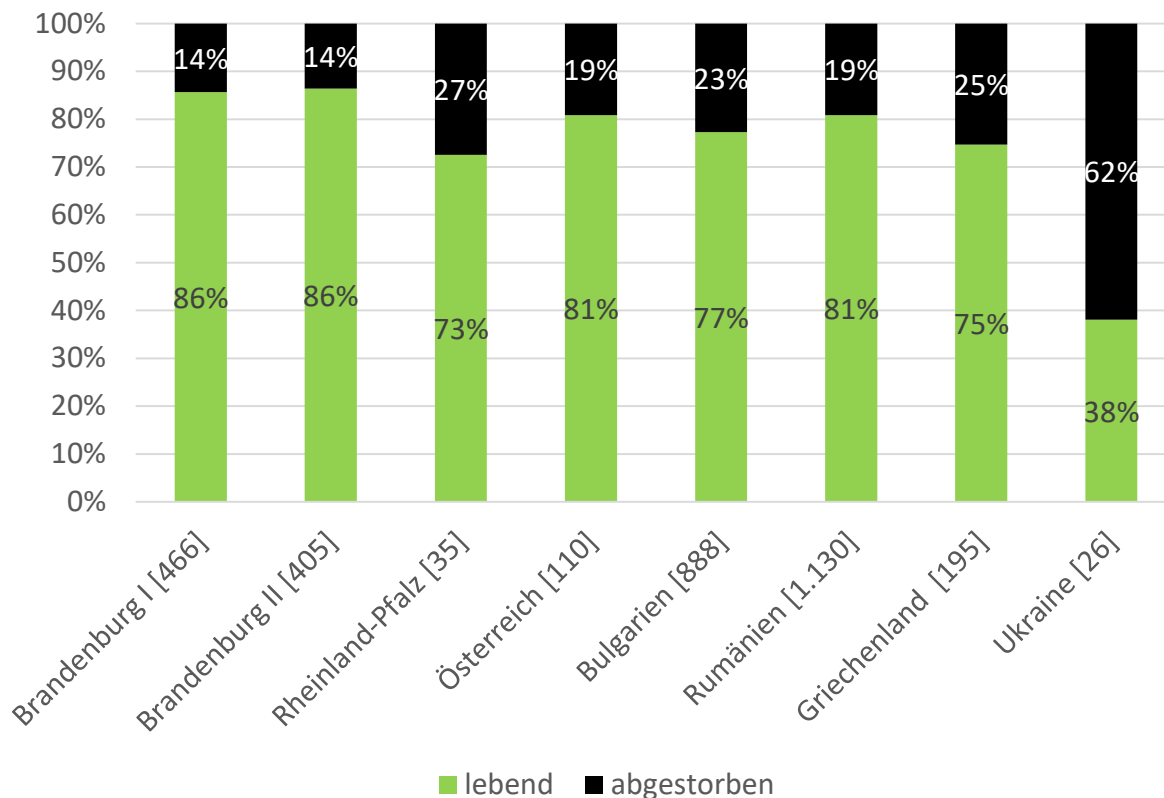


Abbildung 3: Relativer Anteil abgestorbener (schwarz) resp. überlebender (grün) Eichen differenziert nach Herkünften nach vierjähriger Standzeit im Sommer 2019

Seit 2017 wurden die Eichen jährlich im Sommer hinsichtlich ihrer Vitalität nach fünf Vitalitätsstufen VS 0 bis VS 4 (0 = vital, 4 = abgestorben) bonitiert. Über die Vitalitätsentwicklung bis 2018 berichten KÄTZEL et al. (2019). Nach dem Trockenjahr 2018 erfolgte im Hitzesommer 2019 erneut eine Vitalitätsbonitur als Vollaufnahme (Tabelle 3).

Der relativ höchste Anteil vitaler Eichen kam von den Herkünften Griechenland, Rumänien und Brandenburg II (Vitalitätsstufe 0). In Übereinstimmung mit der hohen Mortalitätsrate weist fast die Hälfte der Bäume aus der Ukraine nach den Blattmerkmalen den höchsten Anteil an Schäden auf (Vitalitätsstufe 3). Die Eichen aller anderen Herkünfte bilden eine Mittelgruppe, bei der ca. ein Viertel aller Bäume der Vitalitätsstufe 3 zugeordnet wurde. Gegenüber den Vorjahren hatten sich insbesondere die bulgarische, griechische und rumänische Herkunft verbessert und die Herkünfte aus Rheinland-Pfalz und Österreich verschlechtert.

Tabelle 3: Prozentualer Anteil der Vitalitätsstufen 0 bis 3 der Eichen auf der Versuchsfläche Neuthymen differenziert nach Herkünften im Sommer 2019

Herkunft	Vitalitätsstufe			Anz. Individuen
	0	1	3	
A	64%	7%	29%	215
BB I	63%	10%	26%	691
BB II	71%	8%	21%	1192
BG	64%	13%	23%	1258
GR	86%	6%	8%	768
RO	72%	6%	22%	375
RP	69%	4%	27%	51
UA	42%	9%	49%	146

Austriebsphänologie

Die phänologische Entwicklung des Blattaustriebs wurde anhand von fünf phänologischen Phasen (P1 Knospenruhe bis P5 Vollaustrieb) jährlich im Frühjahr bonitiert (LÖFFLER et al. 2009). Die Austriebsphasen unterschieden sich zwischen den Herkünften stark. Trotz der unterschiedlichen Witterungsverläufe blieben aber die Unterschiede zwischen den Untersuchungsjahren 2016 bis 2018 nahezu einheitlich, so dass auf eine erneute aufwendige Bonitur 2019 verzichtet wurde.

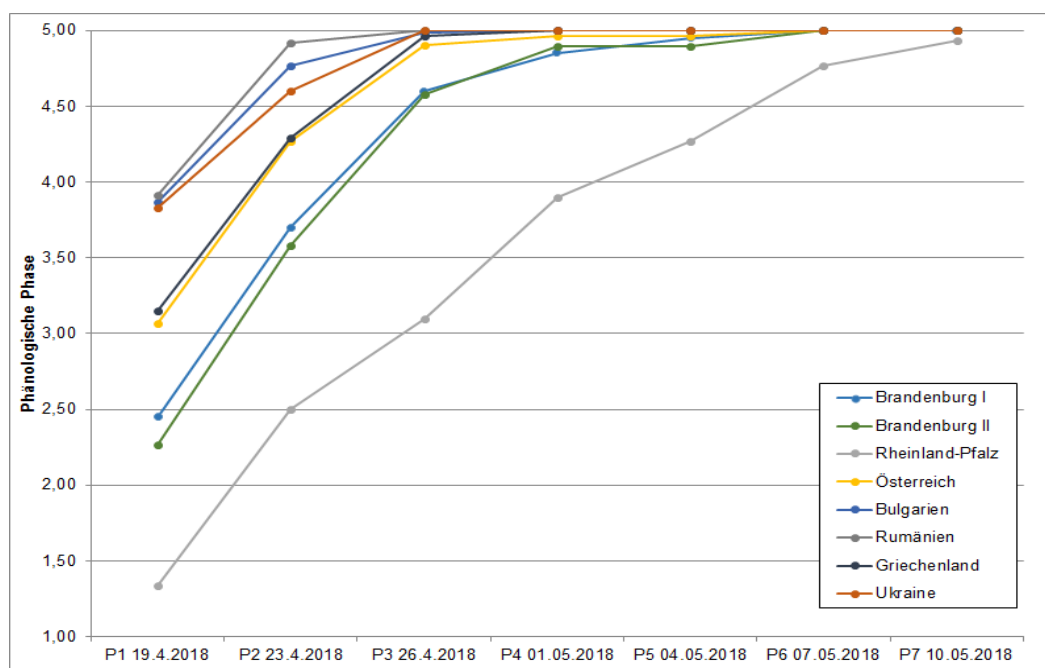


Abbildung 4: Blattaustrieb nach phänologischen Phasen auf der Versuchsfläche Neuthymen im Untersuchungsjahr 2018 differenziert nach Herkünften (KÄTZEL et al. 2019)

Exemplarisch werden die Ergebnisse für das Jahr 2018 vorgestellt, in dem zwischen dem 19.04.2018 und dem 10.05.2018 sieben Aufnahmen stattfanden. Am ersten Aufnahmeterrain zeigte die Herkunft

Rumänien mit einer durchschnittlichen phänologischen Phase von 3,95 die weiteste Entwicklung. Am wenigsten entwickelt waren die Knospen der Herkunft Rheinland-Pfalz mit einer durchschnittlichen phänologischen Phase von 1,33. Die Herkünfte Rumänien und Ukraine waren bereits bei der dritten Aufnahme (26.03.2018) vollständig ausgetrieben (P5). Alle Herkünfte, bis auf die Herkunft Rheinland-Pfalz, hatten am sechsten Aufnahmetag (07.05.2018, nach 17 Tagen) ihre Blätter vollständig entwickelt. Erst nach der siebten Aufnahme (10.05.2018) war auch die Blattentwicklung der Herkunft Rheinland-Pfalz vollständig abgeschlossen (Abbildung 4).

Insgesamt konnte zwischen vier verschiedenen Gruppen unterschieden werden. Die Rangfolge der vier Gruppen (Gruppe 1: RO, UA, BULG,) vor Gruppe 2 (GR, A), Gruppe 3 (BB I und II) und Gruppe 4 (RP) blieb über die Jahre erhalten.

Frostschäden

Bedingt durch den Witterungsverlauf in den Frühjahren 2017 und 2018 wurden die Eichen hinsichtlich möglicher Frostschäden bonitiert. Die Bewertung der sichtbaren Frostschäden (FS) erfolgte anhand von vier Stufen (FS 0 - 3), wobei die Stufe 0 keine Schäden durch Frost und die Stufe 3 sehr starke Frostschäden an der jeweils bonitierten Eiche kennzeichnete (*Anm.: FS0: keine Schäden; FS1: <50 % der Blätter teilweise braun; FS2: >50 % der Blätter vollständig braun, FS3 = alle Blätter erfroren: braun bzw. schwarz*).

In beiden Beobachtungsjahren zeigten die frühaustreibenden südosteuropäischen Herkünfte, mit Ausnahme der griechischen Eichen, die meisten und stärksten Frostschäden an Blättern. Vom Spätfrost am stärksten betroffen waren die Eichen aus der Ukraine, gefolgt von Rumänien und Bulgarien. Die beiden deutschen Herkünfte (RP und BB I) zeigten dagegen nur geringe Frostschäden (Abbildung 5).

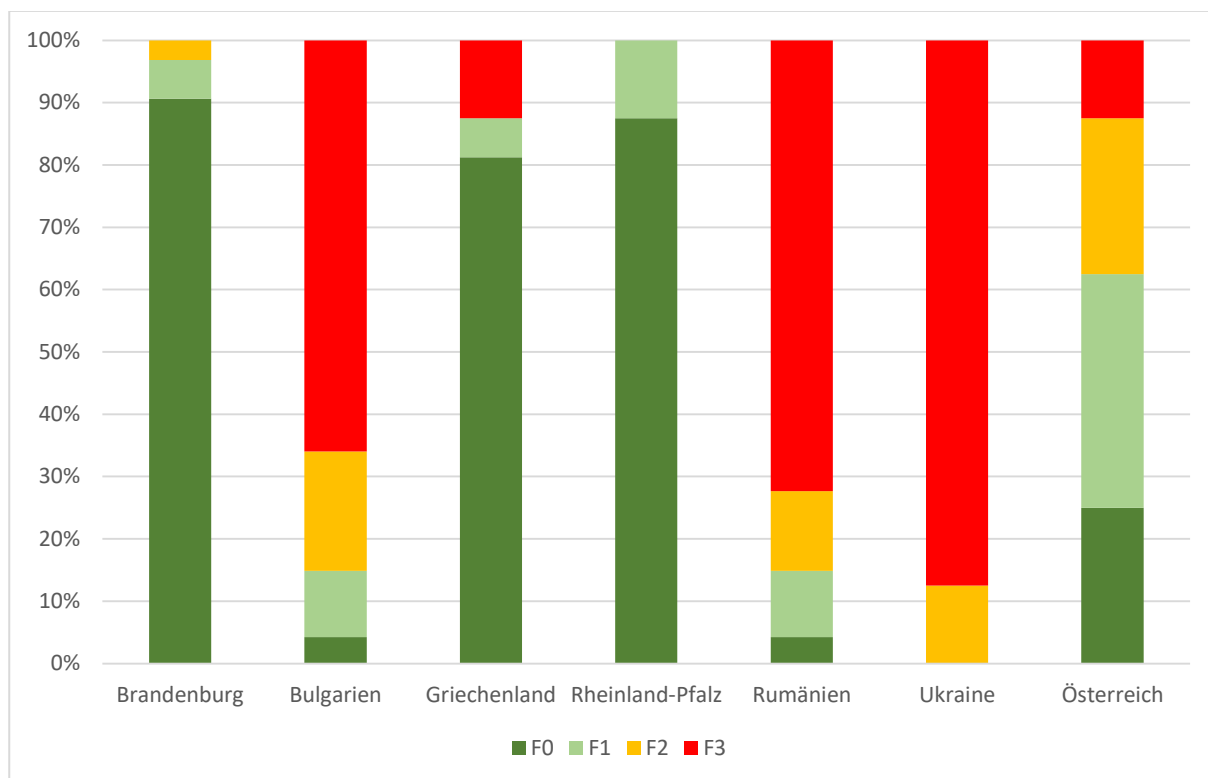


Abbildung 5: Prozentuale Anteile der Eichen mit Spätfrostschäden der Stufen 0 bis 3 auf der Versuchsfläche Neuthymen im Mai 2017 (Brandenburg=BB I)

Stressphysiologische Reaktionen

Die stressphysiologische Bewertung der Herkünfte wurde anhand von biochemischen Blattinhaltsstoffen (Biomarker: Blattwassergehalt, Blatttrockenmasse, Blattgewebedichte, Osmolalität des Blattpresssaftes, Gehalte an Chlorophyllen a+b, Carotinoiden, Kohlenhydraten, Stärke, phenolischen Inhaltsstoffen, Aminosäurespektrum) vorgenommen (KÄTZEL & LÖFFLER 2016). Die Blätter wurden jährlich im August von je 8 bzw. 16 markierten, vitalen Bäumen (Vitalitätsgruppe 0 und 1) geschnitten und unmittelbar in flüssigem Stickstoff eingefroren. Über die Ergebnisse der Untersuchungsjahre 2015 bis 2017 wird bei KÄTZEL et al. (2019) berichtet. Nachfolgend werden die Ergebnisse aus dem extremen Trockensommer 2018 vorgestellt.

Die südosteuropäischen Eichen, insbesondere die bulgarischen und griechischen Herkünfte, haben signifikant geringere Blatt-Trockenmassen als die Herkünfte aus Brandenburg, Rheinland-Pfalz und Österreich (Abbildung 6 a). Nach langjährigen Untersuchungen an Trauben-Eichen (Altbäume) sind Blattwassergehalte < 55 % FG ein Indiz für Dürresituationen. Im Sommer 2018 überschritten nur die Medianwerte der Herkünfte aus Rheinland-Pfalz und der Ukraine knapp diesen Grenzbereich. Die geringsten Blattwassergehalte hatten die Eichen aus Brandenburg, Rumänien und Bulgarien. Die Herkünfte aus Griechenland und Österreich bilden eine Mittelgruppe (Abbildung 6 b).

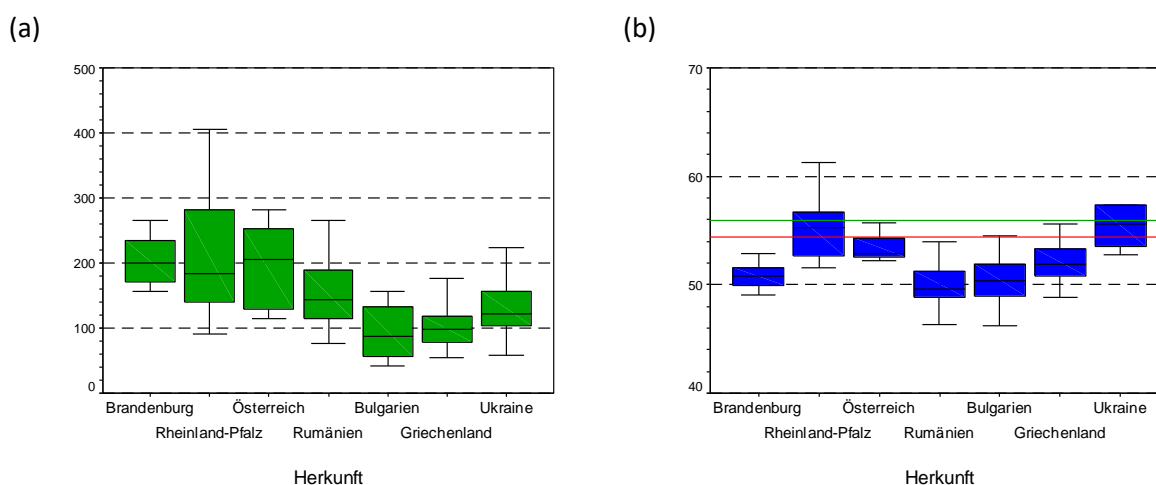


Abbildung 6: (a) Blatttrockenmassen und (b) relative Blattwassergehalte (bezogen auf das Frischgewicht [FG]) von jeweils 8 (RP, A und UA) bzw. 16 Eichen (BB I, RO, BG GR) im August 2018

Der Anstieg des Carotinoidgehaltes gegenüber dem Gehalt an Gesamtchlorophyll wird als Indikator für Stressreaktionen (z.B. oxidativer Stress) interpretiert, insbesondere wenn der Quotient unter 5,6 fällt (rote Linie in Abbildung 7 a). Oberhalb dieses Wertes lagen nur die Medianwerte der Eichen aus Rheinland-Pfalz und Österreich im Sommer 2018. Innerhalb der Gruppe der südosteuropäischen Eichen verbesserten sich die Quotienten der Eichen aus der Ukraine und Griechenland gegenüber den Herkünften aus Rumänien und Bulgarien (Abbildung 7 a).

Der Gehalt an Stärke war in den meisten untersuchten Blättern in beiden Untersuchungsjahren (2016, 2018) niedrig. Die geringsten Gehalte wurden in den Eichenblättern aus Österreich und der Ukraine gemessen, während die signifikant höchsten Gehalte in den Blättern der rumänischen Herkunft nachgewiesen wurden (Abbildung 7 b).

Die rumänischen Eichen fielen gleichfalls durch hohe Gehalte an phenolischen Inhaltsstoffen (gemessen als Folin- und Vanillin-positive Verbindungen) auf, die von 2015 bis 2018 weiter anstiegen. Die signifikant

geringsten Gehalte an phenolischen Verbindungen enthielten die Blätter der Herkunft aus Rheinland-Pfalz (Abbildungen 8 a und b).

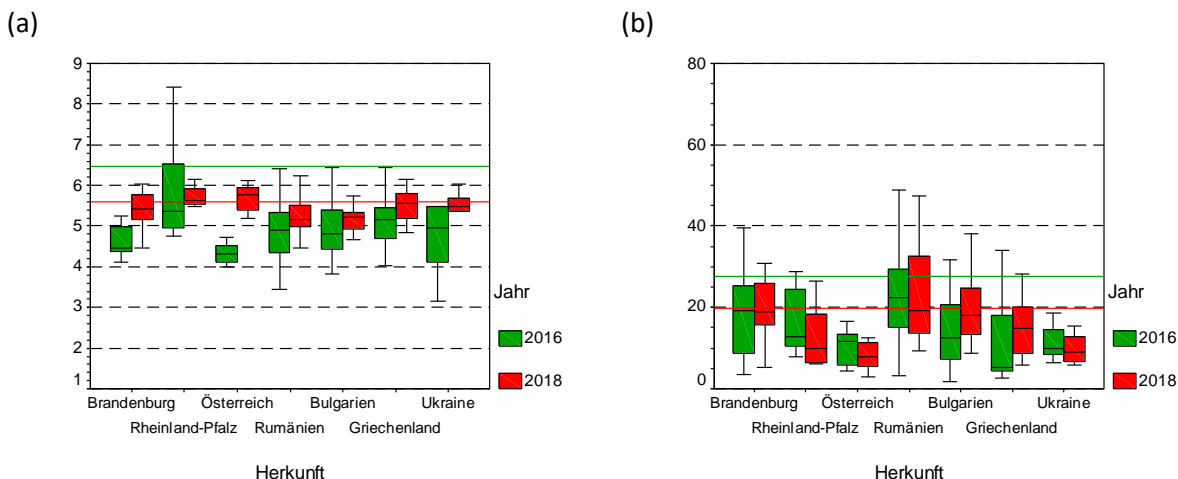


Abbildung 7: (a) Verhältnis zwischen Gesamtchlorophyll und Carotiniden und (b) der Gehalt an Stärke differenziert nach Herkünften in den Jahren 2016 und 2018

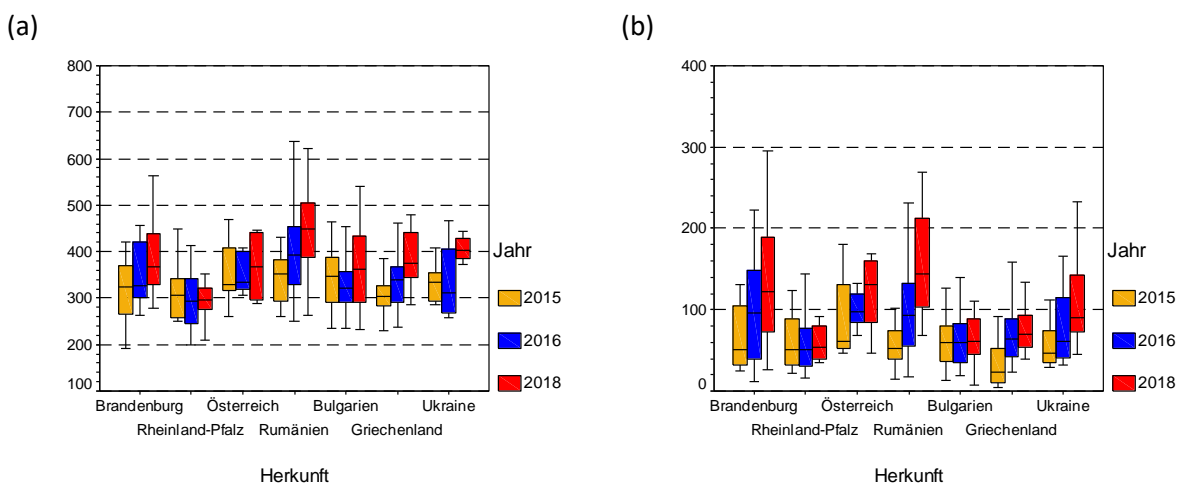


Abbildung 8: Gehalte an (a) Folin-positiven und (b) Vanillin-positiven Verbindungen differenziert nach Herkünften in den Untersuchungsjahren 2015, 2016 und 2018

Biomarkermuster (Faktor- und Clusteranalyse)

Um die Vielzahl unterschiedlicher Reaktionen in ihrer Komplexität verstehen zu können, wurden baumindividuelle Biomarkermuster mit multivariaten statistischen Verfahren erstellt. Zunächst wurden hierzu die wechselseitig korrelierten Variablen auf wenige, voneinander unabhängige Variablengruppen (Faktoren) mit Hilfe einer Hauptkomponentenanalyse reduziert. Dadurch wird das Spektrum auf jene Biomarker eingegrenzt, die den größten Beitrag zur Beschreibung des physiologischen Zustandes leisten. Alle selektierten Faktoren müssen einer physiologischen Interpretation zugänglich sein und werden in weiteren Auswerteschritten wie eigenständige Parameter behandelt.

Unter Berücksichtigung des Kaiserkriteriums (Eigenwerte > 1) wurden aus zehn Biomarkern (Blattfläche, Blattwasser, Blatt-TM, Verhältnis Chlorophyll/Carotinoide, Proteine, Verhältnis Kohlenhydrate/Stärke,

Stärke, Folin- und Vanillin-positive Verbindungen, ortho-Dihydroxyphenole) des Untersuchungsjahres 2018 drei Faktoren extrahiert, die 76 % der Gesamtvarianz erklären.

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. Der Faktor 1 (*Phenolfaktor*) wird maßgeblich durch die phenolischen Inhaltsstoffe der Eichenblätter geladen. Der Faktor 2 (*Physiologische Aktivität*) repräsentiert die physiologische Aktivität des Primärstoffwechsels, der am stärksten positiv mit den Verhältnissen Kohlenhydrate/Stärke, Chlorophyll/Carotinoide, dem Proteingehalt und negativ mit dem Stärkegehalt korreliert ist. Der Faktor 3 (*Biomasse*) fasst die Blattbiomasseparameter (Blattfläche, Blatttrockenmasse) zusammen.

Anschließend wurde mit Hilfe einer Clusteranalyse einzelbaumweise geprüft, welche Faktorkombinationen spezifische biochemische Muster („Biomarkermuster“) ergeben, die verschiedene physiologische Zustände charakterisieren. Für die Clusteranalyse wurde die Ward-Methode (Erläuterung u. a. bei BÜHL und ZÖFEL 2000) verwendet. Für die vorliegende Datenmatrix ergab sich eine optimale Lösung von jeweils fünf Clustern. Diese fünf Cluster unterschieden sich hinsichtlich der Ausprägung der drei zuvor extrahierten Faktoren (Tabelle 4).


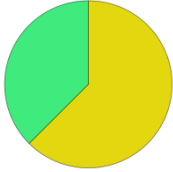



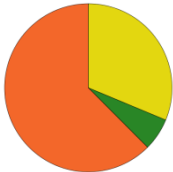

Die zehn Eichen des Clusters 2 wurden als sehr vital eingestuft, mit einer hohen Aktivität im Primär- und Sekundärstoffwechsel. Weitere 15 Eichen wurden dem Cluster 4 zugeordnet, die durch eine besonders hohe Ausprägung des Blattbiomasse-Faktors auffielen. Eine mittlere Position nehmen die 23 Eichen des Clusters 1 ein, mit negativen Werten für den Phenol- und Biomasse-Faktor aber einer hohen physiologischen Aktivität im Primärstoffwechsel. Davon grenzen sich die 28 Eichen des Clusters 3 mit einer leicht negativen Bewertung des physiologischen Aktivitätsfaktors ab. Die schlechteste Bewertung des physiologischen Aktivitätsfaktors erhalten 10 Bäume, die dem Cluster 5 zugeordnet wurden, bei denen gleichzeitig die Gehalte an phenolischen Inhaltsstoffen erhöht sind (Tabelle 4).

Tabelle 4: Ausprägung der drei Faktoren in den fünf abgegrenzten Clustern und Zuordnung der 86 untersuchten Eichen im Sommer 2018. Die farbliche Darstellung entspricht den „Ampelfarben“ (grün = sehr vital/stressfrei bis rot = eingeschränkte physiologische Aktivität; in den Klammern Mittelwerte der homogenen Gruppen des jeweiligen Clusters)

Cluster	Phenol-Faktor	Physiol. Aktiv.	Biomasse-Faktor	n
1	- (-0,79)	+ (0,47)	- (-0,73)	23
2	+++ (1,50)	++ (0,68)	0 (-0,08)	10
3	0 (0,05)	0 (-0,27)	- (-0,74)	28
4	0 (-0,17)	0 (0,21)	+++ (1,46)	15
5	+ (0,55)	-- (-1,27)	0 (0,30)	10

In einem letzten Schritt wurde geprüft, mit welcher Häufigkeit die Einzelbäume der fünf physiologischen Muster (Cluster) in den einzelnen Herkünften auftreten und auf dieser Grundlage eine Gruppierung der Herkünfte vorgenommen (Tabelle 5).

Tabelle 5: Vorkommen und Häufigkeit der physiologischen Muster (Cluster) in den acht Herkünften

Herkunft	Biomarkermuster	Gruppe
BB I		1
RP		2
A		1
RO		3
BG		3
GR		3
UA		2

Zunächst ist festzustellen, dass bei jeder Herkunft Bäume mit 2 (RP) bis 5 (BB I) unterschiedlichen Biomarkermustern vorkommen. Den Herkünften aus Österreich und Brandenburg werden die Eichen überwiegend der Cluster 1 und 2 zugeordnet (Gruppe 1). Dem folgen die Herkünfte der Ukraine und Rheinland-Pfalz mit dem höchsten Anteil an Eichen des Clusters 3 (Gruppe 2). Eine dritte Gruppe bilden die südosteuropäischen Eichen aus Griechenland, Bulgarien und Rumänien, bei denen die Eichen überwiegend der Cluster 4 und 5 zugeordnet werden (Tabelle 5).

Fazit

Die erste Auswertung nach drei- bzw. vierjähriger Standzeit der Eichen auf der Versuchsfläche Neuthymen mindert die Hoffnung, dass die südosteuropäischen Herkünfte künftig eine risikoärmere Alternative für den Eichenanbau in Brandenburg darstellen könnten. Trotz ihres zunächst sehr guten Anwuchserfolges und der besseren Trockenstresstoleranz sind die südlichen Eichen aufgrund ihres frühen Blattaustriebs vor allem spätfrostgefährdet (Ausnahme: Herkunft Griechenland). Diese Beobachtung ist grundsätzlich nicht neu, überrascht dennoch in ihrer syndromhaften Folgewirkung auf die Baumvitalität und das Höhenwachstum. Es sei angemerkt, dass auch der Kieferschirm auf den anderen drei Versuchsflächen diesen Nachteil nur unzureichend kompensieren konnte (KÄTZEL et al. 2019).

Die Ergebnisse der Biomarkermuster bestätigen einerseits die herkunftsspezifischen Unterschiede, zeigen aber auch gleichzeitig die großen individuellen Unterschiede innerhalb einer Herkunft (obwohl hierfür nur äußerlich vitale Bäume ausgewählt wurden!). In der Selektion und Vermehrung einer hinreichenden Anzahl einzelner (spätaustreibender, trockenstresstoleranter, wüchsiger, vitaler) Individuen liegt vermutlich der Schlüssel für die Erhöhung der Anpassungsfähigkeit künftiger Eichen. Bereits jetzt zeigt sich, dass solche Eichen (in geringer Anzahl) bei allen Herkünften vorkommen. Selbst bei den Eichen aus der Ukraine, mit der höchsten Mortalität, finden sich sehr vitale Einzelindividuen, was die individuellen Biomarkermuster (Gruppe 2) bestätigen.

Demgegenüber überragen die lokalen Brandenburger Herkünfte hinsichtlich ihrer Wuchsleistung, ihrer Wuchsqualität, ihrer hohen Frosttoleranz und ihrer physiologischen Reaktionsmuster. Die geringere Trockenstresstoleranz der heimischen Herkünfte bestätigt allerdings das steigende Risiko des Eichenanbaus in Brandenburg unter künftigen Klimabedingungen.

Bleiben die anfänglich hohen Mortalitätsraten der Eichen aus Rheinland-Pfalz unberücksichtigt, so sind diese mit den heimischen Herkünften nahezu gleichrangig (u.a. hohe Blattwasser- und Chlorophyllgehalte, hohe Spätfrosttoleranz). In wieweit sich die geringen Gehalte an phenolischen Inhaltsstoffen negativ auf die Prädisposition gegenüber biotischen Schaderregern auswirken, muss weiter beobachtet werden.

Die österreichischen Eichen, die vermutlich ursprünglich aus Kroatien stammen, überzeugen durch hohe Chlorophyll- und Blattwassergehalte (trotz Trockenheit) und wurden hinsichtlich der Biomarkermuster (wie die Brandenburger Herkunft), trotz geringer Stärkegehalte, der Vitalitätsgruppe 1 zugeordnet. Kritisch bleibt die erhöhte Froststresstoleranz.

Die phänotypischen Unterschiede in den Blattwassergehalten, in den Blatttrockenmassen und den phenolischen Komponenten weisen auf unterschiedliche Anpassungsebenen (Organ- und Zellebene) sowie Anpassungsstrategien (an-/isohydrisch) auch innerhalb einer Baumart hin. Vor diesem Hintergrund stellt die Phenotypisierung von Herkünften und Individuen eine wichtige Ergänzung zur Genotypisierung dar.

Danksagung

Für die Unterstützung bei der Auswahl der Saatgutbestände in den Herkunftsländern sowie der Bereitstellung der Eicheln danken wir Silvio Schüler (A), Krasimira Petkova (BG), Igor Neyko (UA), Marin Tudoroiu (RO), Georgeta Mihai (RO) und Bolko Haase (RP).

Literatur

- BÜHL A, ZÖFEL P (2000) SPSS Version 10. Einführung in die moderne Datenanalyse unter Windows. Addison-Wesley Verlag, München.
- LÖFFLER S, KÄTZEL R, BECKER F (2009) Dem Klimawandel auf der Spur - Phänologische Beobachtungen an Waldbäumen, Flyer vom Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde Fachbereich Waldentwicklung/Monitoring.
- KÄTZEL, R.; LÖFFLER, S. (2016): 20 Jahre Biomarker als Vitalitätsindikatoren im Forstlichen Umweltmonitoring - Ergebnisse und Erfahrungen. Eberswalder Forstliche Schriftenreihe, Bd. 58: 174-189.
- GAILING, O.; WACHTER, H.; HEYDER, J.; ROGGE, M.; FINKELDEY, R. (2009): Chloroplast DNA analyses of very old, presumably autochthonous *Quercus robur* L. stands in North-Rhine Westphalia. Allgemeine Forst- und Jagdzeitung: 180: 221-227.
- PETIT R, BREWER S, BORDÁCS S, BURG K, CHEDDADI R, COART E, COTTRELL J, CSAIKL U, VAN DAM B, DEANS D, ESPINEL S, FINESCHI S, FINKELDEY R, GLAZ I, GOICOECHEA PG, JENSEN JS, KÖNIG AO, LOWE AJ, MADSEN SF, MÁTYÁS G, MUNRO RC, POPESCU F, SLADE D, TABBENER H, DE VRIES SGM, ZIEGENHAGEN B, DE BEAULIEU J-L, KREMER A (2002) Identification of refugia and post-glacial colonisation routes of European white oaks based on chloroplast DNA and fossil pollen evidence. Forest Ecology and Management 156, 49-74.
- RÜFFER O, KÄTZEL R (2006) Zur Entwicklungsgeschichte der Eichenwälder im Nordostdeutschen Tiefland. In: Eberswalder Forstliche Schriftenreihe, Band XXV, Aktuelle Ergebnisse und Fragen zur Situation der Eiche und ihrer Bewirtschaftung in Brandenburg. Hrsg.: Ministerium für Ländliche Entwicklung, Umwelt und Verbraucherschutz des Landes Brandenburg, Referat Presse- und Öffentlichkeitsarbeit. Hendrik Bäßler Verlag Berlin, S. 13-22. ISBN 3-933352-63-0.
- 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.

Autoren

Prof. Dr. RALF KÄTZEL, SONJA LÖFFLER, FRANK BECKER
Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde, Alfred-Möller-Str. 1, 16225 Eberswalde
ralf.kaetzel@lfb.brandenburg.de

Angepasste Eichen auf Reliktstandorten. Eine zukünftige Quelle für forstliches Vermehrungsgut?

CHARALAMBOS NEOPHYTOU, ALEXANDER BRAUN, DEVRIM SEMIZER-CUMING, BARBARA FUSSI, ISABEL MÜCK, FRANZISKA SCHLOSSER, STEFAN SEEGMÜLLER und HANS-GERHARD MICHIELS

Zusammenfassung

Aufgrund ihrer Wuchsschwäche standen Reliktbestände der Eiche auf extrem trockenen Standorten (oft Block- und Felshänge) bisher kaum im Mittelpunkt der Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung. Bei solchen Vorkommen kann von einer langen Habitattradition und möglicherweise auch Autochthonie der Eiche ausgegangen werden. Einerseits stellt die Eiche dort wegen der geringen Wasserversorgung die natürliche Schlusswaldbaumart dar, weil konkurrenzstärkere (Schatt-) Baumarten wie Rotbuche, Hainbuche oder Bergahorn fehlen. Andererseits ist wegen der schweren Zugänglichkeit, der geringen bis fehlenden Feinbodenhorizonte und der äußerst niedrigen Produktivität der Bestände zu erwarten, dass dort nie Maßnahmen zur künstlichen Einbringung von Eichen stattgefunden haben. So dürften sich die Eichen über mehrere Generationen hinweg an den dort regelmäßig auftretenden Wassermangel angepasst haben. Deshalb zielt das SQUAREL-Projekt darauf ab: (1) die Standortbedingungen von Eichenwäldern auf Reliktstandorten in Süddeutschland und im Elsass zu erfassen und den Reliktstatus der Bestände durch Nachweis von Reliktarten in der Flora und Fauna zu bestätigen; (2) die refugiale Herkunft der Eiche an diesen Beständen mittels Chloroplasten-DNA-Marker sowie genetische Strukturen mittels Kern-DNA-Marker zu charakterisieren und mit vorhandenen genetischen Daten aus bewirtschafteten Wäldern zu vergleichen; (3) die Altbäume und ihre Nachkommenschaften auf ihre stressphysiologischen Fähigkeiten hin zu prüfen, um Erkenntnisse über Ihre Trockenheitsresistenz zu gewinnen; (4) mittels molekulargenetischer Marker aus Kandidatengenomen zu prüfen, ob Zusammenhänge zwischen der Variation an adaptiven Genorten und standörtlichen Unterschieden auftreten, was auf Anpassung durch natürliche Selektion hindeuten würde; (5) die Grundlagen für die Anlage einer Nachkommenschaftsprüfung zu schaffen, um die genetisch fixierten Wuchseigenschaften der untersuchten Bestände zu prüfen. Dies soll langfristig die Frage beantworten, welchen Beitrag die Verwendung von Vermehrungsgut aus solchen Vorkommen zur Begründung klimastabiler Wälder leisten kann.

Schlüsselworte: *Quercus*, Genetik, Anpassung, antioxidative Tannine, Umweltassoziation

Abstract

Adapted oaks on relict sites. A future source of forest reproductive material?

Due to their weak growth, relict oak stands on extremely dry sites (often scree, rocky slopes) have not been the primary focus of forest genetics and forest plant breeding activities. However, such stands presumably have a long habitat tradition and are autochthonous. On the one hand, oak on the sites with low water supply is the key forest tree species due to a lack of competitive species such as European beech, hornbeam or sycamore. On the other hand, artificial introduction of oaks onto such sites is not expected because they are difficult to access, have little or no soil horizons and are very low in productivity. Therefore, it can be assumed that oak there must have adapted to regular water shortage over several generations. The SQUAREL project aims to: (1) record site conditions of oak forests at relict

sites in southern Germany and Alsace and confirm the relict status of the stands by means of verifying relict species of fauna and flora; (2) characterize the refugial origin of the oak in the stands using chloroplast DNA markers and genetic structures using nuclear DNA markers, and compare them with existing genetic data from managed forests; (3) determine whether there are correlations between variations at adaptive gene loci and site differences, which would indicate adaptation through natural selection, using molecular genetic markers from candidate genes; (4) test and compare mature trees and their progeny in terms of their stress-physiology in order to gain insights into drought resistance and (5) establish a basis for a progeny testing in order to assess genetically-fixed growth characteristics of the examined stands. In the long run, this is expected to answer the question of to what extent the use of reproductive material from such stands can contribute to the establishment of climate-stable forests.

Keywords: *Quercus*, genetics, adaptation, antioxidative tannins, environmental association

Einleitung

Die Eichen (*Quercus* spp.) sind seit dem frühen Holozän ein wichtiger Bestandteil der Waldvegetation in Mitteleuropa. Ausgehend von der Iberischen Halbinsel, dem Apennin und dem Balkan, die wichtige eiszeitliche Refugialpopulationen beherbergten, besiedelten Eichenarten diesen Raum bereits vor 9000 Jahren (BREWER et al. 2002). Die Spuren dieser Migration sind heute noch in der Chloroplasten-DNA (cpDNA) der Eichen bewahrt, die in einer Vielzahl von Populationen im ganzen Kontinent untersucht wurde (PETIT et al. 2002). Dies ist ein Beweis, dass die Eichen nach ihrer Rückwanderung ihre Samen und damit die mütterlich vererbte cpDNA meistens lokal ausgebreitet haben, so dass die Spuren der Rückwanderung in ihrem Erbgut erhalten blieben. Das Aufeinandertreffen verschiedener Migrationswege führte im nördlichen Bereich der Alpen oft zu einer erhöhten Vielfalt der cpDNA (NEOPHYTOU & MICHIELS 2013). Neueste Ergebnisse genetischer Untersuchungen belegen, dass sich dieses Muster bereits vor der Bronzezeit etablierte (WAGNER et al. 2018). Das stimmt mit der Hypothese überein, dass die Hauptwanderbewegungen bereits im frühen Holozän, vermutlich während der Rückwanderung, erfolgten.

Wenn man von einer Autochthonie der Eichenwälder ausgehen kann, dann stellt sich die Frage, inwieweit sich die Bestände über die Generationen an die lokalen Umweltbedingungen angepasst haben. Dieser Frage gingen bisher Studien basierend auf Herkunftsversuchen nach. In großem Maßstab konnten tatsächlich unterschiedliche Wuchseigenschaften zwischen Provenienzen gezeigt werden, die für eine Anpasstheit sprechen. Beispielsweise hängt zumindest bei Populationen aus Frankreich der Zeitpunkt des Knospenaustriebs bei der Traubeneiche (*Quercus petraea* Matt. Liebl.) von der Kontinentalität, der Meereshöhe und der geografischen Breite ab (Ducouso et al. 1996). Ähnlich zeigte sich in einer arealweiten Studie eine positive Korrelation der Temperatur des kältesten Monats mit dem Höhenwachstum (bessere Wuchsleistung bei milderem Winter; Sáenz-Romero et al. 2017). Schließlich konnte es auch regional zu Anpassung kommen. Bei der Stieleiche (*Quercus robur* L.) in Baden-Württemberg ist z.B. das Höhenwachstum montaner Herkünfte tendenziell niedriger und der Unterschied signifikanter, wenn sich der Anbauort (Versuchsfläche) in einer Tieflage befindet (WUNDERLICH et al. 2017).

Neben der natürlichen Evolution war aber auch der Einfluss des Menschen auf die Eichen historisch groß. Kaum eine andere Waldbaumart lieferte dem Menschen so eine Vielfalt an Holz- und Nischholzprodukten. Diese Nutzung beeinflusste jedoch die genetische Struktur der Eichenwälder in großem Maßstab über die Jahrtausende offenbar wenig, was sich durch die stetige Verwendung von Vermehrungsgut lokalen Ursprungs bei der generativen Verjüngung der Bestände erklären lässt (PETIT et al. 2002, WAGNER et al. 2018). Anders sieht es dennoch in den letzten Jahrzehnten aus. Untersuchungen in und um die oberrheinische Ebene zeigten beispielsweise, dass es zu einer Durchmischung verschiedener cpDNA-Abstammungslinien vor allem nach dem zweiten Weltkrieg kam, die auf weiträumige Saatgutverfrachtung sowie einer Überführung von ehemaligen Mittelwäldern zurückzuführen sind. Dieser Effekt ist auf produktiven Standorten eindeutig (NEOPHYTOU & MICHIELS 2013, NEOPHYTOU 2015).

Zusätzlich zu Wirtschaftswäldern, die vielfach sekundär auf Standorten ursprünglicher Buchenwälder entstanden, kommen allerdings lokal auch schwachwüchsige Bestände der Eiche an trockenen Block- und Felshängen vor, die vermutlich keiner intensiven Nutzung durch den Menschen unterlagen. Ohne die Konkurrenz der Buche dürften solche Vorkommen eine lange Habitattradition, die eventuell bis auf die nacheiszeitliche Einwanderungsphase zurückreicht, aufweisen. Über viele Generationen war es möglich, dass sich diese Bäume an die dort herrschende Trockenheit anpassten. In der Forschung fanden bisher solche Vorkommen kaum Beachtung. Jüngste Ergebnisse weisen jedoch darauf hin, dass sie physiologisch besonders günstige Voraussetzungen für die Bewältigung von Trockenstress vorhalten (Arab et al. 2019). Deshalb sollen im Rahmen des Projekts SQUAREL (Anpassung *Quercus* auf Reliktstandorten) solche Vorkommen als Reservoir autochthoner genetischer Vielfalt erfasst und hinsichtlich ihrer Eignung für die Bewältigung der klimawandelbedingten Herausforderungen charakterisiert werden.

Insbesondere zielt das SQUAREL-Projekt darauf ab: (1) den Reliktstatus solcher Eichenvorkommen mithilfe einer Analyse der Flora und Fauna und insbesondere durch Nachweis von Reliktarten zu prüfen; (2) die refugiale Herkunft, Artzugehörigkeit und innerartliche Struktur der Eiche in diesen Beständen zu untersuchen und mit vorhandenen genetischen Daten aus bewirtschafteten Wäldern zu vergleichen; (3) die stressphysiologischen Fähigkeiten von Altbäumen und ihren Nachkommen zu studieren, um Erkenntnisse über Ihre Trockenheitsresistenz zu gewinnen; (4) auf Zusammenhänge zwischen der Variation an adaptiven Genorten und standörtlichen Unterschieden hin zu prüfen, was auf Anpassung durch natürliche Selektion hindeuten würde; (5) die Grundlagen für die Anlage einer Nachkommenschaftsprüfung zu schaffen, um die genetisch fixierten Wuchseigenschaften der untersuchten Bestände zu prüfen. Dabei liegt der Schwerpunkt des Projektes auf der Traubeneiche (*Q. petraea*).

Material und Methoden

Untersuchungsbestände

Putative Reliktstandorte mit Eichenbeständen werden im Projekt aufbauend auf Standorts-, Waldbiotop- und Forsteinrichtungsdaten, aber auch nach mündlichen Mitteilungen lokalisiert. Das Suchgebiet umfasst (von West nach Ost) das Elsass (Frankreich), Rheinland-Pfalz, Baden-Württemberg und Bayern. Zu den verwendeten Indikatoren zählen unter anderem das Relief (Hangneigung und -ausrichtung), der Wasserhaushalt, die Bodenvegetation, der Nachweis von xylobionten Käfern, deren Vorkommen für eine lange Habitattradition spricht, sowie die Wuchseigenschaften der Eiche. Da der Schwerpunkt des Projekts auf der Anpassung der Eichen an Trockenstress liegt, handelt es sich bei vielen der vorausgewählten Untersuchungsbestände um kleinwüchsige Eichenpopulationen auf steilen, südexponierten Schütt-, Block- oder Felshängen (Abbildung 1). Nach einer Vorauswahl werden die Bestände besichtigt, um deren Eignung für das Projekt festzustellen. Insgesamt wird eine Anzahl von 50 Untersuchungsbeständen angestrebt, die solche Standorte repräsentieren. Darüber hinaus werden 10 Bestände auf gut wasserversorgten Standorten ausgewählt. Letztere dienen als Vergleich zu den trockenen Standorten, um die Anpassung der Eichen aus physiologischer und genetischer Sicht zu untersuchen. Die Verteilung der Untersuchungsbestände wird auf Abbildung 2 dargestellt.



Abbildung 1: Untersuchungsbestand der Trauben-Eiche auf steil nach Süden hin exponiertem, flachgründigem Hang im südwestlichen Buntsandstein-Odenwald nahe Heidelberg. Bei periodischen Wipfeldürren werden Baumhöhen von 5-10 m erreicht. (Foto: C. NEOPHYTOU)

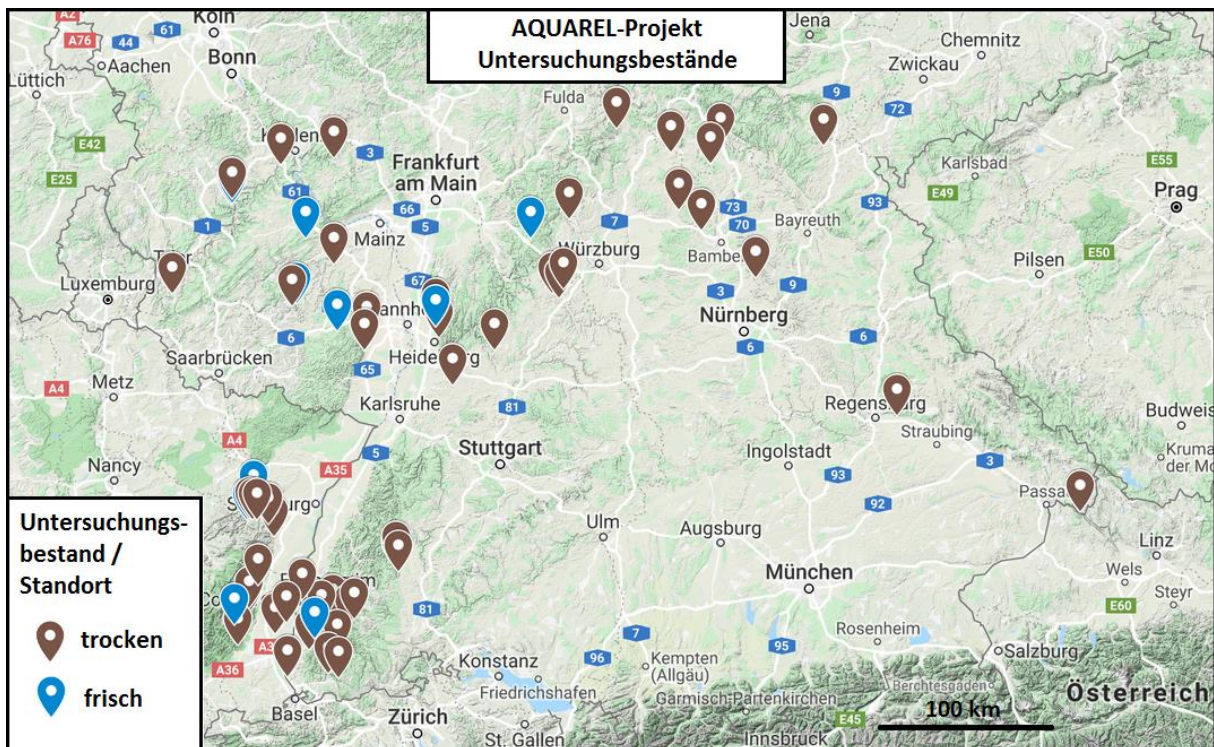


Abbildung 2: Verteilung der Untersuchungsbestände des AQUAREL-Projekts im Elsass, Rheinland-Pfalz, Baden-Württemberg und Bayern. Karte: C. NEOPHYTOU. Erstellt mithilfe von MyMaps Google ©.

Überprüfung des Reliktcharakters und der Habitatkontinuität

Der Reliktcharakter und die Habitatkontinuität der betreffenden Eichenstandorte werden im Projekt anhand der Untersuchung und Bestimmung von (1) xylobionten Käferarten als auch von (2) Moosen und Flechten beschrieben. Bei xylobionten Käferarten richtet sich das Untersuchungsdesign grundsätzlich an das durch die FVA entwickelte Monitoringprogramm zur Erfassung der Totholzkäfer in Bannwälder und der dazugehörigen Referenzflächen (SCHÜNEMANN 2017). Die Eichenflächen werden daraufhin auf wertgebende Arten untersucht. Wertgebende Arten werden in diesem Fall aus Urwaldreliktarten, Rote-Liste-Arten (europaweit, deutschlandweit, Baden-Württemberg) und die nach dem Bundesnaturschutzgesetz geschützten Arten zusammengesetzt (SCHÜNEMANN 2019). Ein Methodenmix aus Handfang, Leimring und Kreuzfensterfalle/Polytrap soll dabei ein breites Artenspektrum abdecken können. Im Zentrum der einzelnen Eichenflächen wird ein strukturreicher Ort (Totholz, Lichtraum und lebende Eichen) gesucht zur Installation von einer Polytrap und einem Leimring (Abbildung 3). Die Fallen werden im Untersuchungszeitraum monatlich von Mai bis Oktober an zwei aufeinanderfolgenden Jahren geleert bzw. erneuert. Des Weiteren werden bis zu drei Handfänge pro Jahr und Fläche eingeplant. Eine Pilotstudie zum beschriebenen Ablauf wurde erfolgreich auf zwei Standorten (Falkensteig und Staufen) im Jahr 2019 im Rahmen des Projektes durchgeführt (SCHÜNEMANN 2019).

Moose und Flechten benötigen einen sehr großen Zeiträumen zur Etablierung auf Bestandesebene unter gering gestörten Bedingungen. Daher stellen sie einen zusätzlichen Indikator der Habitatkontinuität dar. Die Bestimmung erfolgt im Projekt durch externe Sachverständige, die ihre Bestimmungsarbeit im Feld verrichten im jeweiligen Zentrum des Untersuchungsgebietes.



Abbildung 3: Untersuchungsbestand Staufen 2019 im Rahmen der Pilotstudie zur Bestimmung von xylobionten Käferarten. Leimring an stehendem Totholz. Polytrap abgehängt in lichter Eichengesellschaft. Werkzeuge zum Handfang. (Fotos: J. SCHÜNEMANN).

Autochthonie, Artansprache und innerartliche Struktur der Eiche aus genetischer Sicht

Um der Frage der refugialen Herkunft, der Artzugehörigkeit sowie der innerartlichen genetischen Struktur nachzugehen werden Kern- und Chloroplastenmikrosatelliten verwendet. Die mütterlich vererbte

Chloroplasten-DNA wird durch Samen von Generation zu Generation weitergegeben. Da nur seltene Mutationen zur Entstehung neuer Varianten führen, blieben die refugialen Haplotypen im Holozän (der aktuellen Warmzeit) unverändert und spiegeln noch die nacheiszeitlichen Rückwanderungswege wider (PETIT et al. 2002). Im SQUAREL-Projekt werden die cpDNA-Haplotypen der Untersuchungsbestände mit bereits vorhandenen räumlichen Mustern der cpDNA aus den gleichen Gebieten verglichen (z.B. PETIT et al. 2002, NEOPHYTOU & MICHELS 2013), um Rückschlüsse über die Autochthone der Populationen zu ziehen. Über die Chloroplasten-DNA hinaus werden hochvariable Kernmikrosatelliten (nSSRs) angewendet, um die Artidentität der untersuchten Bäume zu bestimmen sowie die innerartliche genetische Struktur zu untersuchen. Die ausgewählten Marker werden auf Tabelle 1 dargestellt.

Tabelle 1: Die ausgewählten Marker aus der Chloroplasten- und Kern-DNA, die zur Untersuchung der Herkunft/Autochthone, Artzugehörigkeit und innerartlichen genetischen Struktur verwendet werden (cpSSR = Chloroplasten-Mikrosatellit, nSSR = Kernmikrosatellit, EST-SSR = Kernmikrosatellit aus Expressed Sequence Tags).

Markernamen	Typ	Quellen
ccmp2, ccmp6, ccmp10	cpSSR	WEISING & GARDNER 1999
μ cd4, μ cd5, μ dt1, μ dt3, μ dt4, μ kk4	cpSSR	DEGOUILLOUX et al. 2003
QpZAG15, QpZAG104, QpZAG110	nSSR	STEINKELLNER et al. 1997
QrZAG5b, QrZAG7, QrZAG11, QrZAG20, QrZAG65, QrZAG87, QrZAG96, QrZAG112	nSSR	KAMPFER et al. 1998
MSQ13	nSSR	DOW et al. 1995
PIE020, PIE102, PIE152, PIE215, PIE223, PIE227, PIE242, PIE243, PIE267, PIE271	EST-SSR	DURAND et al. 2010

Untersuchung der stressphysiologischen Fähigkeiten von Altbäumen und ihren Nachkommen

Im Herbst 2018 wurde in allen ariden und humiden Vergleichsbeständen Saatgut gewonnen. Aus dem Saatgut wurde in Klimakammern unter kontrollierten günstigen Umweltbedingungen (Tag/Nacht Rhythmus Tag: 16h, 25°C und 55% Luftfeuchtigkeit, Nacht: 8h, 16°C und 75% Luftfeuchtigkeit; 500ppmv CO₂) Jungpflanzen kultiviert (Abbildung 4). Nach drei Monaten wurde das Blattmaterial der Pflanzen auf Stressweiser (Malondialdehyd, H₂O₂) und die beiden antioxidativ aktiven Tannine Vescalagin und Castalagin hin untersucht.

Das Saatgut wurde direkt in 16 cm tiefe Trays ausgesät, die sicherstellen, dass die Pfahlwurzel der jungen Pflanzen genug Platz findet. Die jungen Pflanzen wurden zweimal pro Woche bis zur Feldkapazität gegossen. Das Pflanzsubstrat bestand aus fünf Teilen Sand und einem Teil Torf, 10 % Eichenhumus und 4,5g/l Osmocote Langzeitdünger.



Abbildung 4: Ein Monat alte Nachkommenschaften in den Klimakammern unter günstigen Umweltbedingungen.
(Foto: F. SCHLOSSER)

Untersuchung der Anpassung auf genomischer Sicht

Für die Untersuchung der Anpassung wird Hybridisierungs- oder Sequenzanreicherung (targeted sequence enrichment), eine auf Hochdurchsatzsequenzierung (next generation sequencing) basierende Methode, angewendet. Grundsätzlich wird unter Verwendung hochspezifischer Oligonukleotidsonden gezielt sequenziert. Das heißt, DNA-Fragmente hybridisieren mit ihren homologen Sonden, nicht zielgerichtete Fragmente werden ausgewaschen und die verbleibenden Ziele werden vor dem Sequenzieren angereichert (Mamanova et al. 2010). Im Projekt werden Oligonukleotidsonden entwickelt, die auf alle Gene abzielen und auf dem Referenzgenom von *Quercus robur* (Lesur et al. 2018) annotiert sind, um dann zur Untersuchung der DNA-Pools jeder Population Verwendung zu finden. Die Signaturen der lokalen Anpassung in den Studienpopulationen werden auf der Grundlage von genetischen Variationen untersucht, die in den Zielgenen über zwei Ansätze nachgewiesen werden: (1) Outlier-Analysen basierend auf der Identifizierung von Ausreißer-Genorten, die eine hohe genetische Differenzierung zwischen Populationen auf frischen und auf trockenen Standorten aufweisen (Lotterhos und Whitlock 2014); (2) Assoziationsanalysen basierend auf der Identifizierung genetischer Varianten, die mit den Umwelt- und/oder Phänotypenvariablen zusammenhängen (RELLSTAB et al. 2015, TALBOT et al. 2017), um mögliche Kandidatengene abzuleiten.

Ergebnisse und Diskussion

Überprüfung des Reliktcharakters: erste Ergebnisse aus der Untersuchung der Käferfauna

Die einjährige Pilotstudie an den Standorten Staufen und Falkensteig erbrachte eine Vielzahl an Erkenntnissen zur Bestimmung xylobionter und wertgebender Tothholzkäferarten als auch zur Methodenfindung. Mit 65 bzw. 66 wertgebenden Arten (gefährdet, vom Aussterben bedroht, Reliktarten) war die Artenvielfalt zwischen den beiden Flächen zwar ähnlich. Jedoch zeigt ein erster Vergleich zwischen beiden Untersuchungsgebieten, dass der unproduktivere Standort Staufen tendenziell mehr Arten mit speziellen Habitatsansprüchen als Lebensraum dient als der etwas produktivere Standort Falkensteig

(SCHÜNEMANN 2019). In Staufen wurden drei (Rüsselkäfer *Gasterocercus depressirostris*, Dürsterkäfer *Prionychus melanarius* und der Schnellkäfer *Cardiophorus gramineus*), in Falkensteig eine Urwaldreliktart (Rüsselkäfer *Rhyncholus sculpturatus*) gefunden. Die Zusammensetzung unterschiedlicher Fangmethoden aus Polytrap, Handfang und Leimring ergab in der Pilotstudie ein breites Spektrum an nachgewiesenen Arten (Abbildung 5). Sonderstrukturen konnten besser erkannt werden und flossen somit in die erweiterte Auswertung mit ein.

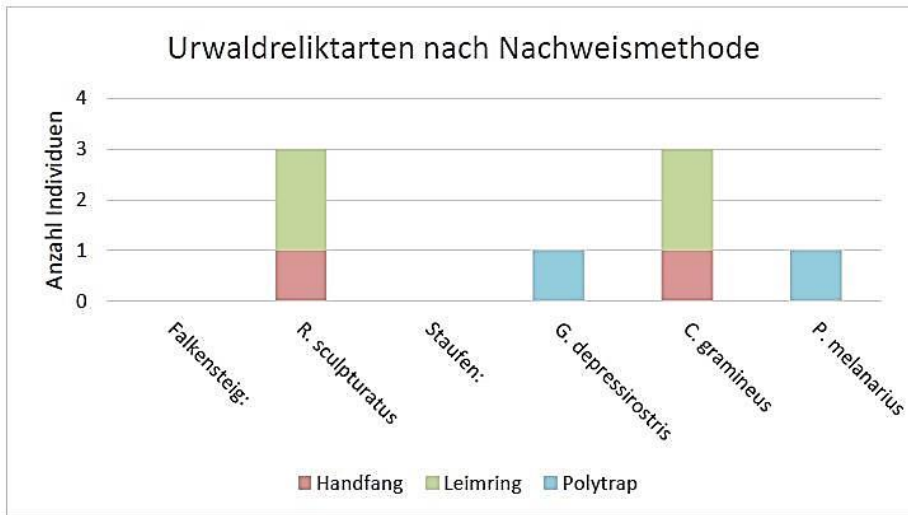


Abbildung 5: Die Urwaldreliktarten europäischer und deutscher Listen dargestellt nach der Erfassungsmethode für die Untersuchungsgebiete Falkensteig und Staufen (SCHÜNEMANN 2019).

Markergestützte genetische Analyse: erste Hinweise über Autochthonie?

Bisher liegen nur vorläufige Ergebnisse der Variation an Chloroplasten-Mikrosatelliten vor. Ein Vergleich von vier putativen Reliktbeständen des AQUAREL-Projekts, die sich im Bereich des westlichen Schwarzwaldes befinden und Bestände aus einer früheren Studie am Oberrhein (NEOPHYTOU & MICHIELS 2013) zeigen, dass nur ortstypische Haplotypen vorgefunden wurden (Abbildung 6). Darüber hinaus sind die Bestände relativ homogen. Nur in einem Fall (Falkensteig) kommen Haplotypen aus zwei verschiedenen Refugialherkünften (Iberisch und Balkan) vor. Die betreffende Kombination ist jedoch aus umliegenden Gebieten bekannt (Abbildung 6) und auf das Aufeinandertreffen unterschiedlicher Migrationswege im frühen Holozän zurückzuführen. Diese Beobachtungen sind im Einklang mit der Hypothese, dass die untersuchten Bestände autochthon sind.

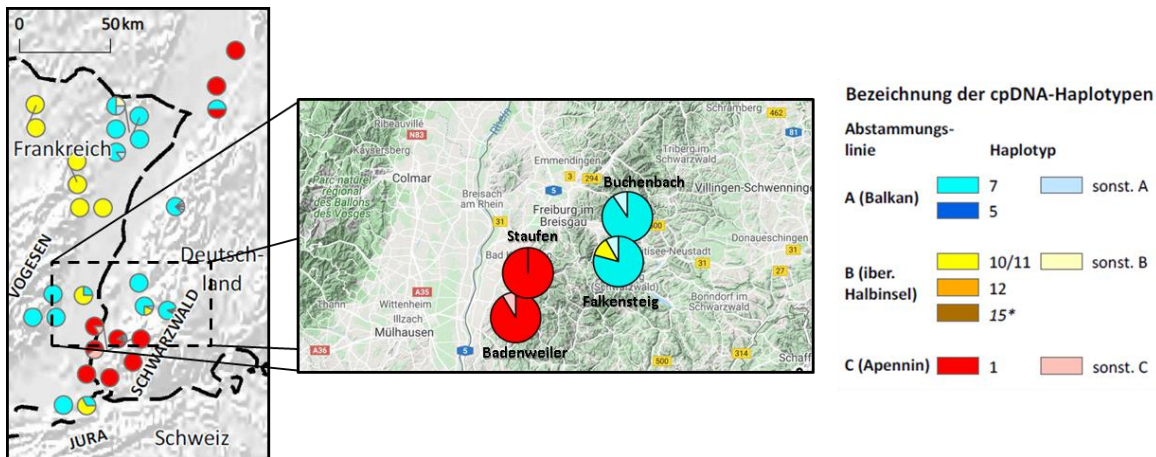


Abbildung 6: Vorläufige Ergebnisse der genetischen Untersuchung von Chloroplasten-Mikrosatelliten im Rahmen des AQUAREL-Projekts am Beispiel von vier Beständen aus kollinen Lagen am Westhang des Schwarzwaldes (rechts) im Vergleich zu früheren Ergebnissen (links; NEOPHYTOU & MICHIELS 2013, Neophytou 2015). Jedes Kuchendiagramm repräsentiert eine Population und zeigt die Häufigkeiten der verschiedenen Haplotypen. Die Bezeichnungen der Haplotypen und Abstammungslinien basieren auf PETIT et al. (2002). Nur Haplotyp 15 basiert auf NEOPHYTOU & MICHIELS (2013).

Stressphysiologische Untersuchung: Erkenntnisse über unterschiedliche Anpassungsstrategien?

Alle Pflanzen hatten nur geringe Gehalte an H_2O_2 und Malondialdehyd. Offensichtlich sind sie in einer weitestgehend stressarmen Umwelt herangewachsen. Dennoch waren die Pflanzen der frischen Herkünfte mindestens tendenziell, meistens sogar signifikant, reicher an Vescalagin und Castalagin (VC) als die ariden Herkünfte (Abbildung 7). Humide Stiel- und Traubeneichen akkumulieren diese beiden Substanzen unter günstigen Umweltbedingungen, um sie bei Trockenheit zu konsumieren. Eichen trockener Herkünfte sind dazu nicht in der Lage (ARAB et al. 2019).

Die Bestandespaare im Odenwald und im Spessart hatten sich in ihren VC-Gehalten nicht oder nicht eindeutig differenziert (Abbildung 7). Der frische Bestand im Spessart war zwar reicher an VC, die Gehalte schwankten aber von Baum zu Baum um den Faktor acht. Offensichtlich macht die Jahrhunderte alte Technik der Eichelsaat im Spessart die Angepasstheit der Bestände hinterfragbar. Auch die fehlende VC-Differenz im Odenwald macht die Annahme einer künstlichen Verjüngung wahrscheinlich.

Für die Untersuchung wurden Nachkommenschaften von frischen und trockenen Eichenbeständen unter kontrollierten günstigen Umweltbedingungen kultiviert. Je Untersuchungsbestand wurden sechs Jungpflanzen auf ihre Vescalagin-Castalagin-Gehalte (VC-Gehalte) hin untersucht. Die Bestandespaare oder Triplets wurden mittels einfaktorieller Varianzanalysen verglichen. Die Nachkommenschaften der frischen Bestände waren den trockenen in ihren VC-Gehalten um etwa den Faktor 0,3 bis über 2,3 überlegen. Lediglich im Odenwald ließ sich keinerlei Unterschied beobachten. Die Darstellung ordnet die an den Nachkommenschaften erarbeiteten Resultate in den geografischen Kontext der Provenienzbestände ein.

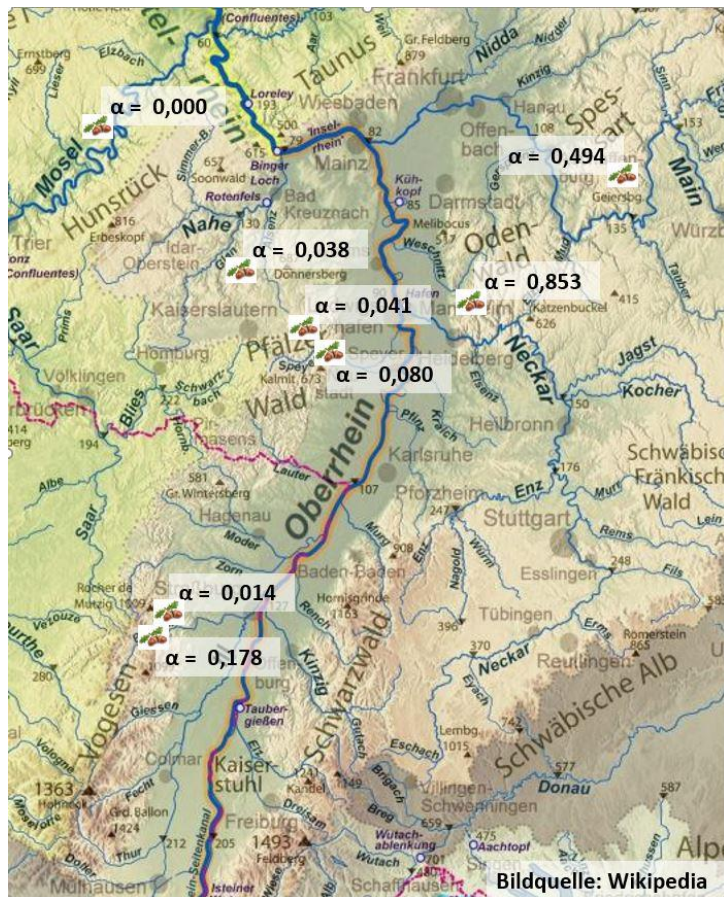


Abbildung 7: Signifikanzniveaus der VC-Differenzen zwischen den Nachkommenschaften frischer und trockener Traubeneichenbestände unterschiedlicher Regionen rund um den Oberrhein.

Umweltassoziation mithilfe von Hochdurchsatzsequenzierung: Was ist zu erwarten?

Die Ergänzung von Outlier-Tests mit einer Umweltassoziationsanalyse lässt einen Erkenntnisgewinn erwarten, denn letztere Methode kann Anpassungsmuster detektieren, die sonst nicht nachweisbar wären (RELLSTAB et al. 2015). Ferner erlaubt die simultane Anwendung beider Ansätze die Identifikation von Umweltparametern, die Relevant für die Anpassung der Eichen sind. Darüber hinaus wird erwartet, dass die Nähe zwischen Populationspaare, die frische und trockene Standorte repräsentieren, die Aussagekraft der Outlier-Tests erhöht (LOTTERHOS & WHITLOCK 2015). Dies ermöglicht tiefere Einblicke in die lokale Anpassung der Eichen hinein. Die Ergebnisse dieser Studie sollen zu der Anlage einer Nachkommenschaftsprüfung beitragen. Nachdem Populationen nach den Signaturen lokaler Anpassung in ihrem Genom untersucht werden, folgt dann im Feldversuch der Nachweis genetisch fixierter Wuchseigenschaften dieser Herkünfte mit Hinblick auf ihre zukünftige Verwendung als Quellen für forstliches Vermehrungsgut mit besonders hohem Anpassungspotenzial.

Schlussfolgerung

Vorläufige Untersuchungen ergaben erste Hinweise der Autochthonie und des Reliktcharakters der untersuchten Bestände. Sie zeigten, dass die Kombination der genetischen Analyse mit der Erfassung von Insekten-, Moosen- und Flechtenarten einen effizienten Ansatz darstellen kann, um dieser Frage nachzugehen. Autochthone Bestände mit einer langen Habitatkontinuität bieten ein ideales System für die Studie der lokalen Anpassung der Eichen. Es wird erwartet, dass die Assoziation von genetischen Variationen mit Umweltvariablen und physiologischen Parametern eine aussagekräftige Methode

anbieten wird, um dies zu prüfen. Vertiefte Erkenntnisse über die Anpassungskapazität der Eichen sind wertvoll für die Findung der Saatgutquellen für klimafitte Wälder der Zukunft.

Danksagung

Die Autoren bedanken sich herzlich für die Unterstützung aller Mitarbeiter, die auf der Fläche, im Labor oder im Büro, an den Projektarbeiten teilgenommen haben. Unser Dank gilt auch den lokalen Forstamtsmitarbeitenden für die Hinweise über mögliche Reliktvorkommen der Eiche, sowie für die Beratung vor Ort. Wir bedanken uns ebenfalls herzlich bei Jochen Schünemann für die engagierte Arbeit bei der Untersuchung der Insektenfauna. Das Projekt wurde durch den Waldklimafonds gefördert (Förderkennzeichen 22WK413501). Projektträger ist die Fachagentur Nachwachsender Rohstoffe (FNR).

Literatur

- ARAB L, DELB H, EVERTZ K, RENNEBERG H, SCHLOSSER F, SEEGMÜLLER S (2019) Anpassungsvermögen und Wirt-Parasit-Beziehungen der Eichen im Klimawandel (APEK)-Schlussbericht. Trippstadt: Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft (FAWF) Rheinland-Pfalz. 122 S.
- BREWER S, CHEDDADI R, DE BEAULIEU JL, REILLE M (2002) The spread of deciduous *Quercus* throughout Europe since the last glacial period. *Forest Ecology and Management*, 156(1-3): 27–48.
- 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.
- DOW BD, ASHLEY MV, HOWE HF (1995) Characterization of highly variable (GA/CT)_n microsatellites in the bur oak, *Quercus macrocarpa*. *Theoretical and Applied Genetics* 91 (1): 137–141.
- DUCOUSSO A, GUYON JP, KREMER A (1996) Latitudinal and altitudinal variation of bud burst in western populations of sessile oak (*Quercus petraea* (Matt) Liebl). *Annales des Sciences Forestières* 53(2–3): 775–782.
- DURAND J, BODÉNÈS C, CHANCEREL E, FRIGERIO JM, VENDRAMIN G, SEBASTIANI F, BUONAMICI A, GAILING O, KOELEWIJN HP, VILLANI F, MATTIONI C (2010) A fast and cost-effective approach to develop and map EST-SSR markers: oak as a case study. *BMC Genomics* 11 (1): 570.
- KAMPFER S, LEXER C, GLOSSL J, STEINKELLNER H (1998) Brief report characterization of (GA)_n microsatellite loci from *Quercus robur*. *Hereditas* 129(183): 1–86.
- LESUR I, ALEXANDRE H, BOURY C, CHANCEREL E, PLOMION C, KREMER A (2018) Development of target sequence capture and estimation of genomic relatedness in a mixed oak stand. *Frontiers in Plant Science* 9: 996.
- LOTTERHOS KE, WHITLOCK MC (2014) Evaluation of demographic history and neutral parameterization on the performance of F_{ST} outlier tests. *Molecular Ecology* 23(9): 2178–92.
- LOTTERHOS KE, WHITLOCK MC (2015) The relative power of genome scans to detect local adaptation depends on sampling design and statistical method. *Molecular Ecology* 24(5): 1031–1046.
- MAMANOVA L, COFFEY AJ, SCOTT CE, KOZAREWA I, TURNER EH, KUMAR A, HOWARD E, SHENDURE J, TURNER DJ (2010) Target-enrichment strategies for next-generation sequencing. *Nature Methods* 7(2): 111.
- NEOPHYTOU C, MICHIELS H-G (2013) Upper Rhine Valley: A migration crossroads of middle European oaks. *Forest Ecology and Management* 304: 89–98.
- NEOPHYTOU C (2015) Wirkt sich menschliche Bewirtschaftung auf das Erbgut der Eichen am Oberrhein aus? *Forstarchiv* 86: 183–193.
- PETIT RJ, CSAIKL UM, BORDÁCS S, BURG K, COART E, COTTRELL J, VAN DAM B, DEANS JD, DUMOLIN-LAPÈGUE S, FINESCHI S, FINKELDEY R, GILLIES A, GLAZ I, GOICOECHEA PG, JENSEN JS, KÖNIG AO, LOWE AJ, MADSEN SF, MÁTYÁS G, MUNRO RC, OLALDE M, PEMONGE M-H, POPESCU F, SLADE D, TABBENER H, TAURCHINI D, DE VRIES SGM, ZIEGENHAGEN B, KREMER A (2002) Chloroplast DNA variation in European white oaks: phylogeography and patterns of diversity based on data from over 2600 populations. *Forest Ecology and Management* 156: 5–26.
- RELLSTAB C, GUGERLI F, ECKERT AJ, HANCOCK AM, HOLDEREGGER R (2015) A practical guide to environmental association analysis in landscape genomics. *Molecular Ecology* 24(17): 4348–4370.

- SÁENZ-ROMERO C, LAMY JB, DUCOUSO A, MUSCH B, EHRENMANN F, DELZON S, CAVERS S, CHAŁUPKA W, DAĞDAŞ S, HANSEN JK, LEE SJ (2017) Adaptive and plastic responses of *Quercus petraea* populations to climate across Europe. *Global Change Biology* 23 (7): 2831–2847.
- SCHÜNEMANN J (2017) Monitoring der Totholzkäfer in Bannwäldern Baden-Württembergs und auf dazugehörigen Referenzflächen im Wirtschaftswald. Bericht. Landschaftsökologische Gutachten und Biotoppflege (LÖGB) Jochen Schünemann. 36 Seiten.
- SCHÜNEMANN J (2019) AQUAREL: Pilotstudie zur Beschreibung der Habitattradition über die Erfassung von xylobionten Käfern im Rahmen von Aquarel auf den Auswahlflächen Staufen und Falkensteig. Bericht. Landschaftsökologische Gutachten und Biotoppflege (LÖGB) Jochen Schünemann. 24 Seiten.
- STEINKELLNER H, LEXER C, TURETSCHKE E, GLÖSSL J (1997) Conservation of (GA)_n microsatellite loci between *Quercus* species. *Molecular Ecology* 6(12): 1189–1194.
- TALBOT B, CHEN TW, ZIMMERMAN S, JOOST S, ECKERT AJ, CROW TM, SEMIZER-CUMING D, SESHADRI C, MANEL S (2016) Combining genotype, phenotype, and environment to infer potential candidate genes. *Journal of Heredity* 108 (2): 207–216.
- WAGNER S, LAGANE F, SEGUIN-ORLANDO A, SCHUBERT M, LEROY T, GUICHOUX E, CHANCEREL E, BECH-HEBELSTRUP I, BERNARD V, BILLARD C, BILLAUD Y, BOLLIGER M, CROUTSCH C, ČUFAR K, EYNAUD F, HEUSSNER U, KÖNINGER J, LANGENEGGER F, LEROY F, LIMA C, MARTINELLI N, MOMBER G, BILLAMBOZ A, NELLE O, PALOMO A, PIQUÉ R, RAMSTEIN M, SCHWEICHEL R, STÄUBLE H, TEGEL W, TERRADAS X, VERDIN F, PLOMION C, KREMER A, ORLANDO L (2018) High-throughput DNA sequencing of ancient wood. *Molecular Ecology* 27 (5): 1138–1154.
- 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.
- WUNDERLICH L, FORREITER L, LINGENFELDER M, KONNERT M, NEOPHYTOU C (2017) Macht die Herkunft den Unterschied? Ergebnisse der Nachkommenschaftsprüfungen von Stieleiche (*Quercus robur* L.) und Fichte (*Picea abies* (L.) Karst.) in Baden-Württemberg. *Allgemeine Forst- und Jagdzeitung* 188 (9–10): 153–168.

Autoren

Dr. CHARALAMBOS NEOPHYTOU, ALEXANDER BRAUN, DEVRIM SEMIZER-CUMING HANS-GERHARD MICHIELS
Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg (FVA), Waldnaturschutz, Wonnhaldestraße 4, 79100
Freiburg
charalambos.neophytou@forst.bwl.de

Dr. BARBARA FUSSI, ISABEL MÜCK
Bayerisches Amt für Waldgenetik (AWG), Angewandte forstgenetische Forschung, Forstamtsplatz 1
83317 Teisendorf

FRANZISKA SCHLOSSER, STEFAN SEEGMÜLLER
Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz (FAWF), Nachhaltige Waldbewirtschaftung,
Hauptstraße 16, 67705 Trippstadt

Evaluierung verschiedener Saatguternte- und Behandlungsvarianten für Bestände der Stiel- und Trauben-Eiche

ANDRÉ HARDTKE, MEIK MEIßNER UND WILFRIED STEINER

Zusammenfassung

Aktuelle und zukünftige Entwicklungen wie Klimawandel, Kalamitäten und gestiegene Nachfrage nach Eichensaatgut verdeutlichen die Notwendigkeit zur Erzeugung leistungsfähigeren Forstvermehrungsgutes. Saatgut aus zugelassenen Saatguterntebeständen besitzt die erwünschte Leistungsfähigkeit nur bedingt. Samenplantagen erfüllen die Anforderungen besser, tragen aber nur in geringem Maße zur Saatgutversorgung bei. Die Situation kann durch die Anlage neuer Samenplantagen nur mittelfristig verbessert werden. Im Projekt „FitForClim“ wurde daher nach Wegen gesucht, den Markt kurzfristig mit höherwertigem Vermehrungsgut zu versorgen. Dazu wurde ein Saatguterntekonzept erstellt, welches auf einer Einzelbaumberntung von phänotypisch hervorragenden Individuen basiert. Hierbei wurden waldbauliche Behandlungsvarianten für Erntebestände zur Verbesserung der Saatgutqualität erarbeitet und miteinander verglichen. In Saatguterntebeständen wurden Testflächen angelegt auf denen alle Bäume auf ihre Eignung als Saatguterntebäume geprüft und entsprechend ihrer Vitalität, Wuchsqualität und -leistung in Qualitätsstufen eingeteilt wurden.

In den Testbeständen wurde untersucht, wie hoch der Fremdsamenanteil bei Einzelbaumberntungen ist und wie sich die Behandlungsmaßnahmen auf die Bestände, die potentielle genetische Vielfalt des Saatguts und die Bestäubungssituation innerhalb der Testbestände auswirken. Zusätzlich wurde mit Hilfe eines Qualitätsmodells der theoretisch erzielbare Mehrgewinn an Leistung und Form bei unterschiedlichen Beerntungs- und Behandlungsvarianten abgeschätzt.

Abschließend wurden die einzelnen Varianten bezüglich ihrer praktischen Umsetzbarkeit, der realisierbaren Leistungssteigerung und der Auswirkung auf die genetische Vielfalt evaluiert. Der Forstpraxis werden hier für sie angepasste Beerntungs- und Behandlungsvarianten angeboten.

Schlüsselworte: Eichensaatgut, Einzelbaumberntung, Qualitätssteigerung, genetische Vielfalt

Abstract

Evaluation of different seed harvesting and treatment options for common oak and sessile oak.

Current and future developments illustrate the need to produce more high-quality forest reproductive material. Seeds from seed stands have only a limited potential to fulfill the requirements. Seed orchards meet the requirements, but contribute only slightly to the seed supply. The situation can only be improved in the medium term through the establishment of new seed orchards. The project „FitForClim“ aims to supply the market with higher quality propagation material in the short term. Thus, we developed a concept on how to improve seed quality by focusing seed harvests on phenotypically excellent trees coupled with the removal of low-quality trees. Four test sites were established on which every single oak trees' value for seed production was rated according to its vitality, growth performance and stem form quality.

On these test sites we analyzed the proportion of seed input from neighboring trees when only single high-quality trees are harvested. We implemented a model to estimate the effects of single tree harvesting and different intensity levels of silvicultural operations on the potential genetic diversity of the

seed and on the pollination situation. In addition, we applied another model to evaluate the potential gain in growth performance and stem quality through single tree harvest and silvicultural operations.

We ran ten different scenarios and evaluated them according to their potential to increase seed quality while maintaining a sufficient genetic diversity and their feasibility.

Keywords: oak seed, single tree harvest, quality improvement, genetic diversity

Einleitung

Das Klima in Mitteleuropa befindet sich im Wandel. Prognosen deuten darauf hin, dass die Sommermonate deutlich trockener und vor allem wärmer werden (IPCC 2014). Das begünstigt im besonderen Maße die heimischen Eichenarten, da diese im Vergleich zu anderen mitteleuropäischen Laubbaumarten deutlich unempfindlicher gegenüber Trockenstress sind (HANEWINKEL et al. 2013, METTE et al. 2013, BONFILS et al. 2015). Untersuchungen zeigen ebenfalls, dass sich das Verbreitungsgebiet der Eichen weiter vergrößern wird. Besonders in höheren Lagen wird die Eiche in Zukunft zunehmend waldbaulich interessanter werden (BRANG et al. 2008, JANDL et al. 2012, LEUCH et al. 2017). Während die auf Klimahüllen basierenden Areale der Fichte und Buche um 65 % bzw. 13 % abnehmen, nehmen die Areale der Stiel- und Trauben-Eiche um 8 % bzw. 2 % zu (KÖLLING & ZIMMERMANN 2007). Die klimatischen Verhältnisse in den Jahren 2018 und 2019 haben bereits jetzt zu massiven Schäden, besonders an Nadelholzbeständen geführt. Es sind viele Freiflächen entstanden, die wieder aufgeforstet werden müssen. Den Eichen wird daher schon heute eine besondere waldbauliche Rolle aufgetragen, sie wird für den Aufbau neuer klimastabilerer Bestände vermehrt benötigt.

Aktuell wird ein immer größer werdender Waldanteil mit Nutzungsrestriktionen belegt oder aus der Nutzung genommen. Zwei Drittel der Waldfläche Deutschlands sind bereits mit einem mehr oder weniger intensiven Schutzstatus belegt (POLLEY 2009). Bis 2020 sollen 5 % aller Waldflächen oder 10 % aus öffentlicher Hand gänzlich von der Nutzung ausgenommen sein (BMUB 2014). Gleichzeitig steigt die Nachfrage nach Holz kontinuierlich an (MANTAU 2006, 2012). Daher müssen für die kontinuierliche nachhaltige Versorgung des Holzmarktes neu angelegte Bestände deutlich leistungsfähiger sein.

Der Phänotyp eines Baumes wird durch die Genetik und seine Umwelt bestimmt (ROHMEDER & SCHÖNBACH 1959). Während Leistungsparameter wie das Höhen- und Dickenwachstum bis zu 25 % von genetischen Faktoren abhängig sind, werden Drehwuchs und Geradschaftigkeit bis zu 60 % von der Genetik bestimmt (GEBUREK 2004). Die Ausführungen verdeutlichen, dass mit der genetischen Qualität des Saatgutes der Grundstein für den wirtschaftlichen Erfolg eines Bestandes gelegt wird.

Das Saatgut der Eichen wird hauptsächlich in zugelassenen Saatguterntebeständen gewonnen. Aktuell sind 9.672 ha Stiel-Eichenbestände und 30.296 ha Trauben-Eichenbestände für die Beerntung zugelassen (BLE 2013). Bei der üblichen flächigen Beerntung der Bestände kann jedoch eine Leistungssteigerung weitestgehend ausgeschlossen werden. Die Qualität des Saatgutes entspricht der des Bestandes. Als weitere Quelle können Samenplantagen genannt werden. Diese stellen Saatgut mit einem gesteigerten Leistungspotential und besseren Formeigenschaften bereit (GROTEHUSMANN und SCHÖNFELDER 2011). Mit insgesamt 38 ha Fläche tragen Samenplantagen jedoch nur gering zur Saatgutversorgung bei.

Im Rahmen des Verbundprojektes „FitForClim“ werden aktuell Plusbäume vegetativ vermehrt. Das genetische Potenzial dieser Plusbäume wird im Projekt „AdaptForClim“ in Klonarchiven gesichert. Später sollen mit ihnen neue Samenplantagen angelegt werden (MEISSNER et al. 2015). Die neu angelegten Samenplantagen werden jedoch frühestens in 15 Jahren den Markt mit leistungsfähigerem Saatgut versorgen. Um die Versorgungssituation auch kurzfristig verbessern zu können wurde in „FitForClim“ zusätzlich ein Konzept erarbeitet, welches die Möglichkeiten der Gewinnung von höherwertigem Vermehrungsgut aus zugelassenen Saatguterntebeständen analysiert.

Kern des Konzeptes ist die Beerntung von phänotypisch guten Einzelbäumen. Zusätzlich sollen waldbauliche Eingriffe die Saatgutqualität steigern.

Material und Methoden

Zu Beginn wurden fünf Testflächen in Saatguterntebeständen eingerichtet, um unterschiedliche Varianten für die Saatguternte und waldbauliche Behandlung zu erarbeiten und zu simulieren. Innerhalb der Testflächen wurden alle Bäume kartiert und bonitiert. Anschließend wurden die Bäume entsprechend ihrer Eignung als Erntebaum in fünf Qualitätsstufen eingeteilt (HARDTKE et al. 2016). Relevante Parameter für die Einteilung waren Vitalität, Wuchsleistung und Stammqualität.

Qualitätsstufen:

Stufe 1: weit überdurchschnittliche Bewertung bei allen drei Parametern

Stufe 2: überdurchschnittliche Leistungs- und Formeigenschaften

Stufe 3: durchschnittliche Leistungs- und Formeigenschaften

Stufe 4: unterdurchschnittliche Leistungs- und Formeigenschaften

Stufe 5: Individuen mit einer stark eingeschränkten Vitalität

Tabelle 1: Übersicht über die einzelnen Beerntungs- und Behandlungsvarianten

Variante	Beschreibung
0	Status quo – flächige Beerntung der Bestände
1.1	Beerntung der Bäume mit Qualitätsstufen 1 und 2, keine waldbaulichen Eingriffe, Fremdsameneintrag wird toleriert
1.2	Beerntung der Bäume mit Qualitätsstufe 1, keine waldbaulichen Eingriffe, Fremdsameneintrag wird toleriert
2.1	Beerntung der Bäume mit Qualitätsstufen 1 und 2, die Erntebäume werden frei gestellt, Fremdsameneintrag wird nicht toleriert
2.2	Beerntung der Bäume mit Qualitätsstufe 1, die Erntebäume werden frei gestellt, Fremdsameneintrag wird nicht toleriert
3.1	Beerntung Bäume mit Qualitätsstufen 1 und 2, die Erntebäume werden frei gestellt, zusätzlich werden die unterdurchschnittlich veranlagten Bäume entfernt, Fremdsameneintrag wird nicht toleriert, Pollenbeitrag der unterdurchschnittlichen Bäume wird minimiert
3.2	Beerntung der Bäume mit Qualitätsstufe 1, die Erntebäume werden frei gestellt, zusätzlich werden die unterdurchschnittlich veranlagten Bäume entfernt, Fremdsameneintrag wird nicht toleriert, Pollenbeitrag der unterdurchschnittlichen Bäume wird minimiert
4.1	Beerntung der Bäume mit Qualitätsstufen 1 und 2, die Erntebäume werden frei gestellt, zusätzlich werden die Bäume der Qualitätsstufen 3, 4 und 5 entfernt, Fremdsameneintrag wird nicht toleriert, Pollenbeitrag anderer Bäume wird minimiert
4.2	Beerntung der Bäume mit Qualitätsstufe 1, die Erntebäume werden frei gestellt, zusätzlich Bäume der Qualitätsstufen 3, 4 und 5 entfernt, Fremdsameneintrag wird nicht toleriert, Pollenbeitrag der anderen Bäume wird minimiert
4.3	Beerntung der Bäume mit Qualitätsstufe 1, alle anderen Individuen werden entfernt, Pollenbeitrag der Bäume mit Qualitätsstufen 2 bis 5 wird minimiert

Für die Erntebestände wurden Beerntungs- und Behandlungsvarianten erarbeitet, die den theoretischen Handlungsspielraum darlegen, um die Saatgutqualität zu verbessern. Die Varianten unterschieden sich

hinsichtlich der zu beerntenden Qualitätsstufen und damit in der Anzahl der Erntebäume und der waldbaulichen Eingriffsintensität, mit der die genetische Qualität des Saatgutes gesteigert werden kann. Aus praktischen Gründen wird als Sammelbereich für die Saatguternte die Kronenprojektion der Erntebäume angenommen. Tabelle 1 gibt eine Übersicht über die einzelnen Varianten.

Die Beerntungs- und Behandlungsvarianten werden im Folgenden am Beispiel eines Saatguterntebestandes bei Reinhardshagen (Hessen) dargestellt. Hierfür wird der Lageplan der bonitierten Eichen auf der Testfläche sowie deren Kronenprojektionsfläche (graue Umrandung) verwendet. Abbildung 1 zeigt den Status quo und steht für die Variante 0 mit flächiger Beerntung ohne waldbauliche Eingriffe.

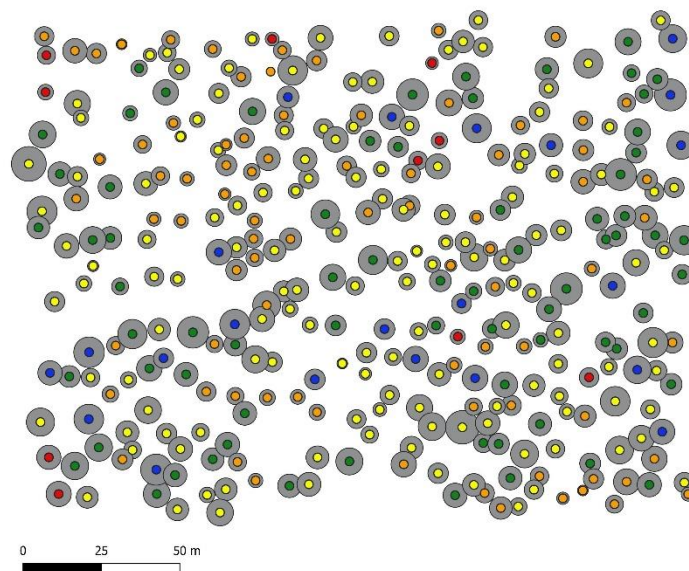


Abbildung 1: Testbestand Reinhardshagen, Stammverteilung der Ausgangslage. Farbige Punkte stellen den Standort der Eichen und die verschiedenen Qualitätsstufen dar (blau = weit überdurchschnittliche Eigenschaften, grün = überdurchschnittliche Eigenschaften, gelb = durchschnittliche Eigenschaften, orange = unterdurchschnittliche Eigenschaften, rot = stark eingeschränkte Vitalität). Die graue Umrandung stellt den Kronenbereich maßstabsgetreu dar.

Ergebnisse

Nach der Einteilung in Qualitätsstufen entfallen im Testbestand Reinhardshagen (322 Bäume) 6,8 % der Bäume auf die erste Stufe und 22,0 % auf die zweite Stufe. 42,9 % und 25,2 % entfallen auf die dritte und vierte Stufe. 3,1 % entfallen auf die letzte Stufe. Damit sind bei Beerntung der ersten und zweiten Stufe maximal 28,8 % der Bäume für die Saatguternte geeignet. Ein Großteil der Bäume ist umgekehrt für die Ernte nicht oder nur mäßig geeignet.

Anhand eines Qualitätsmodells wurde der Mehrgewinn der einzelnen Varianten abgeschätzt. Nach einer Vorgabe kann durch die Variante 4.3 bzw. für Eltern der Qualitätsstufe 1 ein Mehrgewinn an Leistung und Form von bis zu 10 % erzielt werden (HARDTKE et al. 2017). Davon ausgehend berechnen sich die Mehrgewinne der anderen Beerntungs- und Behandlungsvarianten.

Ab der Variante 2.1 wird ein Fremdsameneintrag durch benachbarte Bäume nicht mehr toleriert. Daher wurde in den Testbeständen ebenfalls untersucht, wie hoch der Fremdsamenanteil unter dem Kronenbereich eines Erntebaumes ist und wie weit dieser frei gestellt werden muss, um Fremdsameneintrag zu vermeiden. Simulationen auf der Basis von Elternschaftsanalysen an gesammelten Eicheln zeigten, dass im Mittel die Erntebäume um 3,45 m frei gestellt werden müssen. Dadurch kann der

Fremdsameneintrag auf ca. 5 % begrenzt werden. Auf Grundlage der Ergebnisse wurden die waldbaulichen Auswirkungen der Freistellung und der einzelnen Behandlungsvarianten ermittelt.

Saatgut aus der selektiven Beerntung von Einzelbäumen soll nicht nur leistungsfähig sein, sondern muss auch eine hohe Vielfalt aufweisen. Daher wurde jeder Baum in den Testflächen mit Hilfe von acht Mikrosatelliten genetisch charakterisiert. Auf Grundlage der Beerntungs- und Behandlungsvarianten wurden Auswirkungen auf die Variabilität berechnet. Zusätzlich wurde die Bestäubungssituation innerhalb der Testbestände ermittelt. Hier zeigte sich, dass ca. 50 % des Pollenanteils von außerhalb der Testflächen kam. Innerhalb der Testflächen wurden z.T. große Bestäubungsdistanzen festgestellt.

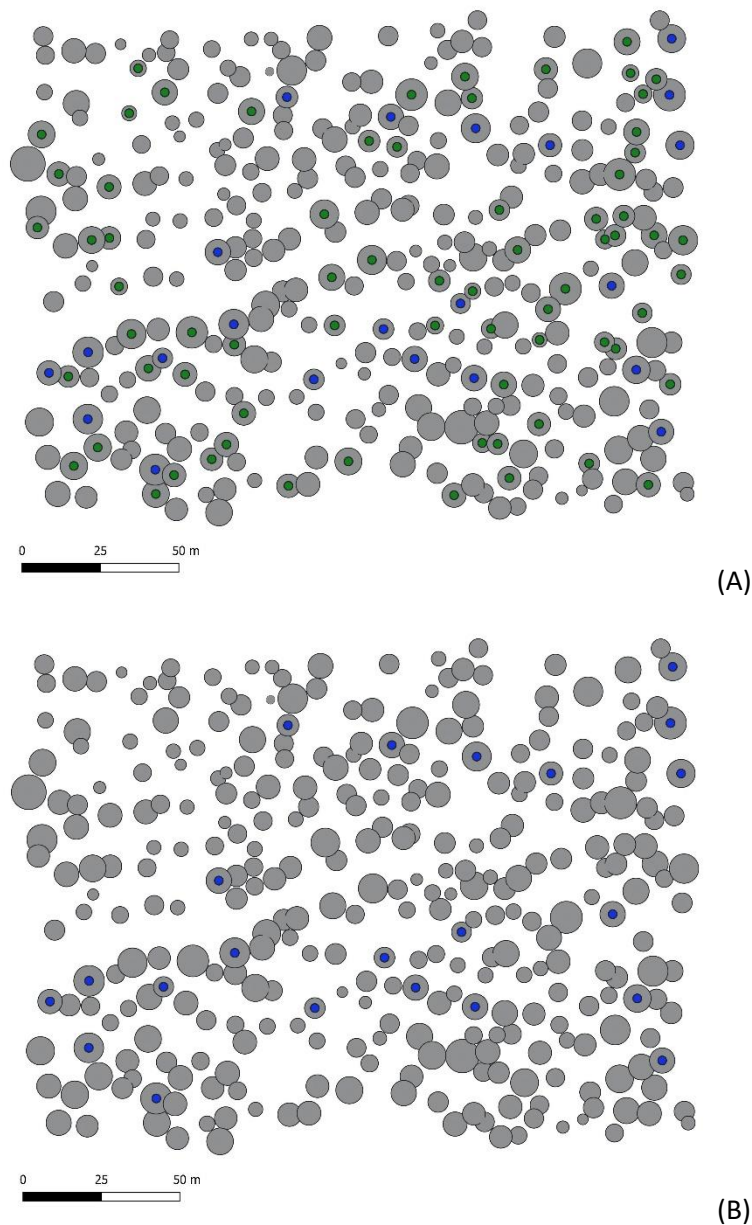


Abbildung 2: Einzelbaumweise Beerntung ohne waldbauliche Eingriffe. In Variante 1.1 (A) Beerntung der Qualitätsstufen 1 und 2, in Variante 1.2 (B) Beerntung der Qualitätsstufe 1.

Abbildung 2 zeigt die Varianten 1.1 und 1.2 bei denen eine einzelbaumweise Beerntung ohne waldbauliche Eingriffe in den Bestand durchgeführt wird. Man erkennt, dass zahlreiche nicht beerntete Bäume teilweise sehr nah an den Erntebäumen stehen und so zu Fremdsameneintrag führen. Das Leistungspotential kann daher nur gering (1.1) oder mäßig (1.2) gesteigert werden. In dieser Variante wird nur die Sammelmethode verändert, es ergeben sich damit keine Änderungen bei der Bestandesvielfalt und Struktur.

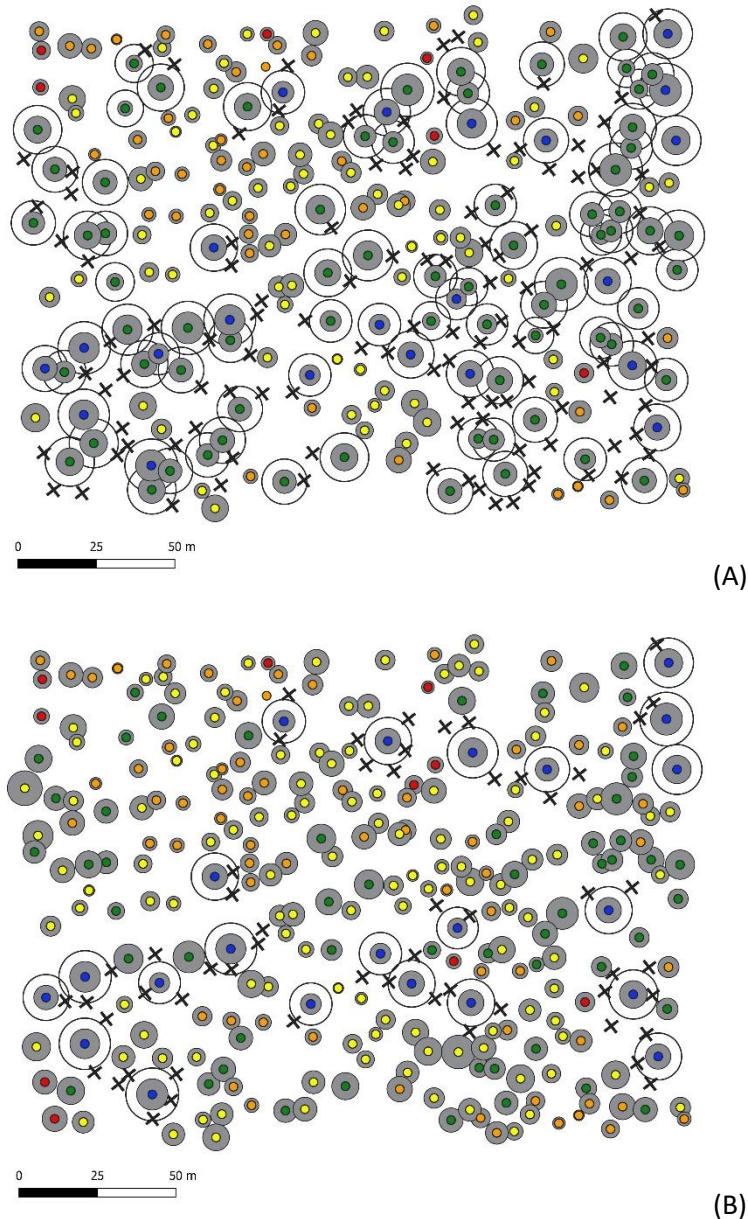


Abbildung 3: Variante 2.1 mit Beerntung der Qualitätsstufen 1 und 2 (A), in Variante 2.2 nur Beerntung der Qualitätsstufe 1 (B), um die Erntebäume wurden Nachbarbäume schlechterer Qualität entfernt (x).

Bei den in Abbildung 3 dargestellten Varianten 2.1 und 2.2 wurden im festgelegten Freistellungsbereich der Kronen (schwarze Kreise um die Kronenbereiche) die Nachbarbäume der Erntebäume entfernt (schwarze Kreuze). Bei einer Einzelbaumbeerntung der Bäume in Stufe 1 und 2 bzw. nur der Stufe 1, wird eine Steigerung des Leistungspotentials von etwa 4,0 % bzw. 5,3 % erwartet. Die genetische Vielfalt des

Erntebestandes wird bei der Variante 2.1 um 8,1 % und die Bestandesgrundfläche um 32,9 % reduziert. Bei der Variante 2.2 wird die genetische Vielfalt des Erntebestandes um 3,8 % und die Bestandesgrundfläche um 17,6 % reduziert.

Abbildung 4 zeigt die Beerntungs- und Behandlungsvarianten 3.1 und 3.2. Hier wurden die Nachbarbäume innerhalb des Freistellungsraums der Kronen (schwarze Kreise um die Kronenbereiche) und die schlechtesten Vererber (Stufen 4 und 5) entfernt (schwarze Kreuze). Das Leistungspotential wird mit 4,9 % (3.1) und 6,3 % (3.2) deutlich gesteigert. Die genetische Vielfalt des Erntebestandes wird bei den Varianten 3.1 und 3.2 um 14,9 % bzw. um 11,5 % und die Bestandesgrundfläche um 44,0 % bzw. 35,6 % reduziert.

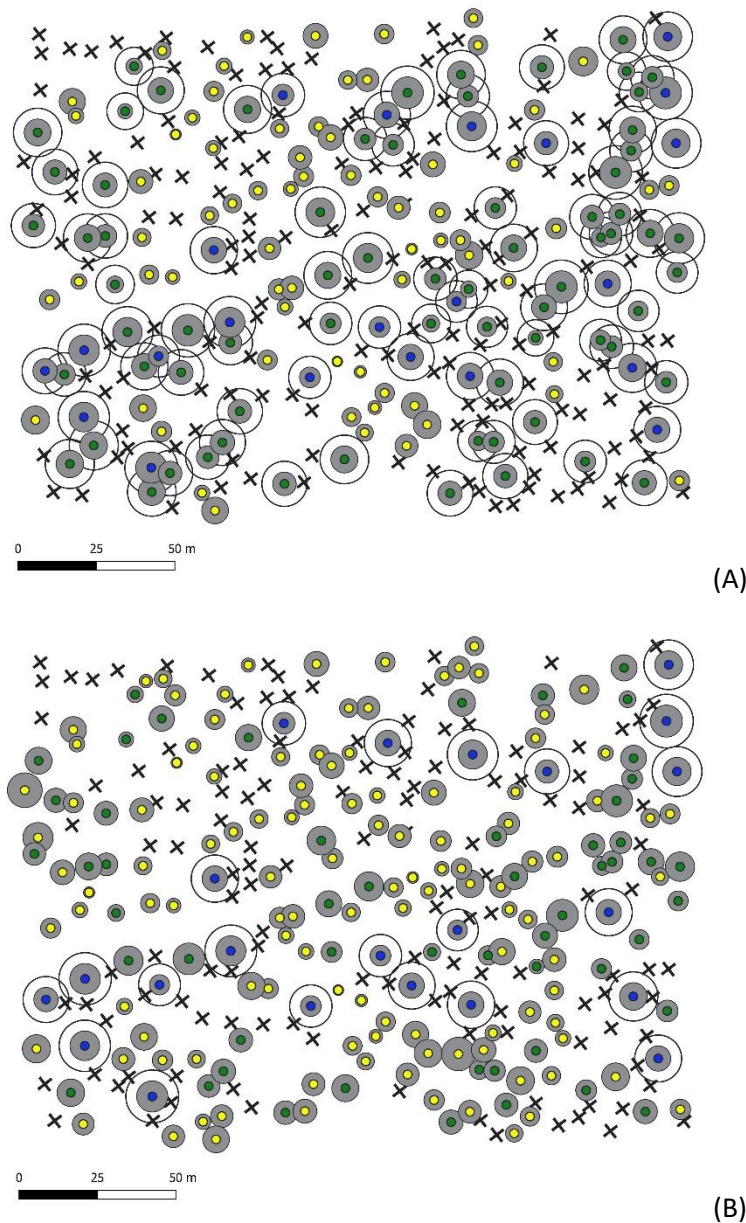


Abbildung 4: Variante 3.1. mit Beerntung der Bäume in Qualitätsstufen 1 und 2 (A), Variante 3.2. mit Beerntung der Qualitätsstufe 1 (B). Nachbarbäume schlechterer Qualität wurden entfernt, zusätzlich erfolgte die bestandesweite Entnahme der Bäume in den Stufen 4 und 5.

Abbildung 5 stellt die Umsetzung der Varianten 4.1 und 4.2 dar. Bei diesen wurden alle Bäume bis auf die Stufen 1 und 2 entfernt. Das Leistungspotential wird mit 6,2 % (4.1) und 8,2 % (4.2) deutlich gesteigert. Die genetische Vielfalt des Erntebestandes und die Bestandesgrundfläche werden um 25,5 % bzw. um 62,9 % (Variante 4.1) und um 30,6 % bzw. um 69,2 % (Variante 4.2) reduziert.

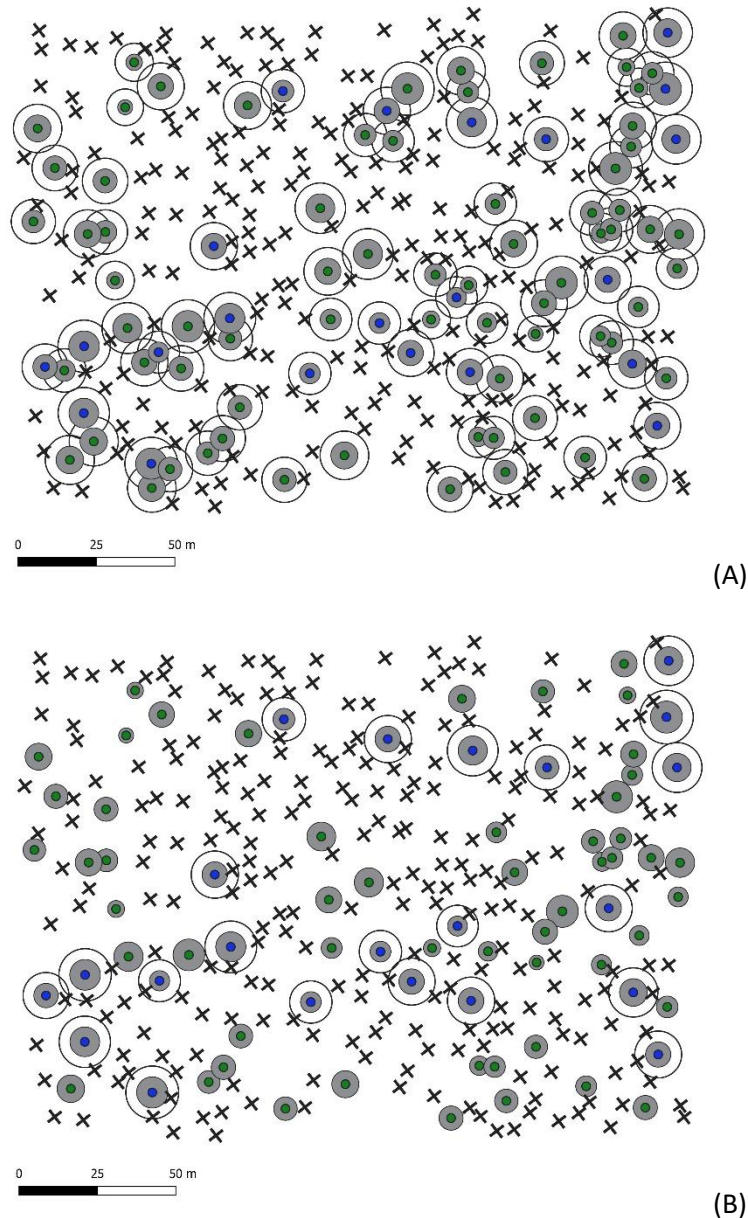


Abbildung 5: In Variante 4.1 verbleiben nur die Erntebäume der Stufen 1 und 2 im Bestand und werden beerntet (A). In Variante 4.2 werden nur Bäume der Stufe 1 beerntet, die Kronen der Erntebäume werden zusätzlich freigestellt (B).

Abbildung 6 zeigt die Variante 4.3 mit der stärksten Eingriffsintensität, bei der lediglich die sehr guten Bäume im Bestand verbleiben. In diesem Zustand entspricht die Situation annähernd der einer Samenplantage, bei der nur noch Plusbäume als Samen- und Pollenspender vorhanden sind. Für Samenplantagen werden nach KLEINSCHMIT et al. (1975) Leistungssteigerungen von 10 % angegeben, die auch hier zugrunde gelegt wurden. Jedoch kann der Polleneintrag von außen das Leistungspotential

deutlich verringern. Die Variante reduziert die Bestandesvielfalt des Erntebestandes um 56,2 % und die Bestandesgrundfläche um 90,1 %.

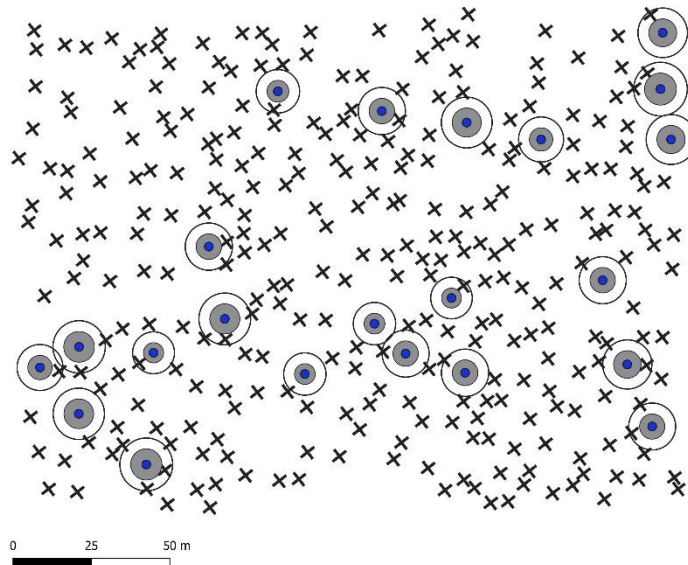


Abbildung 6: Variante 4.3, im Bestand verbleiben lediglich die Erntebäume der Stufe 1.

Tabelle 2 gibt einen Überblick über die zu erwartenden Auswirkungen auf den Saatguterntebestand, bei der Umsetzung der unterschiedlichen Beerntungs- und Behandlungsvarianten.

Tabelle 2: Auswirkungen der unterschiedlichen Beerntungs- und Behandlungsvarianten auf den Saatguterntebestand bei Reinhardshagen

Variante	Leistungssteigerung [%]	Reduktion der genetischen Vielfalt des Erntebestandes [%]	Reduktion der Bestandesgrundfläche [%]
0	± 0	0	0
1.1	< 4,0*	0	0
1.2	< 5,3*	0	0
2.1	4,0	8,1	32,9
2.2	5,3	3,8	17,6
3.1	4,9	14,9	44,0
3.2	6,3	11,5	35,6
4.1	6,2	25,5	62,9
4.2	8,2	30,6	69,2
4.3	10,0	56,2	90,1

*die potenzielle Leistungssteigerung ist nicht quantifizierbar, da der Einfluss des Fremdsameneintrags nicht abschätzbar ist

Schlussfolgerungen

Die Variante 0 stellt die aktuelle Praxis einer flächigen Beerntung dar. Dadurch kann kein Leistungsgewinn erzielt werden. Das Leistungspotential des Saatgutes wird dem des Altbestandes entsprechen. Zur Erzeugung von höherwertigem Vermehrungsgut ist die Variante völlig ungeeignet. Varianten 1.1 und 1.2 beinhalten bereits die Einzelbaumberntung. In direkter Nachbarschaft der Erntebäume befinden sich jedoch viele Nachbarbäume. Dementsprechend muss mit einem hohen Fremdsamenanteil gerechnet werden. Der zusätzliche Aufwand durch Einzelbaumberntung und Nutzen stehen in einem weniger guten (1.1) und recht guten Verhältnis (1.2). Geeignet wären diese Varianten für Bestände, auf denen kein waldbaulicher Zugriff erfolgen kann. Ab den Varianten 2.1 und 2.2 werden die Erntebäume mit dem definierten Abstand frei gestellt. Die Varianten haben einen geringen Einfluss auf die Bestandesvielfalt und einen mäßigen (2.1) oder geringen (2.2) Einfluss auf die Bestandesstruktur. Aufwand und Nutzen stehen in einem guten (2.1) und sehr guten Verhältnis (2.2). Geeignet wären diese Varianten für alle Bestände.

In den folgenden Varianten wird zusätzlich auf der väterlichen Seite eingegriffen, um die genetische Qualität des Saatgutes steigern zu können. Das äußert sich in einer deutlichen Steigerung gegenüber den vorherigen Varianten. Die Untersuchungen zeigen aber, dass durch den Polleneintrag von außen das Leistungspotential deutlich niedriger ausfallen kann. Für kleine bis mittlere Bestände sind die Varianten ungeeignet, wenn mit Fremdpolleneintrag aus der Umgebung zu rechnen ist. Da dies meist der Fall sein wird, sind die Varianten mit starken Eingriffen bei den Pollenspendern lediglich in großen Beständen, die flächig behandelt aber nur in einer Kernzone beerntet werden, zielführend umsetzbar.

Varianten 3.1 und 3.2 haben einen mäßigen Einfluss auf die Bestandesvielfalt und einen recht starken Einfluss auf die Bestandesstruktur. Daher stehen Aufwand und Nutzen bei beiden Varianten in einem weniger guten Verhältnis. Die Varianten 4.1 und 4.2 haben einen starken bis sehr starken Einfluss auf die Bestandesvielfalt und Bestandesstruktur. Daher stehen Aufwand und Nutzen bei beiden Varianten in einem schlechten Verhältnis. In der letzten Variante (4.3) stehen Aufwand und Nutzen in einem sehr schlechten Verhältnis.

Die Evaluation zeigt, dass sich die Varianten deutlich in ihrem Aufwand-Nutzen-Verhältnis unterscheiden (siehe Tabelle 2). Vor allem die Varianten mit starken Eingriffen sind allenfalls in öffentlichem Waldbesitz vorstellbar, wenn der Saatgutqualität eine überragende Bedeutung beigemessen wird. Die aktuellen Entwicklungen verdeutlichen, dass Handlungsbedarf bei der Begründung neuer leistungsfähiger und klimastabilerer Bestände besteht. Neben den Samenplantagen bietet die Einzelbaumberntung die Möglichkeit zur Erzeugung hochwertigem Saatgutes. Sie ist vor allem kurzfristig umsetzbar und im Verhältnis zu Samenplantagen deutlich kostengünstiger. Aktuell müssen nach der Forstvermehrungsgut-Zulassungsverordnung (FoVZV) die Mindestzahlen der fruktifikationsfähigen Bäume (40) und der beernteten Bäume (20) eingehalten werden. Besonders in kleinen und mittleren Beständen lässt sich das Konzept daher nur bedingt anwenden. Wünschenswert wäre hier, dass Saatguternten in kleinen Beständen möglich sein sollen, aber nur in Mischung mit einer ausreichend hohen Anzahl von Erntebäumen vertrieben werden dürfen. Durch die Beerntung von größeren Saatgutbeständen kann der Markt bereits jetzt mit höherwertigem Material versorgt werden.

Danksagung

Das Verbundprojekt „FitForClim“ wurde vom Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz und dem Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit aufgrund eines Beschlusses des deutschen Bundestages gefördert (Förderkennzeichen: 28WB400701).

Literatur

- BLE (2013) Zusammenstellung über zugelassenes Ausgangsmaterial für forstliches Vermehrungsgut in der Bundesrepublik Deutschland (Stand: 01.07.2013) - korrigierte Fassung.
- BMUB (2014) Nationale Strategie zur biologischen Vielfalt. Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz, Bau und Reaktorsicherheit.
- 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. Eidg. Forschungsanstalt WSL. Merkblatt für die Praxis 55: 1-12.
- BRANG P, BUGMANN H, BÜRGLI A, MÜHLETALER U, RIGLING A, SCHWITTER R (2008) Klimawandel als waldbauliche Herausforderung. Schweiz. Z. f. Forstw., 159(10):362-373.
- GEBUREK T (2007) Die Weitergabe genetischer Information – eine wichtige Komponente in der Waldverjüngung. BFW-Praxisinformation, 4:18-20.
- HANNEWINKEL M, CULLMANN DA, SCHELHAAS M-J, NABUURS G-J, ZIMMERMANN N (2013) Climate change may cause severe loss in the economic value of European forest land. Nature Climate Change, 3:203-207.
- HARDTKE A, MEIßNER M, STEINER W, JANSSEN A, AMMER C (2016) Behandlungskonzept für Saatgutbestände der Eichen. AFZ-Der Wald, 71 (24): 12-16.
- HARDTKE A, MEIßNER M, STEINER W, JANSSEN A (2017) Beerntungs- und Behandlungsvarianten von Saatguterntebeständen der Eiche zur Optimierung der Saatgutqualität. In: Meißner, M. und Volmer, K., Hrsg., Hochwertiges Forstvermehrungsgut im Klimawandel – Symposium des Verbundprojektes FitForClim vom 14. bis 15. Juni 2016 in Chorin. Beiträge aus der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt. Universitätsverlag Göttingen. Band 16. 137 Seiten.
- IPCC (2014) Climate Change 2014. Synthesis Report. Geneva. International Panel on Climate Change.
- JANDL R, GSCHWANTNER T, ZIMMERMANN N (2012) Die künftige Verbreitung der Baumarten im Simulationsmodell. BFW-Praxisinformation, 30: 9-12.
- KLEINSCHMIT J, WITTE R, SAUER A (1975) Möglichkeiten der züchterischen Verbesserung von Stiel- und Traubeneichen (*Quercus robur* und *Quercus petraea*) I. Inventur der Eichensamenplantagen. Allgemeine Forst und Jagdzeitung, 146 (9): 157-166.
- KÖLLING C, ZIMMERMANN L (2007) Die Anfälligkeit der Wälder Deutschlands gegenüber dem Klimawandel. Gefahrstoffe – Reinhaltung der Luft, 67 (6): 259-268.
- LEUCH B, STREIT K, BRANG P (2017) Der Schweizer Wald im Klimawandel: Welche Entwicklungen kommen auf uns zu? Eidg. Forschungsanstalt WSL. Merkblatt für die Praxis, 59: 1-12.
- MANTAU U (2006) Kampf um den Rohstoff Holz trotz riesiger Potentiale? AFZ-Der Wald, 61 (3): 111-113.
- MANTAU U (2012) Holzrohstoffbilanz Deutschland, Entwicklung und Szenarien des Holzaufkommens und der Holzverwendung 1987 bis 2015, Hamburg, 65 Seiten.
- MEIßNER M, JANSSEN A, KONNERT M, LIESEBACH M, WOLF H (2015) FitForClim – Vermehrungsgut für klima- und standortgerechten Wald. AFZ-Der Wald 70 (11): 24-26.
- 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.
- POLLEY H (2009) Wald in Schutzgebieten – ein Überblick. In: Seitsch, B., Dieter, M., Hrsg., Waldstrategie 2020, Tagungsband zum Symposium des BMELV, 10.-11. Dez. 2008, Berlin, Landbauforschung, Sonderheft 327, 75-82.
- ROHMEDER E, SCHÖNBACH H (1959) Genetik und Züchtung der Waldbäume. Verlag Paul Parey, Hamburg und Berlin.

Autoren

ANDRÉ HARDTKE, Dr. MEIK MEIßNER, Dr. WILFRIED STEINER

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

andre.hardtke@nw-fva.de

Der IUFRO-Fichtenherkunftsversuch von 1964/68 – Eine erste abschließende Auswertung der deutschen Flächen nach Herkunftsgruppen

KATHARINA J. LIEPE, HANNAH S. MITTELBERG und MIRKO LIESEBACH

Zusammenfassung

Stürme, Trockenheit und Borkenkäferbefall - das bestehende Waldbild ändert sich gerade gravierend. Insbesondere die Fichte wird aufgrund ihrer Empfindlichkeit gegenüber diesen Kalamitäten als Verlierer im Klimawandel gehandelt. Aus ökonomischer Sicht ist sie jedoch schwer durch andere Baumarten zu ersetzen. Ihre gute Holzqualität sowie der zuverlässige und schnelle Zuwachs lassen sie beim Anbau auf ihren ökologischen Ansprüchen angemessenen Standorten voraussichtlich auch zukünftig eine wichtige waldbauliche Rolle spielen. Umso mehr gilt es bei der Wahl des Pflanzenmaterials ein genaues Augenmerk auf das genetische Potential der Herkünfte hinsichtlich ihrer Produktivität, aber auch der ihrer Lebensfähigkeit unter zu erwartenden Klimabedingungen zu legen.

Der IUFRO-Fichtenherkunftsversuch von 1964/68 ist eine der größten Versuchsserien, die unsere Vorgänger angelegt haben. 1.100 Saatgutquellen, aufgeteilt in 11 Kohorten zu je 100 Stück, wurden in 21 Experimenten in 13 Ländern ausgebracht. Drei davon liegen in Deutschland. Überleben und Wachstum wurden somit in gleichmäßigen Abständen auf 33 Einzelflächen erhoben. Zwischen den Merkmalen Brusthöhendurchmesser (BHD) und Höhe bzw. 8 Altersstufen besteht eine starke Korrelation, welche die Frühselektion als adäquates Bewertungsverfahren bei der Fichte bestätigt. Auf einer undurchforsteten Fläche lag diese bei maximalem Altersunterschied von Höhe mit 7 Jahren zu BHD mit 51 Jahren immer noch bei $r = 0,76$. Herkünfte aus der herzynisch-karpatischen Rückwanderungslinie zeichnen sich durch geringe Mortalität sowie kurzfristig überlegenes und langfristig positives Wachstum aus. Eine aktive Einbringung von Herkünften aus Karpaten und Beskiden ist bei der Bestandesbegründung in Erwägung zu ziehen.

Schlüsselworte: *Picea abies*, Merkmals-Korrelation, nacheiszeitliche Rückwanderung, Frühselektion

Abstract

The IUFRO Norway spruce trial series from 1964/68 – a first final analysis of the German trial sites based on provenance groups

Storms, drought, bark beetle attacks – the face of our forests is changing drastically. Especially, Norway spruce is a designated loser with climate change due to its vulnerability to such calamities. From an economic point of view, it is however hard to sacrifice this species in favor of other alternatives. Due to an excellent wood quality, paired with a reliable and fast growth increment, it will likely proceed to play an important role on remaining sites appropriate to its ecological requirements. Reproductive material for reforestation should therefore be selected for its genetic potential towards productivity but likewise ability to survive under future climate.

The IUFRO-Norway spruce provenance trial 1964/68 is one of the largest trial series that have been established in the past. 1.100 seed sources, separated into 11 blocks of 100 each, were planted in 21 Experiments across 13 countries. Three of them are located in Germany. On a total of 33 individual sites survival and growth were assessed in recurring intervals. A strong correlation between the growth

parameters height and diameter at breast height (DBH) was observed across eight age classes, supporting the sensitivity of early selection in Norway spruce. On a completely unthinned site the correlation coefficient was strong, even between earliest height at age 7 and latest DBH measurement at age 51 with $r=0,76$. Provenances originating from the hercyno-carpathian domain do have superior short term and positive long-term growth. Assisted migration of these seed sources from the Carpathians and Beskids should be considered for future forest plantations.

Keywords: *Picea abies*, trait correlation, postglacial migration, early selection

Einleitung

Nicht erst seit den 1950er Jahren, aber seitdem besonders intensiv und international gefördert, haben Forstgenetiker große systematische Versuche angelegt, um vererbare Unterschiede zwischen Populationen unterschiedlichen Ursprungs zu untersuchen. Ziel war die Maximierung der Produktivität gepflanzter Wälder durch Nutzung des am besten geeigneten Vermehrungsgutes. Darüber hinaus haben sich diese Versuche zu Testlaboren des im Klimawandel zu erwartenden Wachstums entwickelt (MATYAS 1994). Durch den Test von Herkünften, eingesammelt in Beständen unterschiedlichster klimatischer Bedingungen und angepflanzt an klimatisch unterschiedlichen Orten, können Herkunftsversuche Anpassung bzw. Fehlanpassung derselben unter realistischen Anbaubedingungen aufzeigen.

Der IUFRO-Fichtenherkunftsversuch von 1964/68 ist eine der umfangreichsten internationalen Versuchsserien, die in der Vergangenheit angelegt wurden (KRUTZSCH, 1974). Drei der insgesamt 21 Experimente mit 1.100 Herkünften (Abbildung 1a), eingesammelt überwiegend im mitteleuropäischen Verbreitungsgebiet der Fichte, wurden in Deutschland angelegt (Abbildung 1b). Eine abschließende Auswertung der Ergebnisse der 33 deutschen Einzelflächen mit je 100 Herkünften steht bisher noch aus, ist aber hinsichtlich der aktuellen Waldschadensproblematik der Baumart Fichte von besonderer Relevanz. Der Klimawandel – dessen Begriff Klimaänderungen im Sinne einer Änderung der Mittelwerte oder auch anderer statistischer Kenngrößen (u. a. Streuung und Extrema) der einzelnen Klimaparameter einschließt – wird für den Wald zunehmend prekär. Insbesondere in den letzten beiden Jahren zeigte sich die Problematik im Waldzustand durch verheerende Folgen der Trockenheit und Sturmereignisse (FNR 2019). Großflächige Sturmwürfe oder Käferbefall – insbesondere bei Reinkulturen der Fichte – nahmen zu. Trotz ihrer verzeichneten, dramatischen Mortalität ist die Fichte für viele Akteure aus der Forstwirtschaft und Forschung aufgrund ihrer großen ökonomischen Bedeutung nicht aus dem Baumartenportfolio wegzudenken (POLLEY et al. 2015). Um auf dem stark schrumpfenden Anteil der für ihren Anbau geeigneten Fläche (KÖLLING et al. 2009; THURM et al. 2018). Überleben und Produktivität zu gewährleisten, ist die Ermittlung geeigneter Herkünfte deshalb von besonderer Bedeutung.

Ziel der vorliegenden Arbeit ist ein erster Beitrag zur abschließenden Auswertung der deutschen Flächen des IUFRO-Fichtenherkunftsversuchs. Auf Basis wiederholter Aufnahmen von Höhe und Durchmesser wird das Wuchsverhalten unterschiedlicher Metapopulationen evaluiert.

Material und Methoden

Die Herkunftseignung der Fichte (*Picea abies* Karst.) wird im Folgenden auf Basis des IUFRO-Fichtenherkunftsversuch von 1964/68 (ursprünglich auch bezeichnet als *International Provenance Trial of Norway Spruce*, später Name geändert), initiiert durch die *International Union of Forest research Organizations* (Abk. IUFRO) untersucht. Auf den Vorschlag von OLOF LANGLET (Royal College of Forestry, Stockholm, Schweden) wurde der Versuch 1959 initiiert. 1960 bis 1961 wurden ca. 1.600 unterschiedliche Absaaten eingesammelt. Nach einheitlicher Aussaat am damaligen Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung in Schmalenbek und anschließender Verschulung durch die Baumschule Pein & Pein in Halstenbeck wurde 1968 Material von 1.100, in ausreichender Zahl vorhandenen Herkünften an 13

Länder verteilt (Abbildung 1a). Insgesamt wurden 21 Experimente (EXP) angelegt, drei davon in Deutschland. In sogenannten Kohorten wurden jeweils 100 Herkünfte nach dem Prinzip einer randomisierten Auswahl aus einer stratifizierten Grundgesamtheit ausgewählt. Dabei sollte jede Kohorte Proben aus allen Herkunftsregionen aufweisen, wodurch sich für die Mittelwerte der Kohorten gleiche Erwartungswerte ergeben. Unterschiede in den beobachteten Mittelwerten sind somit auf Standortunterschiede zurückzuführen. Insofern können Feldversuche nicht nur einzeln ausgewertet, sondern auch verglichen werden (LIESEBACH et al. 2010). Die einzelnen Versuchsflächen wurden einheitlich im Design einer randomisierten vollständigen Blockanlage mit Einzelbaumparzellen in 20-facher Wiederholung angelegt. Die Pflanzabstände betragen 2 x 2 m. Mangels ausreichend großer Flächen zur Anlage aller 11 Kohorten am selben Ort wurden die deutschen Experimente an 5 bis 9 unterschiedlichen Orten ausgepflanzt (Abbildung 1b).

Alle Versuchsflächen wurden regelmäßig parallel zueinander gemessen. Bis zum Alter von 16 Jahren wurde in 3-jährigen Abständen die Höhe gemessen, anschließend wurde zur Messung des Brusthöhendurchmessers gewechselt. Der Abstand zwischen den einzelnen Datenerhebungen wurde zunächst auf fünf, später auf 10 Jahre erhöht.

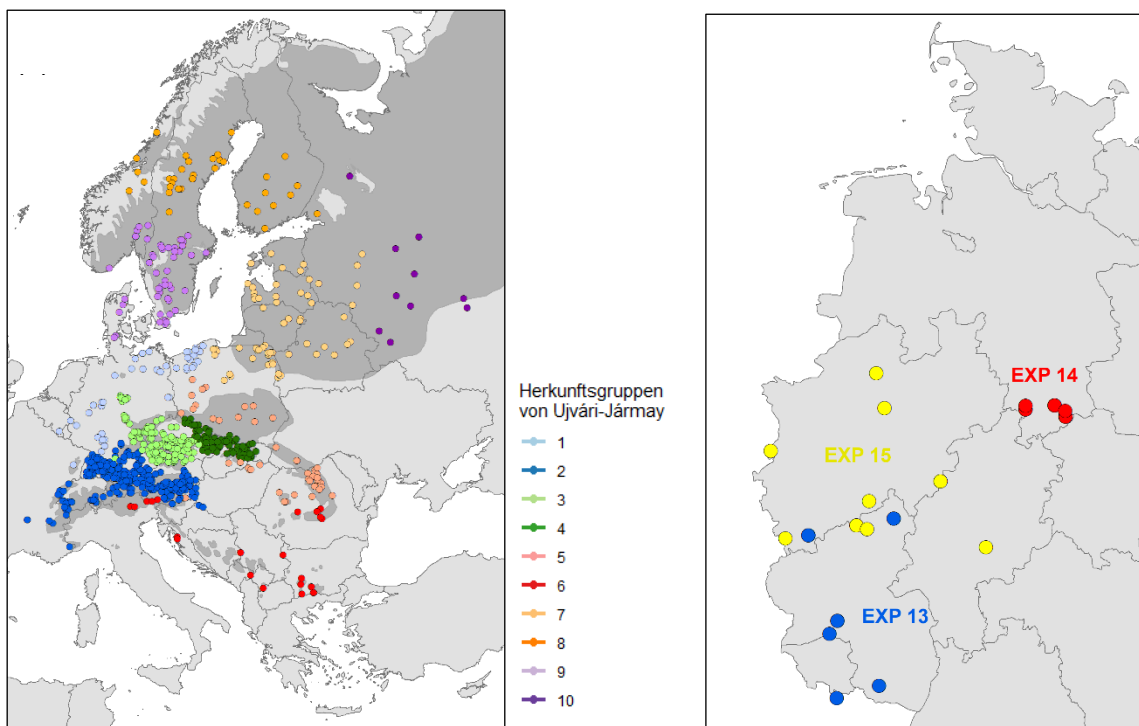


Abbildung 1: Einsammlungsorte der 1.100 im Versuch getesteten Fichtenherkünfte (links) gruppiert gemäß der Einteilung von UJVÁRI-JÁRMAY et al. (2016). Dahinter gelegt ist das natürliche Verbreitungsgebiet nach EUFORGEN. Lage der Flächen der drei deutschen Experimente (rechts).

Die dargestellten Ergebnisse basieren auf Standardmethoden der Varianzanalyse, wobei die Herkunftseignung nicht für die große Zahl an individuellen Herkünften, sondern auf Basis aggregierter Herkunftsgruppen nach UJVÁRI-JÁRMAY et al. (2016) dargestellt wird. Die Aggregation der Herkünfte wurde gewählt, um die vorliegenden Daten Kohorten übergreifend auszuwerten und eine Aussage bezüglich der Eignung von Metapopulationen ähnlicher Anpassung anstelle einzelner Provenienzen zu treffen. Folgendes statistische Modell liegt der Analyse zugrunde:

$$y = G + E + GxE + E(Wdh)$$

wobei y = die unterschiedlichen Wachstumsmerkmale (Höhe oder BHD) und G = die 10 Herkunftsgruppen nach UJVÁRI-JÁRMAY et al. (2016) repräsentiert. Die Umweltkomponente E setzt sich zusammen aus 33 Einzelflächen, welche sich aus der Kombination der Experimente und den Kohorten (3 x 11) ergeben. $G \times E$ ist die Interaktion zwischen Herkunftsgruppe und Experiment-Kohorten-Kombination. Diese ist der Genotyp-Umwelt-Interaktion gleichzusetzen. Darüber hinaus wurde der Effekt der Wiederholung innerhalb der einzelnen Umwelten $E(Wdh)$ hinzugefügt.

Ergebnisse

Die Etablierung der 33 Einzelflächen verlief erfolgreich. In Bezug auf die Flächen war die Mortalität bis zum Alter 21, bis zu dem keinerlei forstliche Eingriffe stattgefunden hatten, mit 7-29 % gering. Lediglich zwei Flächen bildeten mit ca. 50 % Ausfall Ausnahmen dieser Regel. Bei differenzierter Betrachtung nach Herkunftsgruppen verzeichnet Gruppe 8 aus dem Norden Skandinaviens mit 67 % die geringste Überlebensrate, gefolgt von Gruppe 10 mit aus dem Nordosten mit 76 % (Tabelle 1).

Tabelle 1: Überleben [%] im Alter von 21 Jahren

EXP	Herkunftsgruppen von UJVÁRI-JÁRMAY									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
13	86	86	86	88	85	85	85	62	81	76
14	83	82	84	83	84	80	85	74	82	82
15	83	81	81	81	79	75	79	66	77	72
Im Mittel	84	83	84	84	83	80	83	67	80	76

Mithilfe von Varianzanalyse wurde das Wachstum auf den unterschiedlichen Flächen miteinander verglichen. Von den erklärten Varianzfaktoren hat die Umwelt mit Ausnahme des Durchmessers im Alter 21 den größten Einfluss, gefolgt vom Effekt der Herkunftsgruppen (Tabelle 2). Dieser steigt zunächst auf ein Maximum von 11,2 % im Alter 21 an, um dann mit dem Einsetzen forstlicher Eingriffe wieder zu sinken. Bei der letzten Erhebung im Alter von 51 Jahren erreicht die Varianzkomponente der Herkunft mit 6,2 % den geringsten Wert. Der Designeffekt der Wiederholung ist bei allen Aufnahmen vorhanden, steigt bei den Höhenmessungen ebenfalls an, um bei denen des BHD wieder abzusinken. Die Interaktion ist gleichbleibend gering mit etwas über 1 %, aber für alle Merkmale signifikant. Allen Aufnahmen gemein ist die mit 58,1 bis 75,1 % hohe, im Residual verbleibende, nicht erklärbare Varianz.

Aufgrund der signifikanten Interaktion ist der Effekt der Herkunftsgruppen grundsätzlich nicht über die verschiedenen Experimente und Flächen hinweg gemeinsam zu betrachten, sondern getrennt für jede einzelne Kombination. Exemplarisch ist dies im Folgenden anhand zweier Merkmale für Kohorte 6 beschrieben (Abbildung 2). Herkunftsgruppe 8, die nördlichste aus Skandinavien ist im Alter 16 auf allen drei Flächen signifikant allen anderen Gruppen in der Höhenwuchsleistung unterlegen. Auch im Alter von 39 Jahren weist sie den geringsten Mittelwert auf. Herkunftsgruppe 5 aus den Karpaten zeigt in der Jugend die beste Höhenwuchsleistung und ist dabei signifikant besser als die vier schlechtesten Herkunftsgruppen auf EXP 13 sowie die sechs schlechtesten Herkunftsgruppen auf EXP 14 und 15. Gefolgt wird sie von Herkunftsgruppe 4 aus den Beskiden. Im höheren Alter lassen sich signifikante Unterschiede nur noch bedingt bestätigen. Auf der Fläche von EXP 13, welche bis dahin zwei konsequente Niederdurchforstungen erfahren hat, bestehen aufgrund des großen Konfidenzintervalls keinerlei signifikante Unterschiede mehr. Auf EXP 14 und EXP 15 weisen die Herkünfte aus den Beskiden weiterhin ein überlegenes Wachstum auf und sind damit auf beiden Flächen den vier schlechtesten Gruppen 2, 6, 8

und 9 überlegen. Herkünfte aus den Karpaten fallen auf EXP 13 und 14 leicht zurück. Auf EXP 15 bleiben sie Spitzenreiter. Herkunftsgruppe 1, die Herkünfte zusammenfasst, welche im Nordwesten außerhalb des natürlichen Verbreitungsgebietes durch den Menschen eingebracht und dort beerntet wurden (ihr Ursprung ist in den meisten Fällen unbekannt), legt zu und ist auf EXP 13 und 14 im Durchschnitt sogar besser als die Spitzenreiter. Allerdings ist diese Herkunftsgruppe, nicht unerwartet, relativ heterogen und weist ein großes Konfidenzintervall auf.

Tabelle 2: Varianzkomponenten der erhobenen Wachstumsmerkmale

Alter /Merkmalerhebung	Varianzkomponenten [%]							
	7	10	13	16	21	29	39	51
Ursache der Variation	H70	H73	H76	H79	BHD84	BHD92	BHD02	BHD14
Gruppe nach UJVÁRI-JÁRMAY (G)	8,8	7,4	8,5	10,4	11,2	10,4	7,4	6,2
Umwelt (E)	21,8	27,2	24,7	18,7	10,4	10,4	15,5	21,4
Interaktion (GxE)	1,4	1,5	1,3	1,3	1,4	1,1	1,1	1,4
Wdh in E	4,1	5,7	6,6	7,1	4,7	2,9	2,7	3,1
Residual	64,0	58,1	59,0	62,5	72,2	75,2	73,2	67,9

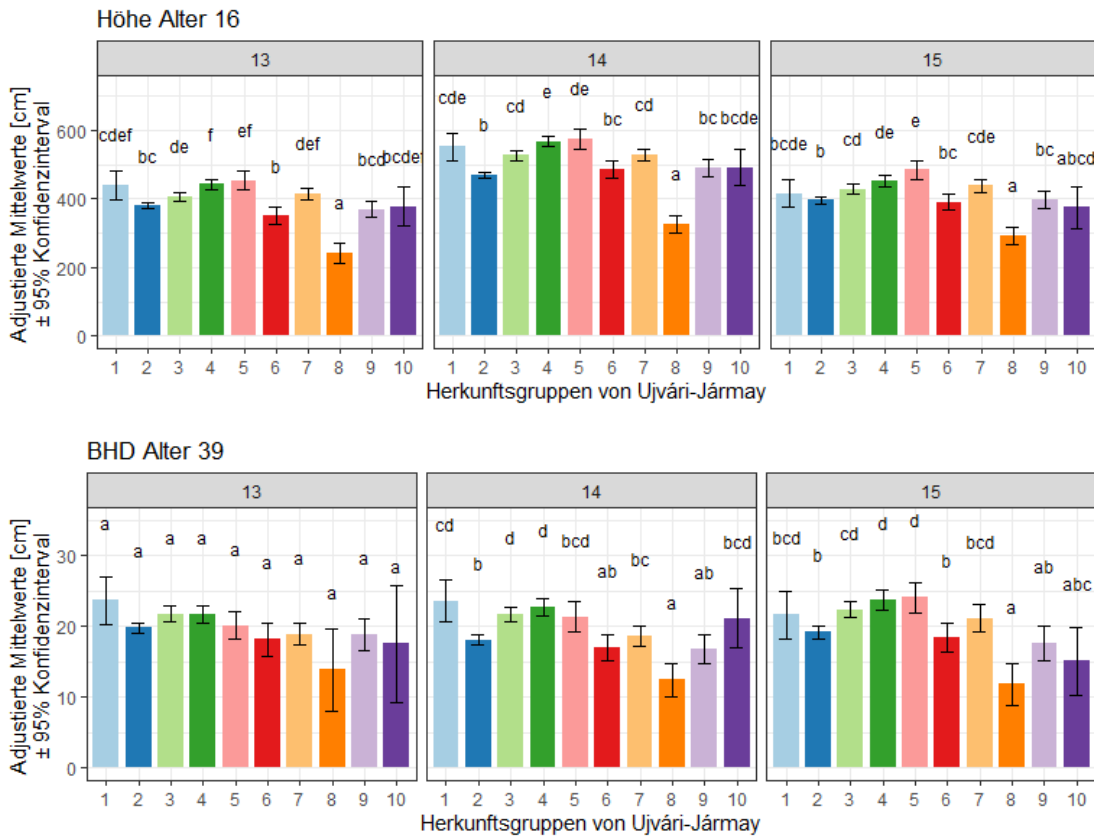


Abbildung 2: Unterschiede in der Wuchsleistung der 10 Herkunftsgruppen für die Höhe im Alter 16 (oben), sowie den Durchmesser im Alter 39 (unten), exemplarisch aufgezeigt für Kohorte 6. Mittelwerte, die mit einem gemeinsamen Buchstaben versehen sind, sind laut Tukey-Test nicht signifikant voneinander verschieden.

Die Unterschiede zwischen den Herkunftsgruppen sind in den anderen 10 Kohorten ähnlich der hier gezeigten Ergebnisse für Kohorte 6. Herkunftsgruppen aus dem Norden der Verbreitung (8, 9, 10) weisen auf fast allen Flächen ein unterdurchschnittliches Wachstum auf, Schlusslicht ist flächenübergreifend Gruppe 8. Wohingegen die Herkünfte aus den Karpaten (5) und Beskiden (4), sowie dem Böhmer Wald (3) im Vergleich zum Versuchsflächenmittel stets positiv abschneiden.

Abbildung 3 zeigt den Zusammenhang zwischen Wachstum und der geographischen Breite des Einsammlungsortes der Herkünfte für Kohorte 6. Flächen- als auch Merkmalsübergreifend ist ein quadratischer Zusammenhang zur geographischen Breite erkennbar. Herkünfte der gering wüchsigen Gruppen 6 aus den zerstückelten Vorkommen am südlichen Rand des Verbreitungsgebietes, sowie 8 aus dem äußersten Norden Skandinaviens siedeln sich eng an den Enden der Kurve an. Zwischen 65° und 53° n.Br. ist die Abhängigkeit des Wachstums von der Breite besonders deutlich, mit jedem Schritt nach Süden wird das Wachstum besser. Im Bereich zwischen 46° und 50° n.Br. streuen die Herkünfte in ihrer Leistung allerdings deutlich. Davon ist insbesondere Herkunftsgruppe 2 betroffen, welche Alpen und Voralpenraum bis hin zu Schwarzwald und Schwäbischer Alb beinhaltet, und entsprechend durch ein Höhengefälle von 200 bis 1.600 m ü. NN. geprägt ist. Auch in Herkunftsgruppen 3 und 4 ist der Einfluss der Höhenlage erkennbar, allerdings, auch aufgrund der engeren geographischen Begrenzung der Gruppe, weniger ausgeprägt. Im Alter von 39 Jahren hat die Streuung der Herkunftsmittel um die angepasste Kurve zugenommen, dennoch ist der quadratische Verlauf mit dem aus dem Jugendalter vergleichbar. EXP 13 weist die gleichmäßigste Durchmesserverteilung auf, die Kurve verläuft deutlich flacher als auf den anderen beiden Flächen. Eine konsequente Niederdurchforstung, bei der herkunftsübergreifend die schwachwüchsigen Exemplare entnommen wurden, ist vermutlich die Ursache dafür.

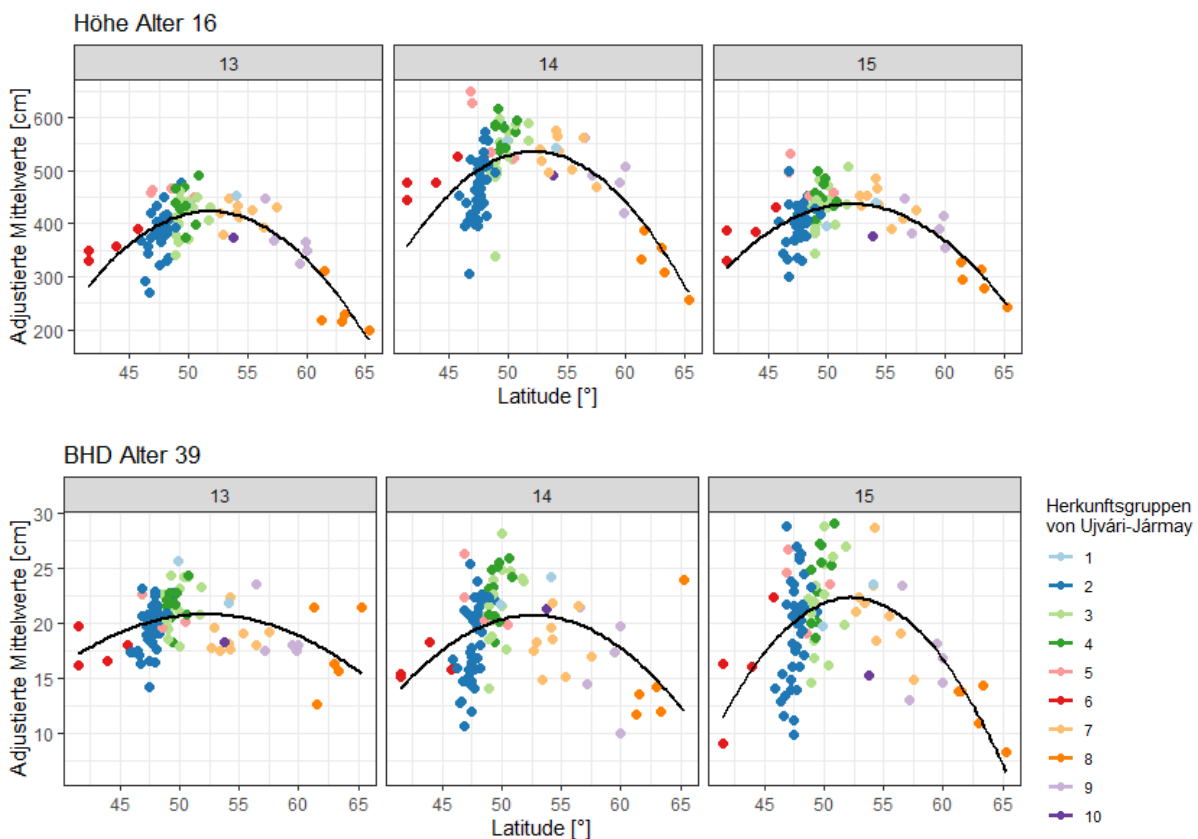


Abbildung 3: Wuchsverhalten (Höhe im Alter 16 [oben] und Durchmesser im Alter 39 [unten]) gegenüber der geographischen Breite (Latitude) der Einsammlungsorte der Herkünfte dargestellt für Kohorte 6

Zur Einschätzung der Entwicklung der Wuchsleistung über 8 Erhebungszeitpunkte hinweg wurden die adjustierten Mittelwerte in Abbildung 4 als Z-Score skaliert dargestellt. So lässt sich trotz zunehmender Höhe bzw. Durchmessers der relative Unterschied zwischen den einzelnen Merkmalen unterschiedlichen Alters vergleichen. Dabei ist zu berücksichtigen, dass die Flächen bis zum Alter von 29 Jahren, mit Ausnahme der Anlage von Rückegassen auf EXP 14 keinerlei forstliche Eingriffe erfahren haben. Die danach teilweise sprunghaften Rangverschiebungen (z. B. Gruppe 10 auf EXP 14) können dem Ansatz der Niederdurchforstung geschuldet sein, bei dem gezielt die schwachwüchsigsten Individuen entnommen werden. Die nördlichste Herkunftsgruppe 8 ist über alle Erhebungen hinweg deutlich unterlegen und kann für den Anbau im Westen Deutschlands als ungeeignet definiert werden. Herkunftsgruppen 1, 3, 4, 5 weisen in der Jugend ein Wachstum über dem Versuchsmittel (0-Linie) auf und bleiben trotz Rangverschiebungen bis ins höhere Alter besser als das Versuchsmittel. Insbesondere Gruppe 5 fällt im Höhenwachstum durch ihre Vorwüchsigkeit auf. Auf EXP 14 und 15 bleibt sie bis zum Schluss unter den ersten beiden Rängen, wohingegen sie auf EXP 13 überholt wird. Eine konstant positive Leistung hat auch Gruppe 4 aus den Beskiden (dunkelgrün).

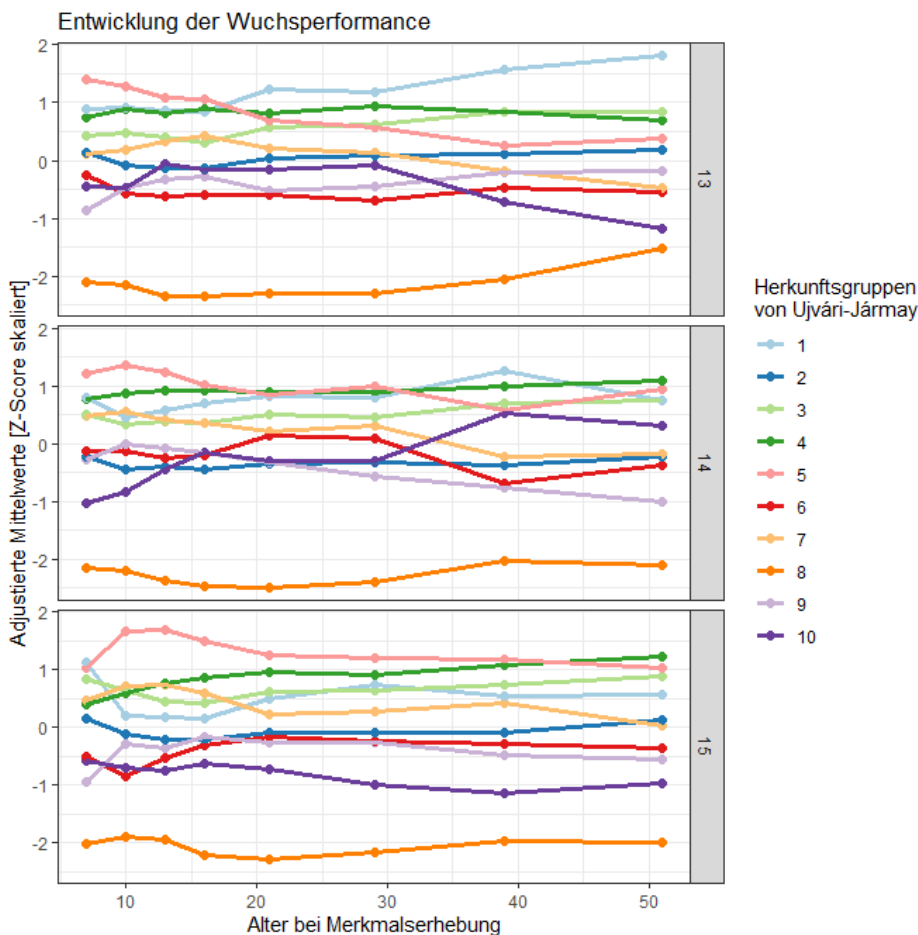


Abbildung 4: Entwicklung der adjustierten Mittelwerte je Herkunftsgruppe für als Z-Score skaliert über acht Zeitpunkte zwischen 7 und 51 Jahren, d.h. 4 x Höhe und 4 x BHD für die Flächen von Kohorte 6.

Die Korrelation zwischen den adjustierten Mittelwerten der je vier Erhebungen von Höhe und BHD einzelner Herkünfte, in diesem Fall nicht der 10 Gruppen nach (UJVÁRI-JÁRMAY et al. 2016), sondern für die 100 Herkünfte in Kohorte 6, ist bis zum Einsetzen forstlicher Eingriffe auf allen drei Flächen mit einem Korrelationskoeffizienten von $> 0,85$ zwischen der Höhe im Alter von 10 Jahren und dem BHD im Alter von

29 Jahren hoch (Tabelle 3a, b, c). Die Koeffizienten der dazwischen liegenden Merkmalspaare sind noch höher. Mit Einsetzen forstlicher Eingriffe nimmt die Korrelation etwas ab, liegt aber selbst bei der Höhe 16 im Vergleich zum BHD 51 noch bei $> 0,6$, bzw. BHD 21 zu BHD 51 bei $> 0,7$ (Tabelle 3). Darüber hinaus sind in Tabelle 3d Merkmalskorrelationen auf Fi44, einer bis zur letzten Messung komplett undurchforstet gebliebenen Fläche dargestellt. Die Beziehung zwischen den Merkmalen ist hier noch enger, selbst zwischen der letzten Messung des BHD und den vier Erhebungen der Höhe liegt der Koeffizient bei $0,75$.

Tabelle 3: Merkmalskorrelation auf Basis der Herkunftsmittel für die drei Versuchsflächen von Kohorte 6 (a, b, c), sowie eine Versuchsfläche aus Kohorte 7 (d), wobei letztere bis zum Alter 51 undurchforstet geblieben ist. Korrelationskoeffizienten nach Einsetzen der Durchforstung sind farbig hinterlegt. Auf Fläche Fi61 von EXP 14 wurden bereits vor der Messung im Alter 29 Rückegassen angelegt (b), wohingegen Fi49 und Fi71 derselben Kohorte bis zu diesem Zeitpunkt noch ohne Eingriff waren (a, c). Von Alter 7 bis 16 wurde die Höhe, danach der BHD gemessen.

(a) Fi49 – Kohorte 6, EXP 13									(b) Fi61 – Kohorte 6, EXP 14								
Alter	7	10	13	16	21	29	39	51	Alter	7	10	13	16	21	29	39	51
7	1.00	0.91	0.86	0.85	0.85	0.84	0.59	0.61	7	1.00	0.90	0.89	0.89	0.89	0.87	0.74	0.67
10		1.00	0.95	0.95	0.90	0.87	0.60	0.61	10		1.00	0.96	0.94	0.89	0.86	0.74	0.64
13			1.00	0.98	0.93	0.89	0.62	0.62	13			1.00	0.98	0.93	0.91	0.79	0.69
16				1.00	0.93	0.91	0.64	0.62	16				1.00	0.95	0.94	0.80	0.69
21					1.00	0.98	0.78	0.73	21					1.00	0.96	0.84	0.74
29						1.00	0.81	0.75	29						1.00	0.87	0.79
39							1.00	0.88	39							1.00	0.86
51								1.00	51								1.00

(c) Fi71 – Kohorte 6, EXP 15									(d) Fi44 – Kohorte 7, EXP 13 (ohne forstliche Eingriffe)								
Alter	7	10	13	16	21	29	39	51	Alter	7	10	13	16	21	29	39	51
7	1.00	0.79	0.70	0.69	0.71	0.73	0.71	0.60	7	1.00	0.91	0.88	0.85	0.86	0.84	0.85	0.76
10		1.00	0.92	0.92	0.88	0.87	0.76	0.57	10		1.00	0.98	0.95	0.89	0.87	0.85	0.75
13			1.00	0.96	0.89	0.87	0.76	0.60	13			1.00	0.98	0.90	0.89	0.87	0.76
16				1.00	0.94	0.93	0.80	0.63	16				1.00	0.91	0.89	0.87	0.75
21					1.00	0.98	0.85	0.69	21					1.00	0.98	0.95	0.83
29						1.00	0.87	0.72	29						1.00	0.97	0.87
39							1.00	0.85	39							1.00	0.92
51								1.00	51								1.00

Diskussion

Ein großer Verdienst unserer Vorgänger ist die Wiederbestockung großräumig entwaldeter Flächen. In diesem Zuge wurde die Fichte aufgrund ihrer positiven Eigenschaften der hohen Produktivität und Holzqualität, aber insbesondere auch weil zeitnah und einfach ausreichend Saatgut geerntet und Pflanzen in riesigen Mengen angezogen werden konnten, vielerorts ausgebracht (JANSEN et al. 2017). Dabei ist sie weit über ihr potenziell natürliches Verbreitungsgebiet hinaus vielfach auf Standorten außerhalb ihrer ökologischen Nische gepflanzt worden. Historisch bedingt sind die Bestände meist gleichaltrig und in

Reinkultur zu finden, was an den aktuell gravierenden Sturm- und Trockenheitsschäden sowie damit einhergehenden Käferkalamitäten zu spüren ist. Die Forstwirtschaft hat diese Problematik schon länger erkannt, der Waldumbau ist bereits in allen Waldbauprogrammen der Länder festgeschrieben und im Prozess der Umsetzung (z.B. AßMANN et al. 2016 für eine Evaluierung nach bereits 25 Jahren). Dies zeigt sich auch im Rückgang der Baumartenanteile der Fichte zwischen der zweiten und dritten Bundeswaldinventur. Sie verlor ca. 242.000 ha und damit etwa 8 % an Fläche (BMEL 2016, SCHMITZ et al., 2005). Hitze- und Trockenheitsrekorde der letzten Jahre haben die Aktivitäten des Waldumbaus allerdings mit ihren gravierenden Folgen überrollt und stellen die Forstwirtschaft aktuell vor große Herausforderungen (BMEL 2019, FNR 2019).

Bei ernsthafter Berücksichtigung der ökologischen Nische der Fichte, ist die Zahl der zukünftig für den Fichtenanbau noch geeigneten Standorte zunehmend eingeschränkt (KÖLLING et al. 2009; THURM et al. 2018). Unter den zu erwartenden Klimabedingungen verschiebt sich die für ihren Anbau geeignete Fläche zurück in Richtung des natürlichen Verbreitungsgebietes (LIEPE et al. *in prep*). Darüber hinaus bedarf es einer genauen Beurteilung potentieller Standorte hinsichtlich der zu erwartenden Wasserverfügbarkeit (FALK et al. 2008).

Waldbaulich steht außer Frage, dass die Fichte zukünftig nicht mehr in Reinkultur, sondern besser in Mischung mit anderen Baumarten stattfinden sollte. Dies trägt maßgeblich zur Bestandes-stabilisierung und Steigerung der Biodiversität, aber auch zur Produktivität bei, was nicht nur ökologisch, sondern auch monetär positive Auswirkungen hat (BIBER et al. 2013). Insbesondere auf Standorten ärmerer Nährstoffversorgung kann beispielsweise eine Mischung von Fichte und Buche in gleichen Anteilen zu einer Produktivitätssteigerung von bis zu +146 % führen (PRETZSCH et al. 2010).

Über die Baumartenmischung hinaus sollte die Wahl der geeigneten Provenienz bei der Bestandesbegründung Beachtung finden, dabei ist durchaus auch die Einbringung von nicht lokalen Herkünften eine Option, welche Stabilität (Tab. 1, geringe Mortalität) und eine hohe Wuchsleistung verspricht (Abb. 2 und 4). Die vorliegende Auswertung des IUFRO-Fichtenherkunftsversuches von 1964/68 nach Herkunftsgruppen zeigt, dass insbesondere Herkünfte aus Karpaten und Beskiden flächenübergreifend besonders positiv abschneiden. Dieselbe Beobachtung wurde auch von UJVÁRI-JÁRMAY et al. (2016) oder COLLIGNON et al. (2002) gemacht. Letztere haben durch die Kombination quantitativer Merkmale (Mortalität, Austrieb, Höhe, Durchmesser, Holzdichte) und molekulargenetisch bestimmter Variation geographische Muster der eiszeitlichen Rückwanderung bestätigt, die bereits SCHMIDT-VOGT (1977) als wahrscheinliche Muster betrachtet hat. Bei der Fichte geht man nicht von einem gemeinsamen Verbreitungsgebiet, sondern von drei unterschiedlichen Linien der eiszeitlichen Rückwanderung aus: der baltischen Domäne mit ihrem Refugium bei Moskau in Russland, der herzynisch-karpatischen Domäne mit Refugium am Fuß der Karpaten in Rumänien und der alpinen Domäne mit ihrem Refugium in den Dinarischen Alpen im ehemaligen Jugoslawien (SCHMIDT-VOGT 1977; TABERLET et al. 1998). Diese drei Domänen haben sich nach der Eiszeit getrennt voneinander entwickelt und weisen entsprechend unterschiedliche adaptive Merkmale auf. Die baltische Domäne ist auch auf Basis von Pollenfunden und molekulargenetisch klar differenzierbar, wohingegen alpine und herzynisch-karpatische Domäne in Teilen überlappen (RAPD, COLLIGNON et al. 2002; mtDNA, TOLLEFSRUD et al. 2008). Letztere haben sich im Laufe der Rückwanderung getroffen, und gemischt, wohingegen die baltische Domäne mit Ausnahme der rezenten anthropogenen Translokation klar von den anderen getrennt geblieben ist (DERING & LEWANDOWSKI 2009).

Sowohl die positiv abschneidenden Herkunftsgruppen aus Beskiden und Karpaten, als auch des Böhmer Waldes bis in den Harz sind mit großer Wahrscheinlichkeit der herzynisch-karpatischen Domäne zuzuordnen, welche sich von ihrem eiszeitlichen Refugium am Fuß der Karpaten in Rumänien von Osten nach Westen ausgebreitet hat (COLLIGNON et al. 2002; SCHMIDT-VOGT 1977; TOLLEFSRUD et al. 2008). Dies schlägt sich in den beobachteten Wuchsunterschieden und deren Korrelation mit geographischen und klimatischen Parametern nieder (LIEPE et al. *in prep*). Herkünfte aus Skandinavien und dem Baltikum eignen sich generell weniger für den Anbau im Westen Deutschlands. Insbesondere die nördlichsten Herkünfte (Gruppe 8) haben im Vergleich einen höheren Ausfall und mit Abstand die schlechteste

Leistung. Die südlichste Herkunftsgruppe 6, welche der alpinen Verbreitung zugeordnet wird, hat auf den deutschen Versuchsflächen ebenfalls schlecht abgeschnitten. Herkünfte aus Alpen und Voralpenraum inklusive Schwarzwald werden ebenfalls der dinarischen Domäne zugeordnet. In ihrer Gesamtheit ist diese Gruppe unterlegen (Abb. 2), allerdings wird in Abbildung 3 deutlich, dass innerhalb dieser Gruppe eine sehr große Streuung in der Wachstumsperformance vorliegt. Diese legt es nahe hier eine weitere Unterteilung vorzunehmen, beispielsweise in Anlehnung an SCHÜLER et al. (2013), welche sich allerdings nicht einfach gestaltet. Die Ursache dafür liegt in der topographischen Fragmentierung und in der hohen Intensität der historischen Verfrachtung von Saatgut. Eine Analyse historischer Quellen zur Rekonstruktion der Translokation unterschiedlicher Fichtenherkünfte im Rahmen mehrfacher Wiederbewaldungswellen durch JANSEN et al. (2017) zeigt die hohe Verfrachtung als auch Durchmischung von Herkünften unterschiedlicher Quellen. Insbesondere aus der alpinen und der herzynisch-karpatischen Domäne wurde Material in Deutschland, außerhalb der natürlichen Verbreitung der Fichte, zur Wiederaufforstung verwendet.

Offensichtlich hat die anthropogene Verfrachtung aber auch einen positiven Effekt. Herkunftsgruppe 1 umfasst den Westen und Norden Deutschlands, sowie den Nordwesten Polens, die darin enthaltenen Herkünfte sind entsprechend alle allochthon, d. h. nicht heimisch. Sie schneiden aber im Vergleich durchaus gut ab. Auch wenn in vielen Fällen nicht eindeutig geklärt werden kann, woher das Material dieser Bestände ursprünglich stammt (JANSEN et al. 2017), so war etwa die Hälfte der Ausgangsbestände innerhalb dieser Gruppe zum Zeitpunkt der Einsammlung phänotypisch als „anerkanntes“ Material ausgewiesen und somit positiv beurteilt worden. Darüber hinaus könnte bereits ein Anpassungsprozess an die örtlichen Bedingungen eingesetzt haben, der diese Herkünfte für den Anbau auf den deutschen Flächen der Versuchsserie, welche z. T. im ähnlichen klimatischen Raum liegen, prädisponiert hat.

Unabhängig von den aufgezeigten Schlussfolgerungen für die Herkunftswahl zeigt die vorliegende Analyse einen in der Herkunftsforschung immer wieder kontrovers diskutierten Aspekt auf: die Beziehung zwischen dem Wachstum in der Jugend und im höheren Alter, welche die Prüfdauer bedingt, nach der eine Aussage hinsichtlich der zu erwartenden Leistung zum Ende der Umtriebsdauer zulässt (ISIK et al. 2010). Im Idealfall ist die Korrelation zwischen der Performance zu unterschiedlichem Alter eng, was hier für die Fichte klar zu erkennen ist (Tab. 3). Anthropogene Eingriffe im Rahmen von Pflegeeingriffen und Durchforstung, sowie der Wechsel zwischen den Merkmalen Höhe und Durchmesser schwächen die Korrelation zwar geringfügig ab, was auch in den Sprüngen der Performance von Alter 29 zu Alter 39 in Abbildung 4 deutlich wird, allerdings lässt die bis zur letzten Datenerhebung vollständig undurchforstete Fläche Fi44 den Schluss zu, dass die Frühselektion bei der Fichte insgesamt zuverlässige Ergebnisse liefert. Der Korrelationskoeffizient von 0,75 zwischen jüngster Messung im Alter 7 und der letzten im Alter von 51 Jahren zeigt, dass eine Herkunftsselektion auf Basis des Jugendwachstums bei der Fichte bereits in diesem jungen Alter eine legitime Aussage auf die zu erwartende Performance im höheren Alter und damit voraussichtlich auch bis zum Ende der Umtriebszeit zulässt. Die Gegenüberstellung der Leistung nach Herkunftsgruppen über die verschiedenen Messungen hinweg zeigt außerdem, dass Gruppen, die im jungen Alter besser als das Versuchsmittel sind, bis ins hohe Alter im positiven Bereich bleiben.

Auf Basis dieser Auswertung lässt sich so noch keine Aussage treffen, inwieweit die positiv abschneidenden Herkunftsgruppen mit zunehmend trockeneren Bedingungen zurechtkommen. Allerdings haben die Herkünfte der am besten abschneidenden Gruppe 5 aus den Karpaten weniger Niederschlag im trockensten Monat des Jahres und damit eine intensivere Trockenperiode als die Herkünfte aus den Beskiden, dem Böhmer Wald oder dem Alpenraum. Die Trockenheitstoleranz unterschiedlicher Herkünfte wird aktuell im Projekt „Fichte-Trockenheit“ genau unter die Lupe genommen (LIESEBACH et al. 2018). Dafür wurden von über 500 Bäumen auf der hier genannten vollkommen undurchforsteten Versuchsfläche Fi44 Bohrkernsowie DNA-Proben genommen. Die genaue Untersuchung der Reaktion der Bäume auf Trockenstress soll dazu beitragen, im Genom potenzielle Marker zu identifizieren, welche an einer unterschiedlich stark ausgeprägten Trockenresistenz beteiligt sind.

Schlussfolgerung und Ausblick

Auf den deutschen Versuchsflächen des IUFRO-Fichtenherkunftsversuchs von 1964/68 haben sich insbesondere die Herkünfte der herzynisch-karpatischen Rückwanderungslinie aus den Beskiden und Karpaten als wuchsüberlegen gezeigt. Es wäre entsprechend bei zukünftigen Anbauten der Fichte im Sinne der Bestandesproduktivität durchaus sinnvoll eine Migration von Vermehrungsgut aus diesen Ursprungsgebieten zu unterstützen, wie sie im Endeffekt bereits in der Vergangenheit erfolgreich durchgeführt wurde. Darüber hinaus zeigen auch Populationen, die außerhalb des natürlichen Verbreitungsgebiets (Gruppe 1, West- und Norddeutschland, sowie der Nordosten Polens) beerntet wurden ein gutes Wachstum. Es ist wahrscheinlich, dass diese Populationen von anthropogener Selektion profitiert haben, und darüber hinaus bereits innerhalb einer Generation einen Schritt in Richtung Anpassung an die klimatischen und standörtlichen Bedingungen in Westdeutschland getan haben. Nach Möglichkeit sollte dabei allerdings differenziert vorgegangen werden, indem vorwiegend solche Herkünfte verwendet werden, die sich in Vergleichsprüfungen besonders hervorheben.

Die enge Korrelation der Merkmale Höhe und Durchmesser zu unterschiedlichem Alter lässt darauf schließen, dass sich Beobachtungen aus dem Jugendalter bei der Fichte auf das spätere Alter übertragen lassen. Damit kann die differenzierte Auswahl auf Basis von Ergebnissen im Jugendalter gestützt werden.

Die Wuchsleistung aus dem Jugendalter geht aktuell gemeinsam mit den Ergebnissen aus 13 weiteren europäischen Experimenten in eine umfassende Auswertung mit ein mit dem Ziel eines merkmalsbasierten Verbreitungsmodells, welches das Wachstum mit dem Klima auf den unterschiedlichen Versuchsflächen und des Herkunftsortes in Bezug setzt (CHAKRABORTY et al., 2016, 2015; WANG et al., 2010). Das resultierende Modell dient der Definition zukünftig in Mitteleuropa für die Fichte noch geeigneter Klimabereiche und für eine differenzierte Empfehlung bezüglich der Herkunftswahl unter dem für die Zukunft prognostizierten Klima (LIEPE et al. *in prep*).

Danksagung

Unser Dank gilt zahlreichen Mitarbeitern am Thünen-Institut für Forstgenetik die an der Pflanzenanzucht, der Anlage der Versuchsflächen, ihrer langjährigen Betreuung und der Erhebung von Merkmalen beteiligt waren. Großer Dank gebührt darüber hinaus den Waldbesitzern für die Bereitstellung ihrer Waldflächen. Ohne Sie und Ihre Mitarbeit wären große Versuchsserien wie diese nicht zu realisieren.

Literatur

- ABMANN M, BÖCKEMANN T, FENNER S, HAUSKELLER H-M, KLEINSCHMIT W, MEYER P, OVERBECK M, PAMPE A, PETERIT A, SCHRÖDER M, SPELLMANN H, WEIGEL C, WOLLBORN P (2016) LÖWE - Langfristige ökologische Waldentwicklung. Aus dem Walde - Schriftenreihe Waldentwicklung in Niedersachsen 60.
- BIBER P, KNOKE T, PRETZSCH H (2013) Eine waldwachstumskundlich-ökonomische Simulationsstudie zu Effekten der Baumartenmischung Fichte-Buche Konzept und erste ertragskundliche Ergebnisse, in: Sektion Ertragskunde, Beiträge zur Jahrestagung 2013: 65–74.
- BMEL (2016) Ergebnisse der Bundeswaldinventur 2012. Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft, Referat 535, Berlin.
- BMEL (2019) Deutschlands Wald im Klimawandel. Eckpunkte und Maßnahmen. Diskussionspapier zum Nationalen Waldgipfel, 25.09.2019. Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft, Referat 513, Berlin.
- 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. *PLoS One* 10, e0136357.
- CHAKRABORTY D, WANG T, ANDRE K, KONNERT M, LEXER MJ, MATULLA C, WEIBENBACHER L, SCHUELER S (2016) Adapting Douglas-fir forestry in Central Europe: evaluation, application, and uncertainty analysis of a genetically based model. *European Journal of Forest Research* 135, 919–936. <https://doi.org/10.1007/s10342-016-0984-5>

- COLLIGNON A-M, VAN DE SYPE H, FAVRE J-M (2002). Geographical variation in random amplified polymorphic DNA and quantitative traits in Norway spruce. *Canadian Journal of Forest Research* 32: 266–282.
- DERING M, LEWANDOWSKI A (2009) Finding the meeting zone: Where have the northern and southern ranges of Norway spruce overlapped. *Forest Ecology and Management* 259: 229–235. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2009.10.018>
- FALK W, DIETZ E, GRÜNERT S, SCHULTZE B, KÖLLING C (2008) Wo hat die Fichte genügend Wasser? *LWF aktuell* 66: 21–25.
- FNR (2019) Daten, Fakten & Hintergrundinformationen zur aktuellen Waldsituation. Nationaler Waldgipfel, 25.09.2019 in Berlin. Fachagentur für Nachwachsende Rohstoffe e. V., Gülzow-Prüzen.
- ISIK K, KLEINSCHMIT J, STEINER W (2010) Age-age correlations and early selection for height in a clonal genetic test of Norway spruce. *Forest Science* 56: 212–221. <https://doi.org/10.1093/forestscience/56.2.212>
- JANSEN S, KONRAD H, GEBUREK T (2017) The extent of historic translocation of Norway spruce forest reproductive material in Europe. *Annals of Forest Research* 74: 1–17. <https://doi.org/10.1007/s13595-017-0644-z>
- KÖLLING C, KNOKE T, SCHALL P, AMMER C (2009) Überlegungen zum Risiko des Fichtenanbaus in Deutschland vor dem Hintergrund des Klimawandels. *Forstarchiv* 80: 42–54.
- KRUTZSCH P (1974) The IUFRO 1964-68 Provenance Test with Norway Spruce (*Picea abies* (L.) Karst.). *Silvae Genetica* 23: 58–62.
- LIESEBACH H, HARTMANN M, LIESEBACH M, BOLTE A (2018) Genetisch verankerte Reaktion der Fichten auf Trockenstress? *AFZ - Der Wald* 9: 13–15.
- LIESEBACH M, RAU H-M, KÖNIG AO (2010) Fichtenherkunftsversuch von 1962 und IUFRO-Fichtenherkunftsversuch von 1972. Ergebnisse von mehr als 30-jähriger Beobachtung in Deutschland. Universitätsverlag Göttingen. Beiträge aus der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt Band 5, Göttingen, 467 p.
- MATYAS C (1994) Modeling climate change effects with provenance test data. *Tree Physiology* 14, 797–804.
- POLLEY H, KROIHER F, RIEDEL T, SEINTSCH B, SCHMIDT U (2015) Buche und Fichte – beliebt und begehrt. *Johann Heinrich von Thünen-Institut, Braunschweig. Thünen à la carte* 3, 6 p. DOI:10.3220/CA1444828309000
- PRETZSCH H, BLOCK J, DIELER J, DONG PH, KOHNLE U, NAGEL J, SPELLMANN H, ZINGG A (2010) Comparison between the productivity of pure and mixed stands of Norway spruce and European beech along an ecological gradient. *Annals of Forest Science* 67. <https://doi.org/10.1051/forest/2010037>
- SCHMIDT-VOGT H (1977) Die Fichte. Band 1: Taxonomie, Verbreitung, Morphologie, Ökologie, Waldgesellschaften. Verlag Paul Parey, Hamburg & Berlin.
- Schmitz F, Polley H, Schwitzgebel F (2005) Die zweite Bundeswaldinventur–BW12: Der Inventurbericht. Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV), Bonn.
- SCHUELER S, KAPPELLER S, KONRAD H, GEBUREK T, MENGL M, BOZZANO M, KOSKELA J, LEFÈVRE F, HUBERT J, KRAIGHIER H, LONGAUER R, OLRİK DC (2013) Adaptive genetic diversity of trees for forest conservation in a future climate: A case study on Norway spruce in Austria. *Biodiversity and Conservation* 22, 1151–1166. <https://doi.org/10.1007/s10531-012-0313-3>
- TABERLET P, FUMAGALLI L, WUST-SAUCY AG, COSSON JF (1998) Comparative phylogeography and postglacial colonization routes in Europe. *Molecular Ecology* 7, 453–464. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294x.1998.00289.x>
- THURM EA, HERNANDEZ L, BALTENSWEILER A, AYAN S, RASZTOVITS E, BIELAK K, ZLATANOV TM, HLADNIK D, BALIC B, FREUDENSCHUSS A, BÜCHSENMEISTER R, FALK W (2018) Alternative tree species under climate warming in managed European forests. *Forest* 430, 485–497. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2018.08.028>
- TOLLEFSRUD MM, KISSLING R, GUGERLI F, JOHNSEN Ø, SKRØPPA T, CHEDDADI R, VAN DER KNAAP WO, LATAŁOWA M, TERHÜRNEBERSON R, LITT T, GEBUREK T, BROCHMANN C, SPERISEN C (2008) Genetic consequences of glacial survival and postglacial colonization in Norway spruce: Combined analysis of mitochondrial DNA and fossil pollen. *Molecular Ecology* 17, 4134–4150. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2008.03893.x>
- UJVÁRI-JÁRMAY É, NAGY L, MÁTYÁS C (2016) The IUFRO 1964/68 inventory provenance trial of Norway spruce in Nyírjes, Hungary - Results and conclusions of five decades. *Acta Silvatica et Lignaria Hungarica* 12. <https://doi.org/10.1515/aslh-2016-0001>
- WANG T, O'NEILL GA, AITKEN SN (2010) Integrating environmental and genetic effects to predict responses of tree populations to climate. *Ecological Applications* 20, 153–163. <https://doi.org/10.1890/08-2257.1>

Autoren

KATHARINA J. LIEPE, Dr. MIRKO LIESEBACH

Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf
katharina.liepe@thuenen.de

HANNAH SUSANNE MITTELBERG

Georg-August-Universität Göttingen, Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie, Büsgenweg 5,
37077 Göttingen

Assoziation zwischen Kandidatengen und der Kronenform der Fichte (*Picea abies* [L.] KARST.) zeigt die Klimaadaptation autochthoner Hochlagenbestände

OLIVER CARÉ, OLIVER GAILING, MARKUS MÜLLER, KONSTANTIN V. KRUTOVSKY und LUDGER LEINEMANN

Zusammenfassung

In der vorliegenden Arbeit werden Arbeiten von CARÉ et al. (2018 und 2020) zusammengefasst und im Zusammenhang mit der aktuellen Literatur dargestellt. Die Fichte ist in einem großen Spektrum von Umweltbedingungen bestandesbildend, darunter auch schneereiche Regionen, einschließlich der Hochlagen. Eine schlanke Kronenarchitektur ist zentral für die Widerstandsfähigkeit gegenüber hohen Schneelasten und damit einhergehender Bruchgefährdung. So zeigen Tieflagenherkünfte mit meist breitkronigen Bäumen wesentlich höhere Anteile an Schneebruch im Vergleich zu Hochlagenherkünften mit der charakteristischen schmalen Kronenform. In den Regionen des Thüringer Waldes, des Erzgebirges und aus dem Harz wurden Bestände von Tieflagen- und Hochlagenherkünften untersucht, um der Frage genetischer Anpassungsmechanismen an Hochlagenbedingungen nachzugehen. Aus 7 Populationen in vergleichbarer Höhenlage und mit ähnlichen Umweltbedingungen wurden 765 Individuen an 44 Einzelnukleotid-Polymorphismen (Single Nucleotide Polymorphisms, SNPs) in 24 Kandidatengen untersucht und anhand ihrer Kronenarchitektur beurteilt. Die durchgeführten Assoziationsuntersuchungen wiesen besonders Unterschiede in den Genen GIGANTEA (GI) und PSEUDO RESPONSE REGULATOR 1 (PRR1) zwischen den Kronenformen aus. Beide Gene steuern die Circadiane Rhythmik von Pflanzen und sind für Austriebszeitpunkt, Wuchsabschluss und Kältetoleranz mitverantwortlich. SNP-Variation in diesen Genen wurde bereits bei zahlreichen Arten mit Klimaanpassung in Verbindung gebracht. Die Assoziation mit der Kronenform in Fichte zeigt hier die Beteiligung dieser Gene an der Hochlagenanpassung autochthoner Fichtenbestände. Durch diese Ergebnisse wird die Bedeutung der Höhenzonierung bei der Gewinnung und Auswahl von Forstsaatgut einmal mehr deutlich.

Schlüsselworte: Einzelnukleotid-Polymorphismen (SNPs), Provenienz, Differenzierung, Schneebruch, Kronenmorphologie

Abstract

Association between candidate genes and crown architecture in Norway spruce (*Picea abies* [L.] KARST.) gives evidence of climatic adaptation of autochthonous high elevation stands

The study of CARÉ ET AL. (2018 and 2020) and related recent literature are briefly presented here. Norway spruce stands grow under a wide spectrum of environmental conditions, such as snowy regions in mountains and at high elevation. Key traits helping to resist the heavy snow loads in winter and the accompanying breakage hazard is a narrow crown architecture. Substantially higher proportions of damaged trees can be found among broad crowned trees compared to narrow crowned trees in snowy regions. We studied genetic adaptation to high elevation conditions in stands located in the Thuringian forest, the Ore mountains, and the Harz mountains. A total of 765 individual trees from seven populations growing at comparable elevation and thus similar climatic conditions but differing in the presumed origin and crown morphology were genotyped at 44 SNPs in 24 candidate genes, and association between crown

morphology and these SNPs was analysed. Several significant associations of SNPs with crown shape were found including SNPs in the Gigantea (GI) and the Pseudo Response Regulator 1 (PRR1) genes. Both genes are core circadian clock genes regulating the circadian rhythm and can affect bud burst and growth cessation, and their variation could also be involved in cold tolerance. It was demonstrated that SNP variation in these genes is related to the climatic adaptation in several plant species. Their association also with crown shape likely shows involvement of these genes in the high elevation adaptation of autochthons Norway spruce stands. These results once again demonstrate the importance of choosing the right provenance for selection and harvest of forest seeding material.

Keywords: Single nucleotide polymorphisms (SNPs), provenance, differentiation, snow breakage, crown morphology

Einleitung

Durch natürliche und anthropogene Verbreitung kommt die Fichte in einer großen Bandbreite von Umweltbedingungen vor. Während natürliche Populationen im Laufe von Generationen eine gewisse Anpasstheit erreicht haben, ist dies bei anthropogen verfrachtetem Material ungeeigneter Herkunft häufig nicht der Fall. Aktuelle Anpassungsprozesse resultieren dabei häufig in Beständen geringer Vitalität und Wüchsigkeit. Besonders augenfällig werden solche Unterschiede beim Vergleich autochthoner Hochlagenfichten mit den sogenannten „Tieflagenfichten“. Die Unterschiede in der Kronenmorphologie werden mit der Anpassung an hohe Schneelasten in den Hochlagen oder schneereichen Gebieten in Verbindung gebracht. Die Variation reicht von einer breiten ausladenden Krone mit geraden oder aufwärts gerichteten Ästen erster Ordnung bis zu einer schlanken schmalen Krone mit abwärts gerichteten Ästen. Dabei ist die Verzweigung der Äste 2. Ordnung bei breitkronigen Fichten kammartig, variiert über bürstenartige Verzweigungsformen, zur plattenartigen Verzweigung bei charakteristisch schmalkronigen Hochlagentypen (GRUBER 1989; SCHMIDT-VOGT 1977).

Der Anteil an Bäumen des schmal und plattenartig verzweigten Typus nimmt mit zunehmender Höhenlage des Bestands zu (MÁTYÁS 2004a; GEBUREK et al. 2008), aber auch in den Tieflagen steigt der Anteil bei Zunahme der Schneebruchgefahr (KÖNIG 2002; MÁTYÁS 2004b). Daraus wird ersichtlich, dass eine Adaption an erhöhte Schneelasten und damit einhergehender Bruchgefahr besteht, da bei einem höheren Schlankheitsgrad die Resistenz gegenüber Wind- und Schneebruch zunimmt (NYKÄNEN ET AL., 1997). Für Hochlagenherkünfte konnte eine erhöhte Stabilität gegenüber Schneelasten in Provenienzversuchen nachgewiesen werden (KALELA 1937; LIESEBACH et al. 2010). Von der Kronenmorphologie wird bereits lange angenommen, dass diese starker genetischer Kontrolle unterworfen ist (GRUBER 1993; KIELLANDER 1962; SYLVÉN 1909). Bei Versuchen an Fichten-Halbgeschwisterfamilien wurden erst vor kurzem Effekte der Provenienz auf den Schlankheitsgrad beobachtet (APOSTOL und BUDEANU 2019). Diese Ergebnisse stärken die Annahme der starken genetischen Kontrolle dieses Merkmals. Ein hoher Anteil an schneebruchgeschädigten breitkronigen Individuen in gepflanzten Hochlagenbestände (CARÉ et al. 2018), spricht für eine eingeschränkte phänotypische Plastizität der breitkronigen Herkünften. Auch dieses Ergebnis steht nicht im Widerspruch zu einer starken Heritabilität der Kronenform.

In Deutschland wird davon ausgegangen, dass keine anthropogen unbeeinflussten Wälder zu finden sind. Spätestens seit der Römerzeit kann von intensiver Nutzung mitteleuropäischer Wälder ausgegangen werden (MOSANDL 2009). Dabei wurden in den Mittelgebirgsregionen, durch die oft vorkommenden Bodenschätze, Wälder besonders intensiv genutzt. Bei der Fichte ist außerdem reger Saatguthandel, auch über die Grenzen des heutigen Deutschlands, seit der Mitte des 18. Jahrhunderts nachgewiesen (JANSEN et al. 2017). Feststellen lässt sich, dass Bestände in höheren Lagen oft durch breitkronige Individuen geprägt sind. Diese sind potenziell aus Aufforstungen mit nicht angepassten Herkünften entstanden oder aus Verjüngung solcher Bestände hervorgegangen. Die mangelnde Anpassung an die Schneelasten zeigt sich in diesen Beständen häufig durch den hohen Anteil an Bäumen mit Kronenbrüchen und Zwieselbildung (Abbildung 1).



Abbildung 1: Individuen mit Kronenbruch und Zwieselbildung in einem gepflanzten Bestand auf ca. 900 m ü. NN im Thüringer Wald, deren Kronenmorphologie als typisch breitkronig mit kammartiger Verzweigung anzusprechen ist (Foto: O. CARÉ).

Weit besser als die Kronenform sind phänologische Unterschiede zwischen Herkünften aus unterschiedlichen Breitengraden bzw. Höhenlagen untersucht. Die Anpassung an die verringerte Vegetationsperiode und größere Kälte zeigt sich beispielsweise in dem früheren Abschluss der Wachstumsperiode (BECK et al. 2004; HOWE et al. 2004), einer höheren Kältetoleranz (GÖMÖRY et al. 2010; KATHKE & BRUELHEIDE 2011) und höherer Toleranz gegenüber Frosttrocknis (MAYR et al. 2002; MODRZYŃSKI & ERIKSSON 2002). Im Hinblick auf die molekulargenetischen Analysen ist daher festzuhalten, dass sowohl morphologische sowie phänologische Merkmale klimatischen Gradienten folgen.

Folgende Fragen wurden untersucht: (1) Sind Einzel-Nukleotid-Polymorphismen (SNPs) in Kandidatengenen mit bekannter Assoziation zu klimatischen oder phänologischen Parametern ebenfalls mit der Kronenform assoziiert? (2) Sind ähnliche Variationsmuster der assoziierten SNPs in unterschiedlichen Regionen wiederzufinden und damit als generelles Anpassungsmerkmal anzusehen? (3) Kann von einer genetischen Anpassung schmalkroniger Individuen ausgegangen werden und ist die Kronenform ein Indikator für besonders angepasste Genotypen?

Für eine detaillierte Ausarbeitung dieser Fragestellung ist insbesondere auf CARÉ et al. (2020) zu verweisen.

Material und Methoden

In drei Mittelgebirgsregionen, dem Harz, dem Thüringer Wald und dem Erzgebirge, wurden insgesamt 755 Individuen phänotypisch anhand ihrer Kronenmorphologie charakterisiert und genetisch an 44 SNPs in 24 Kandidatengenen untersucht. Je Region wurde in vergleichbarer Höhenlage zwischen 770 und 1060 m ü. NN je ein Bestand mit typischer Hochlagenmorphologie und ein, wahrscheinlich aus Pflanzung entstandener, Bestand mit je 115 adulten Individuen untersucht. Zusätzlich wurde der im Thüringer Wald gelegene Reliktbestand „Schlossbergfichte“ mit 75 Altbäumen einbezogen. Dieser zeichnet sich durch sein besonders hohes Alter und typisch schmale Kronenmorphologie aus. Als SNPs wurden solche ausgewählt, die in vorangegangenen Studien bereits mit Klimaadaptation und phänologischen Unterschieden in

Verbindung gebracht wurden (CHEN et al. 2016, 2012; HEUERTZ et al. 2006; KÄLLMAN et al. 2014). Die Genotypisierung wurde durch Agena Bioscience GmbH durchgeführt. Die phänotypische Charakterisierung der Bäume in den drei Kategorien schmalkronig, intermediär und breitkronig folgte den früheren Klassifikationen der Kronenmorphologie in Fichte (GEBUREK et al. 2008; GRUBER 1989; PRIEHÄUSSER 1958; SCHMIDT-VOGT 1979). Assoziations- und Differenzierungsuntersuchungen zwischen den 3 morphologischen Gruppen wurden je Region und als gruppierter Datensatz mittels zweier GLM (generalisierter linearer Modelle) in dem R-Paket „Snpassoc 1.9-2“ (GONZALEZ et al. 2007) und der Software „Tassel 5.0“ (BRADBURY et al. 2007), einer F_{ST} -Outlier Methode in „Lositan 1.6“ (ANTAO et al. 2008) und der Software „DifferInt“ (GILLET 2013) für das Differenzierungsmaß δ_{SD} (GREGORIUS & ROBERDS 1986) durchgeführt. Vorangegangene Ergebnisse zur neutral genetischen Struktur an dem Probenmaterial aus Untersuchungen an Mikrosatelliten (CARÉ et al. 2018) sind als Kovariate bei den GLM Analysen und als neutrale F_{ST} -Werte bei der Outlier-Analyse eingegangen. Zur Berücksichtigung multipler Vergleiche, wurden die p -Werte jeder Analyse einer FDR-Korrektur unterzogen (STOREY 2002; STOREY & TIBSHIRANI 2003).

Ergebnisse

Nach der FDR-Korrektur wurden hochsignifikante Assoziationen mit der Kronenform für SNPs in zwei Genen festgestellt. Ein SNP lag in einem putativ für einen mitochondrialen Transkriptions-terminierenden Faktor kodierenden Gen mit der Abkürzung MA_39589g0010. Zwei weitere SNPs lagen in einem Gen, das putativ kodierend ist für ein GIGANTEA Protein (GI) mit der Bezeichnung MA_19575g0010. Dies wurde für den kombinierten Datensatz aller Individuen und den Datensatz aus dem Thüringer Wald mittels GLM Analyse festgestellt. Speziell für die beiden SNPs in dem GIGANTEA Gen (GI6-1089 und GI-1207) kann sowohl im Gesamtdatensatz (Tabelle 1) als auch für jede Region eine Zunahme des C-bzw. T-Nukleotids in den Heterozygoten in den breitkronigen Individuen festgestellt werden. Regional wurde in Thüringen eine hochsignifikante Differenzierung von drei SNPs in dem Gen MA_2193g0020, welches ein APETALA 2 ähnliches Protein kodiert, beobachtet.

Tabelle 1: Häufigkeiten der Genotypen an den SNP-Loci a) GI6-1089 und b) GI6-1207 für den Gesamtdatensatz über alle Regionen. Die prozentualen Anteile der Genotypen innerhalb einer morphologischen Gruppe sind dargestellt (Reihensumme = 100%). Die Anzahl der Individuen mit entsprechenden Geno- und Phänotypen ist in Klammern verzeichnet. (Werte aus CARÉ et al. 2020)

a) GI6-1089	A/A (N=616)	A/C (N=126)	C/C (N=7)	b) GI6-1207	C/C (N=627)	C/T (N=116)	T/T (N=7)
Schmal (N=242)	86.8 %	12.0 %	1.2 %	Schmal (N=243)	87.7 %	11.1 %	1.2 %
Intermediär (N=280)	84.7 %	14.3 %	1.1 %	Intermediär (N=280)	86.1 %	12.9 %	1.1 %
Breit (N=227)	74.4%	25.1 %	0.4 %	Breit (N=227)	76.2 %	23.3 %	0.4 %

Für weitere Gene wurden Hinweise auf SNPs gefunden, die im Zusammenhang mit der Kronenform stehen könnten (CARÉ et al. 2020). Diese konnten jedoch nicht durch die besonders strenge FDR-Korrektur bestätigt werden.

Diskussion

Zwischen Hoch und Tieflagenherkünften, sowie zwischen südlichen und nördlichen Herkünften lassen sich Unterschiede in der Terminierung bei der Knospenanlage, dem Austrieb und der Blüte zeigen. Auch sind Unterschiede in der Frosthärte nachzuweisen (CHMURA 2006; HANNERZ & WESTIN 2005; KATHKE & BRUELHEIDE 2011; MODRZYŃSKI & ERIKSSON 2002). Die Variation der Kronenmorphologie folgt Klima- und Höhengradienten in ähnlicher Weise wie dies für phänologische Merkmale beschrieben ist.

Von CARÉ et al. (2020) wurden erstmals Genmarkeranalysen zur Angepasstheit der Fichte im Zusammenhang mit ihrer Kronenmorphologie durchgeführt. Dazu wurden Vergleiche zwischen Individuen aus Beständen, die in ähnlicher Höhenlage wachsen, sich jedoch in der Herkunft und dem Phänotyp unterscheiden durchgeführt.

Für SNPs in Genen der circadianen Uhr, GI und PRR1, konnten signifikante Assoziationen der Variationsmuster zur Kronenform nachgewiesen werden. Wenngleich, PRR1 nicht durch FDR-Korrektur bestätigt werden konnte. Die Kronenform selbst wird vermeintlich nicht durch diese Gene gesteuert, jedoch folgen beide Anpassungsprozesse ähnlichen Umweltgradienten. Gene der circadianen Uhr sind an einer Vielzahl von Prozessen beteiligt, die einem Tag/Nacht und jahreszeitlichem Rhythmus unterliegen. Unter anderem sind diese Gene bei der Steuerung der oben genannten phänologischen Vorgänge beteiligt und dies nicht nur bei Gymnospermen (ALAKÄRPPÄ et al. 2018; CHEN et al. 2012), sondern auch bei Angiospermen (DING et al. 2018; IBÁÑEZ et al. 2010; LLORET et al. 2018). Ähnliche Muster in den Allelverteilungen, wie hier zwischen breit- und schmalkronigen Individuen, wurden entlang von Breitengrads-/Klimatransekten ebenfalls an SNPs in GI und PRR1 für Fichte und Kiefer berichtet (CHEN et al. 2016, 2012; KUJALA & SAVOLAINEN 2012). Diese regions-, studien- und artübergreifenden Befunde zeigen die zentrale Bedeutung dieser Gene bei der lokalen Anpassung.

Die beobachteten Unterschiede können daher als Effekt der Herkunft interpretiert werden. Für die Mehrzahl der untersuchten Gene kann aus den Genfunktionen kein direkter Einfluss auf die Kronenmorphologie, abgeleitet werden. Vielmehr kann von einer Co-adaption der Kronenform und phänologischer Prozesse geschlossen werden, wie für GI und PRR1 dargestellt wurde.

Schlussfolgerung

Die Ergebnisse der Assoziationsanalyse zeigen signifikante Unterschiede in den Allelverteilungen verschiedener SNPs zwischen schmal- und breitkronigen Fichten in ähnlicher Umwelt. In natürlichen Populationen kann daher eine genetische Angepasstheit schmalkroniger Fichten an Hochlagenbedingungen vermutet werden. Besonders Gene der circadianen Uhr, GI und PRR1, zeigen regionsübergreifend Variationsmuster, ähnlich den Mustern beim Vergleich von Populationen entlang von Breitengrads- oder Höhentransekten. Die an der Steuerung der circadianen Rhythmik beteiligten Gene haben entscheidende Bedeutung bei der lokalen Anpassung, welches bereits in einigen Pflanzenarten gezeigt werden konnte. Die Assoziation der Kronenform mit bestimmten Genen bzw. Genotypen untermauert die Bedeutung der Kronenform als Zeiger für die Angepasstheit von Fichtenbeständen und – Individuen. Insbesondere für die Auswahl von Genressourcen und die Auswahl bzw. Anlage von Saatgutpopulationen ist dies von entscheidender Bedeutung. Grundsätzlich kann auf die Bedeutung der Herkunft bei der Auswahl von Material für Pflanzungen, Saatgutgewinnung und Züchtungsprogrammen hingewiesen werden. Dies gilt vor allem auch vor dem Hintergrund vermuteter zukünftiger Umweltänderungen am Wuchsort.

Danksagung

Die Autoren danken der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt (NW-FVA) für die Bereitstellung der DNA-Proben des Hochlagenbestandes am Brocken, Alexandra Dolynska und Christine Radler aus der Abteilung Forstgenetik und Fortpflanzenzüchtung der Universität Göttingen für die Assistenz und Arbeit im Labor, dem Staatsbetrieb Sachsenforst, ThüringenForst, den Niedersächsischen Landesforsten und dem Forstlichen Forschungs- und Kompetenzzentrum (FFK Gotha) für die Unterstützung bei der Bestandesauswahl. Die Autoren bedanken sich außerdem für die Förderung der Untersuchung beim Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft und der Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR) (FKZ 22023814).

Literatur

- ALAKÄRPPÄ E, SALO HM, VALLEDOR L, CAÑAL MJ, HÄGGMAN H, VUOSKU J (2018) Natural variation of DNA methylation and gene expression may determine local adaptations of Scots pine populations. *Journal of Experimental Botany* 69, 5293–5305. doi:10.1093/jxb/ery292
- ANTAO T, LOPES A, LOPES RJ, BEJA-PEREIRA A, LUIKART G (2008) LOSITAN: A workbench to detect molecular adaptation based on a Fst-outlier method. *BMC Bioinformatics* 9, 323. doi:10.1186/1471-2105-9-323
- APOSTOL EN, BUDEANU M (2019) Adaptability of narrow-crowned Norway spruce ideotype (*Picea abies* (L.) KARST. pendula form) in 25 years half-sib comparative trials in the Eastern Carpathians. *Forests* 10, 395. doi:10.3390/f10050395
- BECK EH, HEIM R, HANSEN J (2004) Plant resistance to cold stress: mechanisms and environmental signals triggering frost hardening and dehardening. *Journal of Biosciences* 29, 449–459. doi:10.1007/BF02712118
- BRADBURY PJ, ZHANG Z, KROON DE, CASSTEVENSON TM, RAMDOSS Y, BUCKLER ES (2007) TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples. *Bioinformatics* 23, 2633–2635. doi:10.1093/bioinformatics/btm308
- CARÉ O, GAILING O, MÜLLER M, KRUTOVSKY KV, LEINEMANN L (2020) Crown morphology in Norway spruce (*Picea abies* [KARST.] L.) as adaptation to mountainous environments is associated with single nucleotide polymorphisms (SNPs) in genes regulating seasonal growth rhythm. *Tree Genetics & Genomes* 16, 4. doi:10.1007/s11295-019-1394-x
- CARÉ O, MÜLLER M, VORNAM B, HÖLTKEN A, KAHLERT K, KRUTOVSKY K, GAILING O, LEINEMANN L (2018) High Morphological differentiation in crown architecture contrasts with low population genetic structure of German Norway spruce stands. *Forests* 9, 752. doi:10.3390/f9120752
- CHEN J, KÄLLMAN T, MA X-F, ZAINA G, MORGANTE M, LASCoux M (2016) Identifying genetic signatures of natural selection using pooled population sequencing in *Picea abies*. *G3: Genes|Genomes|Genetics* 6, 1979–1989. doi:10.1534/G3.116.028753
- CHEN J, KÄLLMAN T, MA X, GYLLENSTRAND N, ZAINA G, MORGANTE M, BOUSQUET J, ECKERT A, WEGRZYN J, NEALE D, LAGERCRANTZ U, LASCoux M (2012) Disentangling the roles of history and local selection in shaping clinal variation of allele frequencies and gene expression in Norway spruce (*Picea abies*). *Genetics* 191, 865–881. doi:10.1534/genetics.112.140749
- CHMURA DJ (2006) Phenology differs among Norway spruce populations in relation to local variation in altitude of maternal stands in the Beskid Mountains. *New Forests* 32, 21–31. doi:10.1007/s11056-005-3390-2
- DING J, BÖHLENIUS H, RÜHL MG, CHEN P, SANE S, ZAMBRANO JA, ZHENG B, ERIKSSON ME, NILSSON O (2018) GIGANTEA-like genes control seasonal growth cessation in *Populus*. *New Phytologist* 218, 1491–1503. doi:10.1111/nph.15087
- GEBUREK T, ROBITSCHKE K, MILASOWSKY N (2008) A tree of many faces: Why are there different crown types in Norway spruce (*Picea abies* [L.] KARST.)? *Flora: Morphology, Distribution, Functional Ecology of Plants* 203, 126–133. doi:10.1016/j.flora.2007.01.003
- GILLET EM (2013) DifferInt : compositional differentiation among populations at three levels of genetic integration. *Molecular Ecology Resources* 13, 953–964. doi:10.1111/1755-0998.12145
- GÖMÖRY D, FOFFOVÁ E, KMEŠ J, LONGAUER R, ROMŠÁKOVÁ I (2010) Norway Spruce (*Picea abies* [L.] KARST.) Provenance variation in autumn cold hardiness: Adaptation or acclimation? *Acta Biologica Cracoviensia Series Botanica* 52, 42–49. doi:10.2478/v10182-010-0022-8
- GONZALEZ JR, ARMENGOL L, SOLE X, GUINO E, MERCADER JM, ESTIVILL X, MORENO V (2007) SNPAssoc: an R package to perform whole genome association studies. *Bioinformatics* 23, 654–655. doi:10.1093/bioinformatics/btm025

- GREGORIUS H-R, ROBERDS JH (1986) Measurement of genetical differentiation among subpopulations. *Theoretical and Applied Genetics* 71, 826–834. doi:10.1007/BF00276425
- GRUBER F (1993) Verzweigungssystem, Benadelung und Nadelfall der Fichte (*Picea abies*). *ecomed*, Landsberg am Lech. doi:10.1007/978-3-0348-5683-6
- GRUBER F (1989) Phänotypen der Fichte (*Picea abies* (L.) KARST.). I. Verzweigungsphänotypen: Genotyp und Modifikation. *Allg. Forst- u. J.-Ztg* 160, 157–165.
- HANNERZ M, WESTIN J (2005) Autumn frost hardiness in Norway spruce plus tree progeny and trees of the local and transferred provenances in central Sweden. *Tree Physiology* 25, 1181–1186. doi:10.1093/treephys/25.9.1181
- HEUERTZ M, DE PAOLI E, KÄLLMAN T, LARSSON H, JURMAN I, MORGANTE M, LASCOUX M, GYLLENSTRAND N (2006) Multilocus patterns of nucleotide diversity, linkage disequilibrium and demographic history of Norway spruce [*Picea abies* (L.) KARST]. *Genetics* 174, 2095–2105. doi:10.1534/genetics.106.065102
- HOWE GT, AITKEN SN, NEALE DB, JERMSTAD KD, WHEELER NC, CHEN TH (2004) From genotype to phenotype: unraveling the complexities of cold adaptation in forest trees. *Canadian Journal of Botany* 81, 1247–1266. doi:10.1139/b03-141
- IBÁÑEZ C, KOZAREWA I, JOHANSSON M, OGREN E, ROHDE A, ERIKSSON ME (2010) Circadian clock components regulate entry and affect exit of seasonal dormancy as well as winter hardiness in *Populus* trees. *Plant Physiology* 153, 1823–1833. doi:10.1104/pp.110.158220
- JANSEN S, KONRAD H, GEBUREK T (2017) The extent of historic translocation of Norway spruce forest reproductive material in Europe. *Annals of Forest Science* 74. doi:10.1007/s13595-017-0644-z
- KALELA A (1937) Zur Synthese der experimentellen Untersuchungen über Klimarassen der Holzarten, Metsätieteellisen Tutkimuslaitoksen Julkaisuja (Publications of the Forest Research Institute in Finland). Helsinki.
- KÄLLMAN T, DE MITA S, LARSSON H, GYLLENSTRAND N, HEUERTZ M, PARDUCCI L, SUYAMA Y, LAGERCRANTZ U, LASCOUX M (2014) Patterns of nucleotide diversity at photoperiod related genes in Norway spruce [*Picea abies* (L.) KARST.]. *PLoS ONE* 9, 1–10. doi:10.1371/journal.pone.0095306
- KATHKE S, BRUELHEIDE H (2011) Differences in frost hardiness of two Norway spruce morphotypes growing at Mt. Brocken, Germany. *Flora: Morphology, Distribution, Functional Ecology of Plants* 206, 120–126. doi:10.1016/j.flora.2010.09.007
- KIELLANDER CL (1962) *Picea, Abies, Pseudotsuga*. In: founded by ROEMER T and RUDOLF W edited by KAPPERT H and RUDOLF W (eds.), *Manual of Plant Breeding VI-Breeding of Legumes and Fruits, Viniculture and Silviculture*. P. Parey, Berlin, Hamburg, pp. 854–873.
- KÖNIG A (2002) Growth and snowbreak damage of Norway spruce provenances from Poland under harsh site conditions. *Schriften Forstlichen Fakultät Universität Göttingen und der Niedersächsischen Forstlichen Versuchsanstalt. Sauerländer, Frankfurt am Main*, pp 139–150
- KUJALA ST, SAVOLAINEN O (2012) Sequence variation patterns along a latitudinal cline in Scots pine (*Pinus sylvestris*): signs of clinal adaptation? *Tree Genetics & Genomes* 8, 1451–1467. doi:10.1007/s11295-012-0532-5
- LIESEBACH M, RAU H-M, KÖNIG AO (2010) Fichtenherkunftsversuch von 1962 und IUFRO-Fichtenherkunftsversuch von 1972 - Ergebnisse von mehr als 30-jähriger Beobachtung in Deutschland. *Beiträge aus der NW-FVA Band 5*.
- LLORET A, BADENES ML, RÍOS G (2018) Modulation of dormancy and growth responses in reproductive buds of temperate trees. *Frontiers in Plant Science* 9, 1–12. doi:10.3389/fpls.2018.01368
- MÁTYÁS C (2004a) Utilization of genetic and ecological adaptation research results for planning conservation of forest genetic resources in view of environmental changes. Paper based on a keynote speech held at the Institute of Forest Genetics in Hamburg, on the occasion of the retirement of Prof. H. Muhs in 2004 1–12.
- MÁTYÁS C (2004b) Population, conservation and ecological genetics. In: BURLEY J, EVANS J, YOUNGQUIST JA (eds.) *Encyclopedia of forest sciences*. Vol.1. Elsevier, Amsterdam, pp 188–197
- MAYR S, WOLFSCHWENGER M, BAUER H (2002) Winter-drought induced embolism in Norway spruce (*Picea abies*) at the Alpine timberline. *Physiologia Plantarum* 115, 74–80. doi:10.1034/j.1399-3054.2002.1150108.x
- MODRZYŃSKI J, ERIKSSON G (2002) Response of *Picea abies* populations from elevational transects in the Polish Sudety and Carpathian mountains to simulated drought stress. *Forest Ecology and Management* 165, 105–116. doi:10.1016/S0378-1127(01)00651-X
- MOSANDL R (2009) Geschichte der Wälder in Mitteleuropa im letzten Jahrtausend - Aktuelle Beiträge zum Verständnis der historischen Entwicklung. In: HERRMANN B (ed.), *Beiträge Zum Göttinger Umwelthistorischen Kolloquium 2008 - 2009*. Universitätsverlag Göttingen, Göttingen, pp. 91–114.

- NYKÄNEN ML, PELTOLA H, QUINE C, KELLOMÄKI S, BROADGATE M (1997) Factors affecting snow damage of trees with particular reference to European conditions. *Silva Fennica* 31, 193–213. doi:10.14214/sf.a8519
- PRIEHÄUSSER G (1958) Die Fichten-Variationen und -Kombinationen des Bayr. Waldes nach phänotypischen Merkmalen mit Bestimmungsschlüssel. *Forstwissenschaftliches Centralblatt* 77, 151–171. doi:10.1007/BF01829703
- SCHMIDT-VOGT H (1979) Studien zu morphologischen Variabilität der Fichte (*Picea abies* (L.) KARST.). *Allg. Forst- u. J.-Ztg.*
- SCHMIDT-VOGT H (1977) Taxonomie, Verbreitung, Morphologie, Ökologie, Waldgesellschaften. In: *Die Fichte -Ein Handbuch in Zwei Bänden; Bd. 1.* Parey, Hamburg ; Berlin, p. 647.
- STOREY JD (2002) A direct approach to false discovery rates. *Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Statistical Methodology)* 64, 479–498. doi:10.1111/1467-9868.00346
- STOREY JD, TIBSHIRANI R (2003) Statistical significance for genomewide studies. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 100, 9440–9445. doi:10.1073/pnas.1530509100
- SYLVÉN N (1909) Studier öfver granens formrikedom, särskildt dess förgreningstyper och deras skogliga värde, *Mitteilungen aus der forstlichen Versuchsanstalt Schwedens.* Stockholm.

Autoren

OLIVER CARÉ, Prof. Dr. OLIVER GAILING, Dr. MARKUS MÜLLER, Prof. Dr. KONSTANTIN V. KRUTOVSKY, Dr. LUDGER LEINEMANN
Abteilung Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Buisgen Institut, Fakultät für Forstwissenschaften und
Waldökologie, Buisgenweg 2, 37077 Göttingen
oliver.care@forst.uni-goettingen.de

Phytopathogene Pilze in der forstlichen Pflanzenzucht – Entwicklung von DNA-basierten Schnelltests zur Qualitätssicherung bei der Forstpflanzenproduktion

KRISTIN MORGENSTERN, JENS-ULRICH POLSTER, PHILIPP RÖDEL, PATRICK SCHÜTZEL, BIRGIT REICHE und DORIS KRABEL

Zusammenfassung

DNA-basierte Verfahren haben den Nachweis von Pflanzenpathogenen im Vergleich zu den klassischen Methoden (Kultivierung, Mikroskopie) entscheidend beschleunigt, sind allerdings zeit- sowie kostenintensiv und bedeuten einen hohen Geräteaufwand. Eine effiziente und kosteneffektive Alternative zur klassischen Polymerasekettenreaktion (PCR) ist eine Loop initiierte isothermale Amplifikation (LAMP). Die Reaktion erfolgt als Einschritt-Assay bei konstanter Temperatur und kann visuell ausgewertet werden.

Im Projekt „TreeLAMP“ wird am Beispiel der Douglasie ein LAMP-Verfahren zum Nachweis von *Rhodocladia pseudotsugae* etabliert. Hierfür wurden bisher 32 LAMP-Primer-Sets vom internal transcribed spacer (ITS)-Bereich der ribosomalen DNA (rDNA) abgeleitet und getestet. Dabei zeigten sich zwischen den Primer-Sets deutliche Unterschiede sowohl bei der Reaktionsgeschwindigkeit als auch bei der Konzentration der amplifizierten Produkte. Nach umfangreichen Arbeiten zur Optimierung der LAMP-Reaktion steht aktuell ein Verfahren zur Verfügung, das einen sicheren Nachweis von *R. pseudotsugae* bei konstanter Temperatur (65°C) und einer Reaktionszeit von 1,5 Stunden erlaubt. Die Detektion von Amplifikationsprodukten erfolgt durch Zugabe eines DNA-bindenden Farbstoffs, der unter UV-Licht deutlich fluoresziert. Die Nachweisgrenze liegt derzeit bei 0,02 pg/µl *R. pseudotsugae*-DNA.

Schlüsselworte: Isothermale Amplifikation; LAMP; *Rhodocladia pseudotsugae*; Douglasie

Abstract

Phytopathogenic fungi in forest plant breeding – Development of DNA-based quick tests for quality assurance in forest plant production

DNA-based methods have significantly accelerated the detection of plant pathogens compared to classical methods (cultivation, microscopy), but are time-consuming, costly and require a lot of equipment. An efficient and cost-effective alternative to the classical polymerase chain reaction (PCR) is loop initiated isothermal amplification (LAMP). The reaction takes place as a one-step assay at a constant temperature and can be evaluated visually.

In the "TreeLAMP" project, a LAMP method for the detection of *Rhodocladia pseudotsugae* SYDOW is being established using the Douglas fir as an example. To date, 32 LAMP primer sets have been derived from the internal transcribed spacer (ITS) region of ribosomal DNA (rDNA) and tested. The results showed clear differences between the primer sets in terms of both reaction rate and concentration of the amplified products. Following extensive work to optimize the LAMP reaction, a method is now available that allows the reliable detection of *R. pseudotsugae* at a constant temperature (65°C) and a reaction time of 1.5 hours. Amplification products are detected by adding a DNA-binding dye that fluoresces clearly under UV light. The detection limit is currently at 0.02 pg/µl *R. pseudotsugae* DNA.

Keywords: Isothermal amplification; LAMP; *Rhodocladia pseudotsugae*; Douglas fir

Einleitung

Die Erhaltung ökologisch stabiler und wirtschaftlich leistungsfähiger Wälder ist entscheidend für eine zukunftsfähige Waldwirtschaft. Eine grundlegende Voraussetzung für die Begründung stabiler Waldbestände ist die Erzeugung von gesundem Saat- und Pflanzgut. Dennoch ist die Forstpflanzenproduktion heute, wie in der Vergangenheit gleichermaßen, durch biotische Schadfaktoren bedroht.

Das Erkennen und Identifizieren von Pflanzenpathogenen ist eine der wichtigsten Voraussetzungen für die Entwicklung von Behandlungskonzepten und die Umsetzung von Pflanzenschutzmaßnahmen. Von besonderem Interesse ist dabei der frühzeitige Nachweis von Pathogenen in Saatguterntebeständen, Samen und Jungpflanzen, um die Einschleppung und weitere Ausbreitung von Krankheitserregern einzudämmen. Hierfür werden allerdings effiziente und praxistaugliche Diagnoseverfahren benötigt.

PCR-basierte 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; IOOS et al. 2010), verschiedene Arten der Gattung *Fusarium* (SCHWEIGKOFER et al. 2004; LUCHI et al. 2018), *Phytophthora* (IOOS et al. 2006; SCHENA et al. 2008) und *Rhizoctonia* (CATAL 2002), sowie *Sphaeropsis sapinea* (FR.) DYKO & B. SUTTON (SMITH & STANOSZ 2006), *Hymenoscyphus pseudoalbidus* V. QUELOZ ET AL. (JOHANSSON et al. 2010) und viele weitere Erreger zur Verfügung. Allerdings sind diese Verfahren zeitintensiv und mit einem hohen Geräteaufwand verbunden, der insbesondere von pflanzenproduzierenden Unternehmen in der Regel nicht erbracht werden kann. Eine empfindliche und vor allem einfache Alternative zur klassischen PCR ist die Loop-Mediated Isothermal Amplification (LAMP)-Technik. Entwickelt wurde die Methode durch NOTOMI et al. (2000) zum Nachweis von Hepatitis-B-Viren. Für die LAMP-Amplifikation werden vier bis sechs Primer verwendet, die an sechs bis acht Regionen der Ziel-DNA binden. Die Synthese des neuen DNA-Strangs erfolgt mittels einer thermostabilen DNA-Polymerase mit hoher Strangverdrängungsaktivität, so dass die Amplifikation bei konstanter Temperatur in einem einfachen Heizblock oder Wasserbad erfolgen kann. Ein weiterer Vorteil ist die einfache Auswertung der Ergebnisse. LAMP-Amplifikationsprodukte lassen sich beispielsweise mit Fluoreszenzfarbstoffen anfärben und sind so unmittelbar nach der Reaktion mit bloßem Auge erkennbar. Das Verfahren eignet sich daher besonders für Vor-Ort-Analysen und Labore ohne PCR-Einrichtung. In den letzten Jahren wurden LAMP-Protokolle zunehmend auch für Pathogene an krautigen und holzigen Pflanzen etabliert. Die Firma OptiGene Ltd. (Horsham, UK) bietet zum Beispiel ein LAMP-Kit für *H. pseudoalbidus* an (HARRISON et al. 2017). Weitere LAMP-Protokolle wurden unter anderem für *Fusarium graminearum* SCHWABE (NIESSEN & VOGEL 2010), *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.

In der aktuellen Studie stellen wir die Entwicklung eines LAMP-Schnelltests in Verbindung mit einer LAMP-optimierten DNA-Aufreinigung zum Nachweis von *Rhizoctonia pseudotsugae* SYD. in Pflanzengewebe der Douglasie vor. Ziel ist die Bereitstellung einer robusten Nachweismethode für die forstliche Praxis, die pflanzenproduzierenden Unternehmen eine einfache Untersuchung von Pflanzenmaterial vor Ort ermöglicht und langfristig das Qualitätsmanagement in der Produktion und dem Vertrieb von herkunftsgesichertem Pflanzenmaterial verbessert.

Material und Methoden

Pilz- und Pflanzenmaterial

Für die Etablierung des LAMP-Verfahrens wurde ein synthetisches Rhabdocline-Fragment, als Positivkontrolle verwendet. Vorlage für das synthetische Fragment war eine Konsensussequenz aus den internal transcribed spacer (ITS)-Bereichen der ribosomalen DNA (rDNA) von *R. pseudotsugae*, die in der Gen-Datenbank des National Center for Biotechnology Information (NCBI) verfügbar waren sowie eigenen Sequenzdaten des ITS-Bereichs aus vorangegangenen Untersuchungen. Die Synthese des Rhabdocline-Fragments erfolgte über einen DNA-Service-Provider (Eurofins Genomics GmbH, Ebersberg).

Zweigmaterial mit sichtbaren *R. pseudotsugae*-Fruchtkörper sowie Zweigmaterial ohne sichtbare Infektion wurden jeweils im Frühjahr 2018 und 2019 in einem etwa 25-jährigen Douglasienbestand im Tharandter Wald in Sachsen (50° 58' N, 13° 28' E) gesammelt und für weitere Untersuchungen bei -25°C eingelagert. Darüber hinaus standen Douglasien-Sämlinge aus vier deutschen Herkunftsgebieten für forstliches Vermehrungsgut zur Verfügung, die 2018 vom Projektpartner Biomasse Schraden e. V. (Großthiemig) kultiviert wurden. In Tabelle 1 sind die verwendeten Saatgutherkünfte mit Angaben zu Reifejahr und Keimfähigkeit aufgelistet.

Tabelle 1: Verwendetes Saatgut für die Anzucht von Keimpflanzen (Biomasse Schraden e. V.) mit Angaben zum Herkunftsgebiet, Erntebestand, Reifejahr, Keimfähigkeit

Herkunftsgebiet	Erntebestand	Reifejahr	Keimfähigkeit
Nordostdeutsches Tiefland außer Schleswig-Holstein (85302)	FoA Billenhagen Rev. Altheide	2011	keine Angabe
Mittel- und Osttd. Tief- und Hügelland (85303)	Mittweida	2016	81,0%
West- und Süddeutsches Hügel- und Bergland sowie Alpen, montane Stufe (85305)	Stadt Dillenburg	2016	87,0%
Südostdeutsches Hügel- und Bergland (85306)	Grillenburg	2016	81,0%

Für die Versuche zur Spezifität der LAMP-Reaktion wurden vom Projektpartner Institut für Pflanzenkultur e.K. (Schnega) Isolate endophytischer Pilze bereitgestellt, die aus oberflächendesinfizierten Nadeln der Douglasie kultiviert wurden. Das Pflanzenmaterial wurde ebenfalls im Frühjahr 2018 auf der Douglasienfläche im Tharandter Wald gesammelt. Eine Übersicht der verwendeten Isolate ist in Tabelle 2 dargestellt. Für die DNA-Extraktion der Pilz-Isolate wurde das innuPREP Plant DNA Kit, Protokoll 1 (Analytik Jena AG, Jena) verwendet und die DNA anschließend bei -25°C eingelagert.

Tabelle 2: Pilzisolat aus Douglasiennadeln (Institut für Pflanzenkultur e.K.) zum Test der Spezifität der LAMP-Primer sowie Anzahl der verfügbaren Isolate je Art

lfd. Nr.	Art	Getestete Isolate
1	<i>Anthostomella pinea</i> Crous	1
2	<i>Cladosporium</i> sp.	1
3	<i>Desmazierella acicola</i> LIB.	1
4	<i>Diaporthe</i> sp.	2
5	Eurotiomycetes	1
6	<i>Fungal</i> sp.	1
7	<i>Lophiostoma corticola</i> (FUCKEL) E.C.Y. LIEW, APTROOT & K.D. HYDE	1
8	<i>Nemania serpens</i> (PERS.) GRAY	1
9	<i>Nothophaeocryptopus gaeumannii</i> (T. ROHDE) VIDEIRA, C. NAKASH., U. BRAUN & CROUS	3
10	<i>Pestalotiopsis</i> sp.	1
11	<i>Peziza arvernensis</i> BOUD.	1
12	<i>Phoma macrostoma</i> MONT.	1
13	<i>Preussia</i> sp.	1
14	<i>Rhodocline parkeri</i> SHERWOOD, J.K. STONE & G.C. CARROLL	4
15	Sordariomycetes	2

LAMP-Primer-Design

Jedes LAMP-Primer-Set besteht aus einem Basis-Set mit einem inneren Primerpaar (FIP/BIP) und einem äußeren Primerpaar (F3/B3). Um die Reaktionsgeschwindigkeit zu verbessern, ist es möglich zusätzliche Loop-Primer (LF/LB) abzuleiten. Die Ableitung der LAMP-Primer erfolgte mit der Software „PrimerExplorer V5“ (Eiken Chemical Co.,Ltd; Tokio, Japan). Aus der Rhodocline-spezifischen Konsensussequenz des ITS-Bereichs konnten eine Vielzahl potenzieller Primer-Bindungsstellen identifiziert werden. Ausgewählt wurden fünf Basis-Sets, deren Bindungsstellen zwischen dem 5,8S und 28S-rRNA-Gen liegen sowie drei Basis-Sets, die im ITS1- und ITS2-Bereich binden. Für jedes Basis-Set wurden nach Möglichkeit zusätzliche Loop-Primer (LF/LB) abgeleitet sowie eine TTTT-Spacer-Variation der FIP- und BIP-Primer getestet. Die Spezifität der Bindungsstellen wurde mittels BLAST-Analyse überprüft.

Derzeit wird eine Patentanmeldung für die im Projekt entwickelten LAMP-Primer geprüft. Eine Veröffentlichung von Primersequenzen ist daher nicht möglich.

Etablierung LAMP-Assay

Insgesamt 32 LAMP-Primer-Kombinationen wurden hinsichtlich Reaktionsgeschwindigkeit und Ausbeute sowie Reproduzierbarkeit und Spezifität der Amplifikation verglichen. Getestet wurde mit dem WarmStart LAMP Kit, dem WarmStart Colorimetric LAMP 2x Master Mix und der Bst 3.0 DNA Polymerase der New England Biolabs GmbH (Frankfurt am Main) sowie dem GspSSD Isothermal Mastermix und dem GspSSD 2.0 Isothermal Mastermix von OptiGene Ltd. (Vertrieb über Amplex Diagnostics GmbH, Gießen). Alle Arbeiten zur Etablierung des LAMP-Assays wurden am Real-Time-PCR-Cycler qTower³ (Analytik Jena AG) durchgeführt.

Für die Untersuchung der Sensitivität der LAMP-Reaktion wurden vom Projektpartner Biomasse Schraden e. V. 50 Douglasien-Sämlinge je Saatgutherkunft bereitgestellt. Die DNA-Extraktion erfolgte mit dem DNeasy Plant Mini Kit (Qiagen GmbH, Hilden) nach Herstellerangaben. Alle Proben wurden zunächst mittels nested-PCR auf eine *R. pseudotsugae*-Infektion getestet. Hierfür wurde eine PCR mit den Universal-Primern ITS1F/ITS4 (WHITE et al. 1990; GARDES & BRUNS 1993) durchgeführt und die PCR-Produkte anschließend in einem zweiten PCR-Ansatz mit dem *R. pseudotsugae*-spezifischen Primerpaar RPP1/RPP4 (CATAL 2002) genested. Eine detaillierte Beschreibung der PCR-Bedingungen findet sich bei

MORGENSTERN et al. (2013). Die Fragmentlängenmessung wurde am Fragment Analyzer™ (Agilent Technologies Deutschland GmbH, Waldbronn) durchgeführt. Die Auswertung erfolgte mit der Software ProSize 3.0 (Agilent Technologies Deutschland GmbH).

Nach erfolgreicher Etablierung des LAMP-Assays wurden die DNA-Proben derselben Sämlinge nochmals auf einen Befall getestet. Der LAMP-Reaktionsansatz enthielt 15,0 µl GspSSD Isothermal Master Mix (OptiGene Ltd.), 4,0 µl RNase-freies Wasser (Qiagen GmbH), 5,0 µl LAMP-Primer-Mix (Eurofins Genomics GmbH; FIP/BIP je 4,0 µM; F3/B3 je 1,0 µM; LF/LB je 2,0 µM) und 1,0 µl DNA-Template. Der LAMP-Ansatz wurde für zwei Stunden bei 65°C im Real-Time-PCR-Cycler qTower³ (Analytik Jena AG) inkubiert.

Optimierung DNA-Extraktion

In einem ersten Schritt wurde der Einfluss der Douglasien-DNA auf die LAMP-Reaktion untersucht. Hierfür wurde eine definierte Menge *R. pseudotsugae*-DNA mit unterschiedlichen Mengen Douglasien-DNA gemischt und die LAMP-Reaktion in Bezug auf Reaktionsgeschwindigkeit und Ausbeute ausgewertet. Als Douglasien-Probe wurde eine Keimpflanze aus der Herkunft Dillenburg verwendet, die zuvor mit *R. pseudotsugae*-spezifischen Primern RPP1/RPP4 negativ auf einen Befall getestet wurde. Um eine Probe mit definierter *R. pseudotsugae*-Konzentration zu erhalten, wurden Pilz-Fruchtkörper von Douglasiennadeln aus dem Tharandter Wald präpariert und die DNA mit dem innuPREP Plant DNA Kit, Protokoll 1 (Analytik Jena AG) extrahiert. Die Konzentration der Pilz-DNA wurde mittels Standard-PCR mit Primerpaar ITS1F/ITS4 erhöht und das amplifizierte ITS-Fragment anschließend auf 0,2 ng/µl verdünnt.

Nach geeigneten DNA-Extraktionsverfahren für die LAMP-Amplifikation wurde unter verschiedenen Aspekten recherchiert. Zum einen wurden klassische DNA-Kits getestet, die von verschiedenen Herstellern für die Extraktion von pilzlicher DNA empfohlen werden (DNeasy Plant Mini Kit [Qiagen GmbH]; NucleoSpin® Plant II [Macherey-Nagel GmbH & Co. KG, Düren]; innuPREP Plant DNA Kit [Analytik Jena AG]) oder für die Extraktion von DNA aus schwierigen Umweltproben entwickelt wurden (E.Z.N.A.® Soil DNA Kit [Omega Bio-tek, Inc., Vertrieb über VWR International GmbH, Darmstadt]; innuPREP TCM DNA Extraction Kit und innuPREP Stool DNA Kit [Analytik Jena AG]). Mit allen Kits wurde DNA aus Douglasiennadeln mit frischen *R. pseudotsugae*-Fruchtkörpern extrahiert. Ziel war hier die Extraktion möglichst reiner Pilz-DNA ohne Inhibitoren.

Zum anderen wurden Methoden zusammengestellt mit denen die DNA-Extraktion schnell und ohne großen technischen Aufwand möglich ist. Getestet wurde die DNA-Aufreinigung mit FTA-Karten (Whatman part of GE Healthcare; Vertrieb über VWR International GmbH), dem Dilution Buffer aus dem Phire Plant Direct PCR Kit (Fisher Scientific GmbH, Schwerte) und dem Plant Material Lysis Kit (OptiGene Ltd.). Verwendet wurde Nadelmaterial von infizierten Douglasien mit erkennbaren Fruchtkörpern sowie Nadeln ohne erkennbare Fruchtkörper.

Ergebnisse

Etablierung LAMP-Assay

Insgesamt 32 LAMP-Primer-Sets (8 Basis-Sets mit Variationen) wurden zunächst mit dem WarmStart LAMP Kit (New England Biolabs GmbH) getestet. Fünf Primer-Sets blieben ohne Ergebnis. Bei den restlichen 27 Sets konnten grundsätzlich Amplifikationen beobachtet werden. Allerdings gab es deutliche Unterschiede sowohl bei der Reaktionsgeschwindigkeit als auch bei der Konzentration der amplifizierten Produkte. Primer-Sets mit Loop-Primern sowie TTTT-Spacern im FIP- und BIP-Primer zeigten in der Regel bessere Amplifikationsergebnisse als Sets ohne und Primerkombinationen, die im ITS2-Bereich zwischen 5,8S und 28S-rRNA-Gen liegen, wiesen grundsätzlich kürzere Reaktionszeiten auf als Sets, die im ITS1- und ITS2-Bereich binden.

Bei den ersten Primertests wurde eine relativ lange Reaktionszeit von 4 Stunden gewählt, um zu prüfen, ob und wann die einzelnen Sets Amplifikationsprodukte bilden. Infolge dessen wurden jedoch vermehrt unspezifisch Amplifikationen beobachtet, die sich allerdings in Ausbeute und Reaktionszeit deutlich von der Amplifikation mit *R. pseudotsugae* unterscheiden. Dennoch wurde versucht, die Stabilität und Reaktionsgeschwindigkeit der Amplifikation zu optimieren. Getestet wurden verschiedene Polymerasen, Primerkonzentrationen und Primer- Mischungsverhältnisse im Reaktionsansatz. Einen wesentlichen Einfluss auf die Stabilität der LAMP-Reaktion hatte die verwendete Polymerase. Das getestete WarmStart LAMP Kit und der WarmStart Colorimetric LAMP 2x Master Mix von New England Biolabs GmbH zeigten eine deutliche Neigung zu unspezifischen Amplifikationen ab einer Reaktionszeit von zwei Stunden. Mit der Bst 3.0 DNA Polymerase, ebenfalls von New England Biolabs GmbH, konnte keine Verbesserung beobachtet werden. Die besten Ergebnisse hinsichtlich Stabilität der LAMP-Reaktion zeigten die Polymerasen von OptiGene Ltd., wobei der GspSSD Isothermal Mastermix im Vergleich zum GspSSD2.0 Isothermal Mastermix bei Reaktionszeiten über zwei Stunden nochmals eine deutlich geringere Neigung zu unspezifischen Amplifikationen aufwies. In Bezug auf die Reaktionsgeschwindigkeit konnten zwischen den einzelnen Polymerasen allerdings keine wesentlichen Unterschiede festgestellt werden. Die Reaktionsgeschwindigkeit wird im Wesentlichen durch die Konzentration der Template-DNA beeinflusst. In Abbildung 1 sind Amplifikationskurven der LAMP-Reaktion mit Konzentrationen von 200 pg/μl bis 0,02 pg/μl Rhabdocline-DNA dargestellt. Grundsätzlich ist ein Nachweis von *R. pseudotsugae* bis 0,02 pg/μl möglich, allerdings verschiebt sich der Cycle Threshold (Ct)-Wert mit sinkender DNA-Konzentration von 15,2 Zyklen (200 pg/μl) auf 35,4 Zyklen (0,02 pg/μl). Der Ct-Wert gibt den Messzyklus an, bei dem die Fluoreszenz exponentiell über den Hintergrund ansteigt und beschreibt somit die Reaktionsgeschwindigkeit. Ein Zyklus entspricht dabei einer Reaktionszeit von zwei Minuten. Mit sinkender Template-DNA verlängert sich daher die Reaktionsgeschwindigkeit. Eine Erhöhung der Primerkonzentration oder die Änderung der Mischungsverhältnisse zwischen den einzelnen LAMP-Primern konnte die Reaktion nur unwesentlich beschleunigen, erhöhte allerdings das Risiko für unspezifische Amplifikationen. Zu Gunsten der Stabilität der Reaktion wurde daher auf eine weitere Optimierung der Reaktionsgeschwindigkeit verzichtet.

Aktuell steht ein Primer-Set (Set 5–6) zur Verfügung, das mit dem GspSSD Isothermal Mastermix zufriedenstellende und reproduzierbare Ergebnisse bei einer Reaktionszeit von 1,5 Stunden liefert. Die Nachweisgrenze liegt bei 0,02 pg/μl *R. pseudotsugae*-DNA. Die Sensitivität der LAMP-Reaktion wurde zusätzlich mit Mischproben aus 20 ng/μl Douglasien-DNA (Keimpflanze Herkunft Dillenburg) und 200 pg/μl bis 0,02 pg/μl Rhabdocline-DNA getestet. Unterschiede bei der Sensitivität der LAMP-Reaktion zwischen einer reinen Pilz-Probe und der Pilz-Douglasien-Mischprobe konnten nicht festgestellt werden.

Die Spezifität des LAMP-Assays wurde mit 15 verschiedenen Pilz-Isolaten überprüft. Insgesamt wurden vom Institut für Pflanzenkultur e.K. vier Isolate von *R. parkeri*, drei Isolate von *N. gaeumannii*, jeweils zwei Isolate aus der Gattung *Diaporthe sp.* und der Klasse Sordariomycetes sowie jeweils ein Isolat für 11 weitere Pilz-Kulturen zur Verfügung gestellt. Bei den ersten Versuchen wurden mit Primer-Set 5-6 in einem Isolat von *R. parkeri* und im Isolat von *P. macrostoma* zunächst positive Signale mit Ct-Werten über 40 Zyklen beobachtet. Im Vergleich zur Positivkontrolle (*R. pseudotsugae* 0,2 ng/μl) mit Ct-Werte von ca. 15 Zyklen unterscheiden sich die Amplifikationen bei *R. parkeri* und *P. macrostoma* allerdings deutlich in Ausbeute und Reaktionszeit. Die LAMP-Reaktion wurde mit allen vier *R. parkeri*-Isolaten wiederholt. Alle Isolate blieben ohne Ergebnis. Bei *P. macrostoma* waren die Ergebnisse zunächst reproduzierbar. Erst nach wiederholter DNA-Extraktion aus dem Isolat von *P. macrostoma* konnte keine Amplifikation mehr beobachtet werden. Bei einer Reaktionszeit von 1,5 Stunden blieben alle weiteren Isolate ohne Ergebnis.

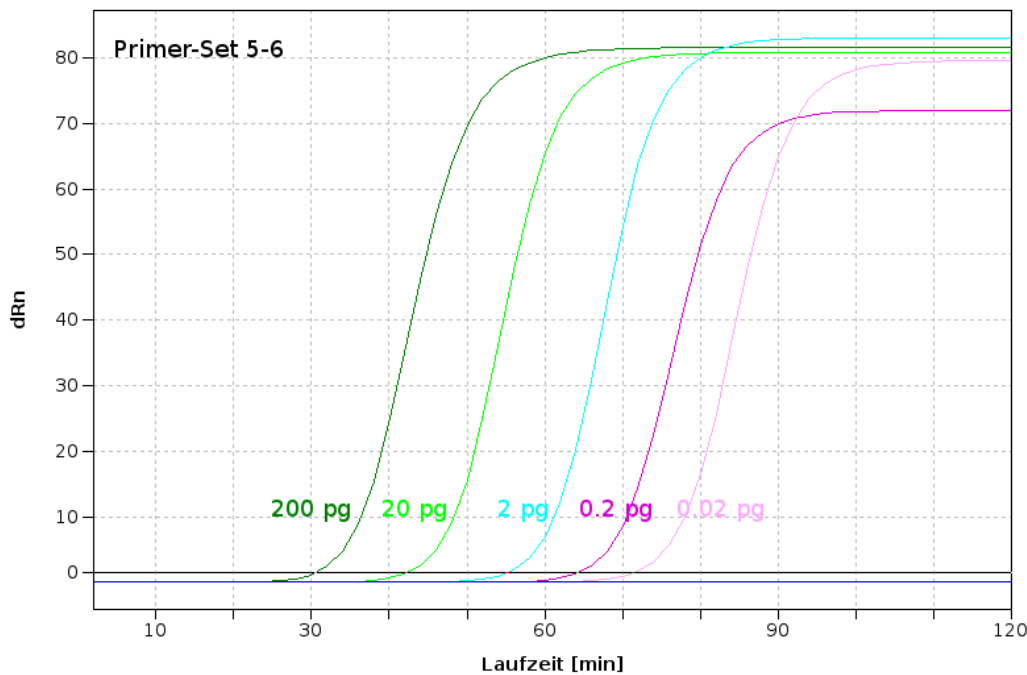


Abbildung. 1 Amplifikationskurven qTower³ (GspSSD Isothermal Mastermix; Primer-Set 5–6; Inkubation 2 Stunden; 2 Minuten Laufzeit = 1 Zyklus): Vergleich Reaktionsgeschwindigkeit und Ausbeute mit unterschiedlichen Konzentrationen (200 pg/ μ l – 0,02 pg/ μ l) des synthetischen Rhabdocline-Fragments

Vergleich LAMP-Assays und Polymerase-Kettenreaktion

Insgesamt wurden je Saatgutherkunft 20 Sämlinge als gesamte Pflanze und 30 Sämlinge getrennt nach Nadeln, Stängel und Wurzel auf einen Befall mit *R. pseudotsugae* getestet. Die Ergebnisse des Screenings sind in Tabelle 3 zusammengefasst. In einer nested-PCR mit Pilz-spezifischen Primern konnte *R. pseudotsugae* in allen vier Saatgutherkünften nachgewiesen werden. Die Befallsraten in den komplett untersuchten Sämlingen schwanken dabei zwischen 15% in der Herkunft Grillenburg und 30% in der Herkunft Dillenburg. Erwartungsgemäß am häufigsten wurde *R. pseudotsugae* mit 24,5% in Nadeln nachgewiesen, aber auch 18,3% der untersuchten Stängel und 13,5% der Wurzel-Proben wurden positiv auf einen Befall getestet. Beim wiederholten Screening der Sämlinge mittels LAMP wurde dasselbe ITS-Produkt wie bei der nested-PCR verwendet. *Rhabdocline pseudotsugae* konnte ebenfalls in allen vier Saatgutherkünften sowie in Nadeln, Stängeln und Wurzeln nachgewiesen werden. Allerdings ist der Anteil positiv getesteter Proben deutlich höher. So liegen die Befallsraten der komplett untersuchten Sämlinge zwischen 35% (Grillenburg) und 55% (Billenhagen). Insgesamt wurde bei identischem DNA-Template mit dem etablierten LAMP-Verfahren über alle untersuchten Proben eine 21% höhere Befallsrate ermittelt als in der nested-PCR.

Tabelle 3: Rhabdocline-Screening Vergleich zwischen LAMP-Reaktion und PCR: relativer Anteil [%] positiv auf *R. pseudotsugae* getestete Proben von ganzen Sämlingen (komplett) und Pflanzenteilen (Nadeln; Stängel; Wurzel) getrennt nach Saatgutherkunft

Sämlinge	komplett		Nadeln		Stängel		Wurzel	
	PCR	LAMP	PCR	LAMP	PCR	LAMP	PCR	LAMP
Billenhagen	20 %	55 %	27 %	63 %	13 %	50 %	0 %	30 %
Mittweida	20 %	40 %	30 %	43 %	30 %	43 %	20 %	50 %
Dillenburg	30 %	40 %	18 %	36 %	7 %	23 %	17 %	45 %
Grillenbug	15 %	35 %	23 %	23 %	23 %	37 %	17 %	33 %

Optimierung DNA-Extraktion

Um den Einfluss der Douglasien-DNA auf die Sensitivität der LAMP-Reaktion zu untersuchen, wurden Proben mit konstanter *R. pseudotsugae*-DNA (0,2 ng/μl) in Mischung mit verschiedenen Konzentrationen Douglasien-DNA (1 ng/μl bis 60 ng/μl) getestet. Als Vergleich wurden Proben mit reiner *R. pseudotsugae*-DNA (0,2 ng/μl) mitgeführt. In Abbildung 2 sind der Ct-Wert und die mittlere Fluoreszenz der LAMP-Reaktion im Vergleich bei zunehmender Douglasien-DNA dargestellt. Bis zu einer Konzentration von 10 ng/μl schwanken die Ct-Werte zwischen 8,02 Zyklen (5 ng/μl Douglasien-DNA) und 8,68 Zyklen (10 ng/μl Douglasien-DNA). Erst ab einer Konzentration von 20 ng/μl konnte ein leichter Anstieg der Ct-Werte bis auf 11,30 Zyklen (60 ng/μl Douglasien-DNA) beobachtet werden. Ein wesentlicher Einfluss der Douglasien-DNA auf die Reaktionsgeschwindigkeit ist damit nicht erkennbar.

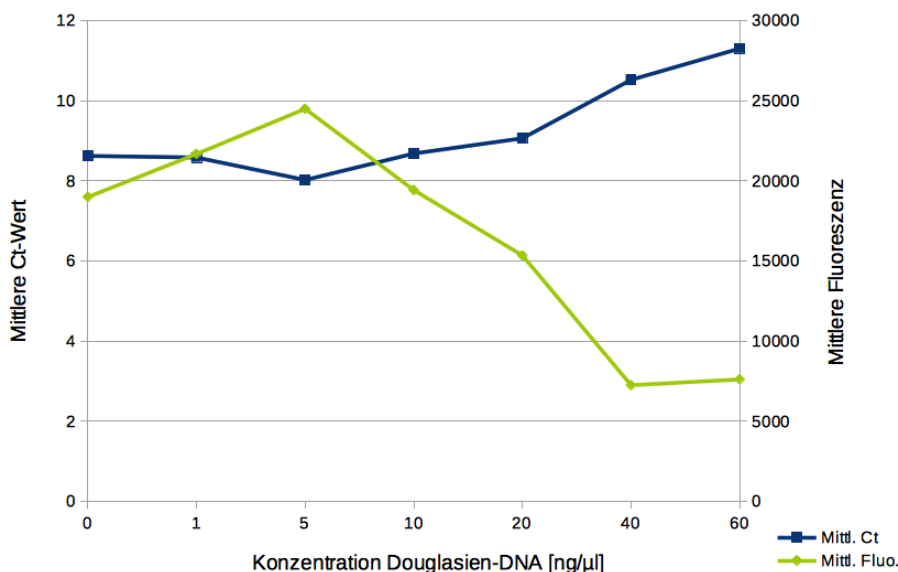


Abbildung 2: Einfluss Douglasien-DNA auf LAMP-Reaktion (GspSSD Isothermal Mastermix; Primer-Set 5–6; qTower³): Konzentration der Douglasien-DNA (x-Achse) von 0 ng/μl bis 60 ng/μl; Mittlerer Ct-Wert (Mittl. Ct) = blaue Kurve; Mittlere Fluoreszenz (Mittl. Flu.; gemittelte Werte über Zyklus 40 bis 45) = grüne Kurve

Einen deutlichen Einfluss hat die Douglasien-DNA dagegen auf die Menge amplifizierter LAMP-Produkte. So nimmt die Intensität der Fluoreszenz und damit die Menge an Amplifikationsprodukten ab einer Konzentration von 10 ng/µl Douglasien-DNA (Mittl. Fluoreszenz = 19414) deutlich ab und erreicht bei 40 ng/µl Douglasien-DNA nur noch einen Fluoreszenz-Werte von 7239 bzw. 7604 bei 60 ng/µl Douglasien-DNA.

Insgesamt wurden 15 verschiedene Extraktionsmethoden getestet und die Ergebnisse der LAMP Reaktion in Bezug auf Reaktionsgeschwindigkeit und Intensität der Fluoreszenz ausgewertet. Die DNA-Kits von Omega Bio-Tek Inc., Macherey-Nagel GmbH & Co. KG und Qiagen GmbH waren durch Ausfälle, geringe Ausbeuten oder zu lange Reaktionszeiten gekennzeichnet und können daher für die LAMP-Reaktion nicht empfohlen werden. Auch die FTA-Karten (Whatman) zeigten keine Amplifikation in der LAMP-Reaktion und sind damit ungeeignet. In Abbildung 3 sind die LAMP-Reaktionen der besten Extraktionsmethoden exemplarisch im Vergleich zum synthetischen Rhabdocline-Fragment (Nr. 1) dargestellt. Insgesamt konnten die DNA-Kits von Analytik Jena pilzliche DNA aus Mischproben am besten aufschließen. Das innuPREP Stool DNA Kit (Protokoll 1: bakterielle DNA; Abb. 3, Nr. 3) hat dabei im Vergleich zu den getesteten Protokollen des innuPREP Plant DNA Kits (Abbildung 3, Nr. 2; Protokoll 1: Solution SLS) leichte Vorteile hinsichtlich Ausbeute und Reproduzierbarkeit der Ergebnisse. Aber auch das Plant Material Lysis Kit (OptiGene Ltd.; Abb. 3, Nr. 6 und Nr. 7) und der Dilution Buffer aus dem Phire Plant Direct PCR Kit (Fisher Scientific GmbH; Abb. 3, Nr. 4 und Nr. 5) zeigten trotz verzögertem Reaktionsbeginn, auch bei Probenmaterial ohne sichtbare *R. pseudotsugae*- Fruchtkörper, sehr gute Fluoreszenz-Werte und damit hohe Ausbeuten an Amplifikationsprodukten.

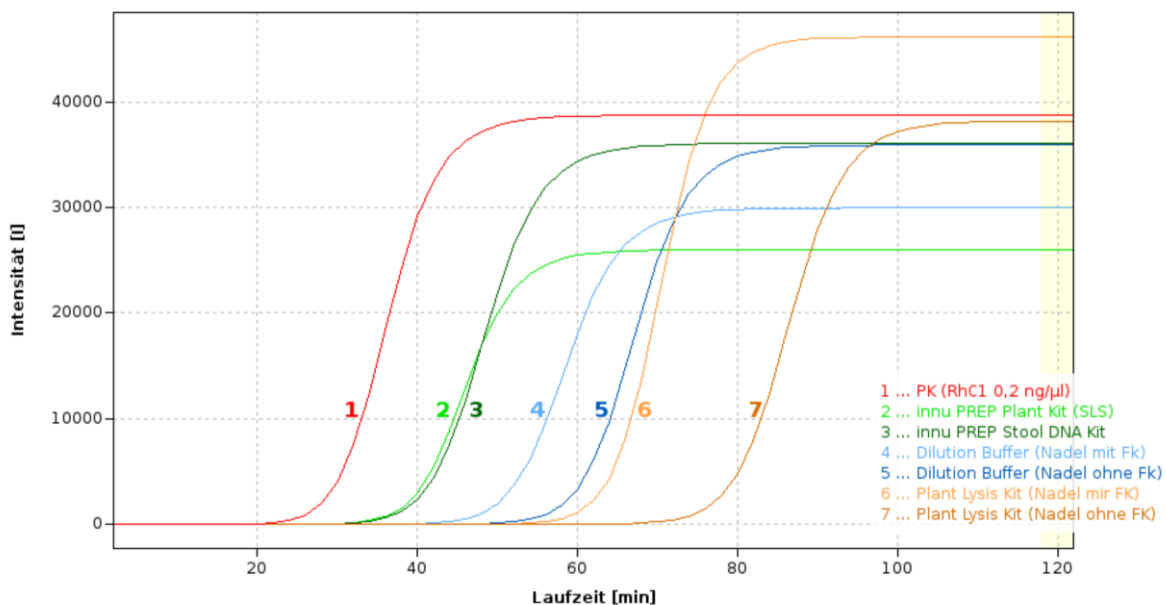


Abbildung 3: Amplifikationskurven qTower³ (GspSSD Isothermal Mastermix; Primer-Set 5–6; Inkubation 2 Stunden): Vergleich LAMP-Reaktion zwischen synthetischem Rhabdocline-Fragment, als Positivkontrolle (Nr. 1 = PK; RhC1; 0,2 ng/µl) und verschiedenen DNA-Extraktionsverfahren (Nr. 2 = innuPREP Plant DNA Kit; Protokoll1: Solution SLS; Nr. 3 = innuPREP Stool DNA Kit; Protokoll 1: bakterielle DNA; Nr. 4 = Dilution Buffer, Phire Plant Direct PCR Kit, Nadeln mit erkennbaren Fruchtkörpern; Nr. 5 = Dilution Buffer, Phire Plant Direct PCR Kit, Nadeln ohne erkennbare Fruchtkörper; Nr. 6 = Plant Material Lysis Kit, Nadeln mit erkennbaren Fruchtkörpern; Nr. 7 = Plant Material Lysis Kit, Nadeln ohne erkennbare Fruchtkörper)

Diskussion

Im Projekt „TreeLAMP“ wurde erfolgreich ein schnelles und sensitives LAMP-Assay zum Nachweis von *R. pseudotsugae*, dem Erreger der Rostigen Douglasenschütte, etabliert. Die Arbeit mit *R. pseudotsugae* ist dabei mit besonderen Herausforderungen verbunden. Zum einen sind für den Pilz bisher keine markanten Myzelformen bekannt, so dass eine makroskopische Identifizierung ausschließlich anhand der Pilzfruchtkörper möglich ist. Zum anderen gibt es für den obligat biotrophen Nadelparasiten bis heute keinen Bericht über eine erfolgreiche Kultivierung. Wesentliche Voraussetzung für die Etablierung eines *R. pseudotsugae*-spezifischen Schnelltests ist jedoch eine kontinuierliche Verfügbarkeit von möglichst reinem Pilz-Material. Zunächst wurde mit Fruchtkörpern gearbeitet, die von infizierten Nadeln präpariert wurden. Da die Ernte frischer Fruchtkörper grundsätzlich nur im Mai möglich ist und in beiden Erntejahren jeweils nur an einzelnen Douglasien Fruchtkörper zu finden waren, wurde für die Etablierung der LAMP-Reaktionen ein synthetisches Rhabdocline-Fragment, als Positivkontrolle verwendet. Unterschiede zwischen dem synthetischen Fragment und Proben aus *R. pseudotsugae*-Fruchtkörpern konnten weder in der nested-PCR mit Primerpaar RPP1/RPP4 (CATAL 2002) noch in der etablierten LAMP-Reaktion beobachtet werden.

Die Nachweisgrenze des LAMP-Assays für reine *R. pseudotsugae*-Proben sowie Pilz-Douglasien-Mischproben liegt bei 0,02 pg/μl in 1,5 Stunden. Beim Vergleich zwischen PCR mit anschließender Fragmentlängenmessung und LAMP-Amplifikation konnte in Keimpflanzen mit LAMP ein 21% höherer Befall nachgewiesen werden. Zu berücksichtigen ist allerdings, dass auch für die LAMP-Reaktion das ITS-Produkt aus der nested-PCR verwendet wurde. Dennoch kann von einer hohen Sensitivität des etablierten LAMP-Assays ausgegangen werden, da für beide Methoden das identische DNA-Template genutzt wurde und somit auch eine vergleichbare Ausgangsmenge an *R. pseudotsugae*-DNA für die Reaktion zur Verfügung stand.

Insgesamt sind die Angaben zur Sensitivität von LAMP-Reaktionen sehr unterschiedlich. So wurde beispielsweise mit dem LAMP-Kit für *H. pseudoalbidus* von OptiGene Ltd. (Horsham, UK) eine Sensitivität von 7 pg DNA (Reaktionszeit 15,5 Minuten) beschrieben (HARRISON et al. 2017). Das LAMP-Assay für *F. graminearum* detektieren bis zu 2 pg des Pilzes in 30 Minuten (Niessen & Vogel 2010) und für *X. fastidiosa*, *C. platani* und *P. ramorum* liegt die Nachweisgrenze bei einer Reaktionszeit von 30 Minuten bei 0,02 pg/μl (AGLIETTI et al. 2019). Im Unterschied dazu können bei *B. cinerea* 65 pg (Reaktionszeit ≤ 20 Minuten) zuverlässig detektiert werden (TOMLINSON et al. 2010) und für *H. irregulare* liegt die Nachweisgrenze bei 20 pg in unter 40 Minuten (SILLO et al. 2018). Obwohl die Ursachen für die unterschiedliche Sensitivität der LAMP-Assays vielfältig sein können, dürften vor allem die unterschiedlichen Pathogene sowie die DNA-Abschnitte, die für die Ableitung der LAMP-Primer verwendet wurden, einen Einfluss haben. Die Verwendung eines synthetischen Fragments als Positivkontrolle für *R. pseudotsugae* sollte dagegen keine Rolle spielen, da in der vorgestellten Arbeit alle Tests zur Sensitivität auch mit Extraktionen aus Pilz-Fruchtkörpern und Mischproben durchgeführt wurden.

Einen wesentlichen Unterschied zwischen dem LAMP-Assay für *R. pseudotsugae* und anderen Assays gibt es jedoch bei der Reaktionsgeschwindigkeit. Zum Nachweis von 0,02 pg/μl *R. pseudotsugae*-DNA werden in der vorgestellten Arbeit 1,5 Stunde benötigt. Zwar beeinflusst die Konzentration der Target-DNA grundsätzlich die Reaktionsgeschwindigkeit, aber auch bei einer Konzentration von 20 pg/μl werden für die Amplifikation 60 Minuten benötigt. Andere LAMP-Assays können bereits nach 15 Minuten (HARRISON et al. 2017) bis 40 Minuten (SILLO et al. 2018) ausgewertet werden. Möglicherweise beeinflusst der relativ hohe GC-Gehalt des ITS2-Bereichs (59%), in dem die Primer-Bindungsstellen von Set 5-6 liegen, vor allem zu Beginn der Reaktion eine optimale Hybridisierung der LAMP-Primer bei *R. pseudotsugae*, so dass die exponentielle Amplifikation der LAMP-Produkte verzögert startet. Unter Berücksichtigung der hohen Sensitivität des etablierten LAMP-Assays ist eine Reaktionszeit von 1,5 Stunden allerdings vertretbar.

Grundsätzlich steigt mit zunehmender Reaktionszeit das Risiko für unspezifische Amplifikationen, was in der vorgestellten Untersuchung besonders bei Polymerasen von New England Biolabs GmbH beobachtet

werden konnte. Ursache hierfür sind zum Beispiel die Abnahme intakter Nukleotide und intakter Polymerase mit zunehmender Laufzeit, wodurch es zu Fehlhybridisierung kommen kann. Unspezifische Amplifikationen oder falsch positive Ergebnisse können natürlich auch auf eine unspezifische Primerbindung zurückzuführen sein. Insbesondere Kreuzreaktionen mit nah verwandten Arten werden für verschiedene LAMP-Assays immer wieder beschrieben. So können mit dem LAMP-Assay für *F. graminearum* bei Reaktionszeiten über 50 Minuten weitere Arten der Gattung *Fusarium* detektiert werden (NIESSEN & VOGEL 2010) und auch AGLIETTI et al. (2019) beschreiben in ihrer Arbeit Kreuzreaktionen mit *C. fimbriata* und *P. lateralis*. Kreuzreaktionen mit weiteren pathogenen Arten der Gattung *Rhizoctonia* konnten in der aktuellen Untersuchung nicht getestet werden, da bisher nur *R. pseudotsugae* in Europa nachgewiesen wurde. Die Spezifität der etablierten LAMP-Primer für *R. pseudotsugae* wurde mit 15 Pilz-Isolaten aus Douglasienadeln getestet, darunter *R. parkeri*, ein Endophyt der Douglasien sowie *N. gaeumannii*, dem Erreger der Rußigen Douglasienschütte. Amplifikationen konnten zunächst bei *R. parkeri* und *P. macrostoma* beobachtet werden, *N. gaeumannii* und die restlichen 12 Pilz-Isolate blieben ohne Ergebnis. In der LAMP-Reaktion werden generell alle Proben in Doppelbestimmung untersucht. Das positive Signal bei *R. parkeri* wurde in einem von vier Isolaten und bei diesem Isolat in einer von zwei Proben gemessen und konnte in der Wiederholung nicht reproduziert werden. Das positive Ergebnis bei *R. parkeri* wurde daher als unspezifisch eingestuft. Bei *P. macrostoma* wird dagegen eine Kontamination der Kultur mit *R. pseudotsugae* als Ursache für das positive Ergebnis vermutet, da erst nach Wiederholung der DNA-Extraktion *P. macrostoma* in der LAMP-Reaktion negativ getestet wurde.

Zusammenfassend zeichnet sich das etablierte LAMP-Assay durch eine hohe Sensitivität sowie eine einfache Handhabung mit minimalem Geräteaufwand aus. Für Vor-Ort-Analysen funktioniert das LAMP-Assay allerdings nur in Kombination mit einer ebenso einfachen und schnellen Probenvorbereitung und DNA-Aufreinigung. Getestet wurden hierfür verschiedene Extraktionsmethoden. Dabei konnten erhebliche Unterschiede zwischen den Verfahren und verschiedenen Herstellern festgestellt werden. Erwartungsgemäß ist die Sensitivität der LAMP-Reaktion bei Direkt-Analyse-Protokollen im Vergleich zur Verwendung eines klassischen DNA-Kits etwas eingeschränkt. Sind die technischen Voraussetzungen gegeben, ist daher die Extraktion mittels DNA-Kit vorzuziehen. Zum Nachweis von *R. pseudotsugae* in Mischproben kann das innuPREP Stool DNA Kit der Analytik Jena AG empfohlen werden. Für Anwendungen unter eher minimalistischen Bedingungen kann aufgrund der einfachen Handhabung vor allem das Plant Material Lysis Kit von OptiGene Ltd. empfohlen werden.

Schlussfolgerung

Die vorgestellten Ergebnisse zeigen, welches Potenzial molekulargenetische Verfahren bei der Untersuchung von Pathogenen haben und dass diese Verfahren nicht unbedingt mit einem großen technischen Aufwand verbunden sein müssen. Darüber hinaus konnte wiederholt gezeigt werden, dass *R. pseudotsugae* auch in Keimpflanzen bereits nachweisbar ist und latent infiziertes Saatgut somit ein Infektionsrisiko darstellen kann. Für die forstliche Pflanzenproduktion, den Vertrieb und den Anbau ergeben sich daraus erhebliche wirtschaftliche Risiken, die gegenwärtig kaum abgeschätzt werden können. Nur eine konsequente Anwendung pflanzenhygienischer Maßnahmen und eine qualitätsorientierte Auswahl von Saatgut kann Pathogene auf einem tolerierbaren Level halten und somit langfristig zum Erhalt stabiler Waldbestände beitragen. Unbedingt empfehlenswert ist aus unserer Sicht daher die Erarbeitung von Grenzwerten für forstlich relevante Pathogene in Saatgut und Saatguterntebeständen sowie eine systematische Prüfung von Saatgut und Keimpflanzen, bevor das Pflanzenmaterial in den Handel gebracht wird. Geeignete Methoden zur Früherkennung stehen für eine Vielzahl forstlich relevanter Pathogene zur Verfügung.

Danksagung

Unser besonderer Dank gilt dem Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft sowie der Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe für die finanzielle Förderung (Förderkennzeichen 22026416) sowie allen Personen in den Institutionen, die bei der Forschung und Umsetzung der Aufgaben mitgewirkt haben.

Literatur

- AGLIETTI C, LUCHI N, PEPORI AL, BARTOLINI P, PECORI F, RAIÒ A, CAPRETTI P, SANTINI A (2019) Real-time loop-mediated isothermal amplification: an early-warning tool for quarantine plant pathogen detection. *AMB Express* 9. <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. *For. Pathol.* 41, 361–369. <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 (doctoral dissertation). Department of Plant Pathology, Michigan State University.
- GARDES M, BRUNS TD (1993) ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes - application to the identification of mycorrhizae and rusts. *Mol. Ecol.* 2, 113–118. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.1993.tb00005.x>
- 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*. *Eur. J. Plant Pathol.* 149, 253–259. <https://doi.org/10.1007/s10658-017-1179-8>
- IOOS R, FABRE B, SAURAT C, FOURRIER C, FREY P, MARÇAIS B (2010) Development, Comparison, and Validation of Real-Time and Conventional PCR Tools for the Detection of the Fungal Pathogens Causing Brown Spot and Red Band Needle Blights of Pine. *Phytopathology* 100, 105–114. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-100-1-0105>
- 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*. *Eur. J. Plant Pathol.* 116, 171–176. <https://doi.org/10.1007/s10658-006-9051-2>
- JOHANSSON SBK, VASAITIS R, IHRMARK K, BARKLUND P, STENLID J (2010) Detection of *Chalara fraxinea* from tissue of *Fraxinus excelsior* using species-specific ITS primers. *For. Pathol.* 40, 111–115. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0329.2009.00614.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. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 102, 7135–7146. <https://doi.org/10.1007/s00253-018-9184-1>
- MORGENSTERN K, DÖRING M, KRABEL D (2013) Rhabdocone needle cast—investigations on various Douglas fir tissue types. *Eur. J. Plant Pathol.* 137, 495–504. <https://doi.org/10.1007/s10658-013-0261-0>
- NIESSEN L, VOGEL RF (2010) Detection of *Fusarium graminearum* DNA using a loop-mediated isothermal amplification (LAMP) assay. *Int. J. Food Microbiol.* 140, 183–191. <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 Res.* 28, e63–e63. <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 Pathol.* 57, 64–75. <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. *Appl. Environ. Microbiol.* 70, 3512–3520. <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. *For. Pathol.* 48, e12396. <https://doi.org/10.1111/efp.12396>
- SMITH DR, STANOSZ GR (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 Dis.* 90, 307–313. <https://doi.org/10.1094/PD-90-0307>

TOMLINSON JA, DICKINSON MJ, BOONHAM N (2010) Detection of *Botrytis cinerea* by loop-mediated isothermal amplification. *Lett. Appl. Microbiol.* 51, 650–657. <https://doi.org/10.1111/j.1472-765X.2010.02949.x>

WHITE TJ, BRUNS T, LEE S, TAYLOR J (1990) Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: INNIS, MA, GELFAND DH, SNINSKY JJ, WHITE TJ (eds.), *PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications*. Academic Press Inc., New York, pp. 315–322.

Autoren

KRISTIN MORGENSTERN, JENS-ULRICH POLSTER, BIRGIT REICHE, Prof. Dr. DORIS KRABEL
Technische Universität Dresden/Fakultät Umweltwissenschaften/Institut für Forstbotanik und Forstzoologie/
Arbeitsgruppe Molekulare Gehölzphysiologie, Pienners Straße 7, 01737 Tharandt
Kristin.Morgenstern@tu-dresden.de

Dr. PHILIPP RÖDEL
Institut für Pflanzenkultur e.K., Solkau 2, 29465 Schnega

PATRICK SCHÜTZEL
Biomasse Schraden e.V., Straße zum Stützpunkt 15, 04932 Großthiemig

Zielkonflikte sind vermeidbar: über die Selektion von Trockenstress toleranten Genotypen in Züchtungsprogrammen mit Lärche und Douglasie

MARÍA CARMEN DACASA RÜDINGER und HEINO WOLF

Zusammenfassung

Die Reaktionsmechanismen von Pflanzen auf Trockenstress sind vielfältig und miteinander vernetzt. Abhängig von der Strategie, die eine Pflanze anwendet, um Trockenstress zu überleben, sind diese Mechanismen unterschiedlich stark ausgeprägt. Ist es eine Strategie des Vermeidens, so verhält sich die Pflanze als hydrostabil (isohydrische Pflanze) und kann das Wasserpotential im Gewebe aufrechterhalten. Dabei spielen die chemische und physikalische Regulierung der Spaltöffnungen sowie morphologische Anpassungen die Hauptrolle in der Aufrechterhaltung der Pflanzenvitalität. Die Pflanze überlebt, wird aber möglicherweise ihr Wachstum reduzieren. Wird andererseits eine Strategie der Toleranz verfolgt, sind Pflanzen in der Lage sehr niedrige Wasserpotentiale ohne negative Auswirkungen auf das Wachstum auszuhalten. Bei diesem sogenannten hydrolabilen Verhalten (anisohydrische Pflanze) stehen eine osmotische Anpassung des Zytoplasmas und die Robustheit gegenüber Xylem-Kavitation im Vordergrund. Es besteht eine breite genotypische Variation zwischen und innerhalb der Baumarten in der Nutzung dieser Mechanismen, die zu unterschiedlichen Kombinationen von Überlebensraten und Wachstumseigenschaften führen. Grundsätzlich ist es daher möglich, trockenstresstolerante Genotypen zu finden, die gleichzeitig ein überdurchschnittliches Wachstum unter normalen und/oder unter Trockenstressbedingungen aufweisen. Wie Züchtungsprogramme davon profitieren können, wird am Beispiel von Lärche und Douglasie gezeigt.

Schlüsselwort: hydrolabil, hydrostabil, Pflanzenvitalität, Toleranz, Wasserpotential

Abstract

Trade-offs are avoidable: about the selection of drought tolerant genotypes in breeding programs of larch and Douglas fir

Plant reaction mechanisms against drought stress are manifold and connected with each other. Depending on the strategy that a plant employs to survive under water shortage, these mechanisms are differently pronounced. With an avoidance strategy, the plant can maintain the tissue water potential. Morphological adaptations, along with the chemical and physical regulation of stomatal aperture, play a central role in keeping plant vitality by this so called isohydric behaviour. The plant can survive, but its growth will be most probably reduced. On the other hand, if the plant follows a tolerance strategy, it will be able to reach very low water potentials without suffering a growth reduction. This anisohydric behaviour relies strongly on osmotic adjustments in cytoplasm and on hardiness against xylem cavitation. There exists a broad genotypic variation among and within tree species regarding the use of the mechanisms mentioned which leads to different combinations of survival rates and growth traits. It is therefore possible to find drought resistant genotypes that concomitantly display outstanding growth under normal water availability and/or under water shortage. We show how breeding programs can benefit from this fact using the results from our investigations with larch and Douglas fir as an example.

Keywords: isohydric, anisohydric, plant vitality, water potential

Die Reaktionsmechanismen von Pflanzen auf Trockenstress sind vielfältig und miteinander vernetzt. Sie sind außerdem unterschiedlich stark ausgeprägt in Abhängigkeit von der Strategie die eine Pflanze unter Trockenstress zum Überleben führt (Tabelle 1).

Tabelle 1: Anpassungsstrategien von Pflanzen an Wassermangel

Strategie	Hauptmechanismen für die Aufrechterhaltung der Pflanzenvitalität	Resultat
Isohydrisch -Stress wird vermieden-	- Chemische und physikalische Regulierung der Spaltöffnungen - Morphologische Anpassungen	Wasserpotential im Gewebe wird aufrechterhalten (Pflanze hydrostabil)
Anisohydrisch -Stress wird toleriert-	- Osmotische Anpassung des Zytoplasmas - Regulation der Tonoplast Aquaporinen - Robustheit gegenüber Xylem-Kavitation	Sehr niedrige Wasserpotentiale werden ausgehalten (Pflanze hydrolabil)

Handelt es sich um eine Strategie des Vermeidens, so verhält sich die Pflanze als hydrostabil (isohydrische Pflanze) und kann das Wasserpotential im Gewebe aufrechterhalten. Dabei spielen die chemische und physikalische Regulierung der Spaltöffnungen sowie morphologische Anpassungen die Hauptrolle in der Aufrechterhaltung der Pflanzenvitalität. Die Pflanze überlebt, wird aber möglicherweise ihr Wachstum reduzieren. Wird andererseits eine Strategie der Toleranz verfolgt, sind Pflanzen in der Lage sehr niedrige Wasserpotentiale ohne negative Auswirkungen auf das Wachstum auszuhalten. Bei diesem sogenannten hydrolabilen Verhalten (anisohydrische Pflanze) stehen eine osmotische Anpassung des Zytoplasmas und die Robustheit gegenüber Xylem-Kavitation im Vordergrund.

Das hat Konsequenzen für die Züchtung: Verhält sich eine Pflanze als hydrostabil, wird möglicherweise ihr Wachstum reduziert. Ist das Verhalten hydrolabil, kann das Wachstum aufrechterhalten werden. Die Frage ist, ob eine Baumart streng die eine oder die andere Strategie verfolgt. Häufig wird eine Baumart einen der beiden Strategien zugeteilt (MARTÍNEZ-SANCHO et al. 2017; ZANG et al. 2014), obwohl verschiedene Studien eine breite genotypische Variation in der Nutzung der Reaktionsmechanismen auch intraspezifisch belegen (LÓPEZ et al. 2009; LUJAN BULFE et al. 2016). In Abhängigkeit von ihrer Umwelt kann sogar dieselbe Pflanze die isohydrische oder anisohydrische Strategie verfolgen (HOCHBERG et al. 2018; SADE et al. 2012). Diese Variation führt zu unterschiedlichen Kombinationen von Überlebensraten und Wachstumseigenschaften. Daher ist es grundsätzlich möglich, trockenstresstolerante Genotypen zu finden, die gleichzeitig ein überdurchschnittliches Wachstum unter normalen und/oder unter Trockenstressbedingungen aufweisen. Züchtungsprogramme können davon profitieren, vor allem wenn die Selektion von gewünschten Genotypen auf Klonebene stattfindet.

Bei Lärche und Douglasie ist ein Zielkonflikt vermeidbar wie folgende Ergebnisse aus Trockenstressexperimenten unter kontrollierten Bedingungen im Gewächshaus des Staatsbetriebs Sachsenforst zeigen.

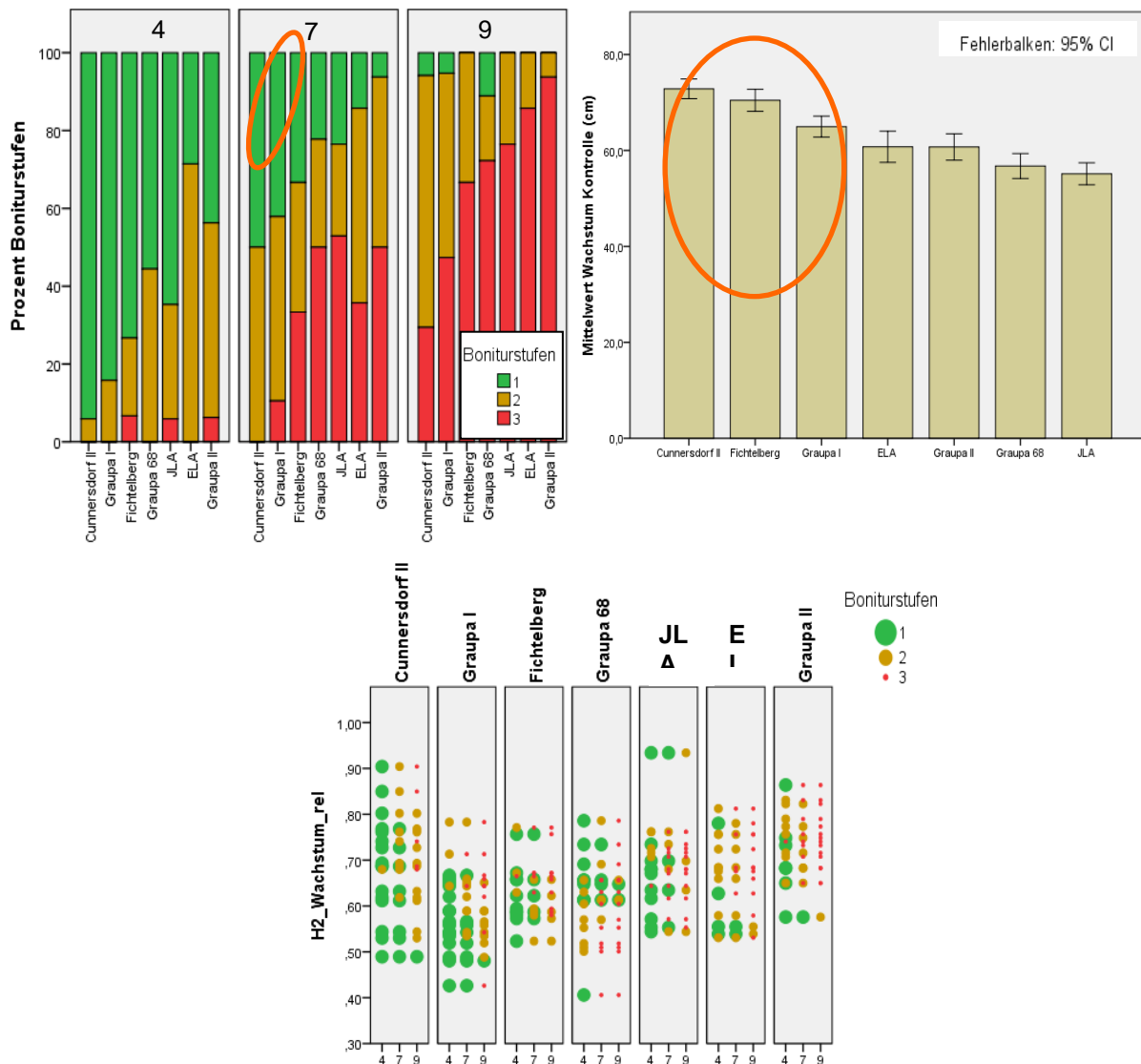


Abbildung 1: Ergebnisse eines Experiments zum Trockenstress mit fünf Hybridlärchen-Nachkommenschaften plus eine Herkunft von japanischer Lärche (JLA) und eine von europäischer Lärche (ELA). Es wurden 25 einjährige Pflanzen pro Nachkommenschaft bzw. Herkunft und Behandlung (trocken vs. bewässert) untersucht. Visuelle Bonitur der Trockenstressschäden (links), Durchschnittliches Wachstum (cm) der Nachkommenschaften/Herkünfte in der Kontrollgruppe „normale Bewässerung“ (rechts), Wachstum der Nachkommenschaften/Herkünfte unter Trockenstressbedingungen normiert durch das Wachstum unter normaler Bewässerung (unten). Jeder Punkt entspricht einer Pflanze. Die Farben entsprechen den Vitalitätsstufen 1 „Keine/leichte Schäden“, 2 „Mittelstarke Schäden“, 3 „Sehr starke Schäden/tot“.

Wie in der Abbildung 1 (oben links) zu sehen ist, konnten nach sieben Wochen Trockenstress-Behandlung, mit nur einer Ausnahme, alle drei Boniturstufen unter den Individuen derselben Nachkommenschaft bzw. Herkunft beobachtet werden. Nur eine der fünf Hybridlärchen-Nachkommenschaften zeigte eine geringere Toleranz gegenüber Wassermangel im Vergleich zur europäischen und japanischen Lärche (Elternlinien der Hybriden). Die drei tolerantesten Nachkommenschaften sind auch diejenigen mit dem stärksten Wachstum unter Kontrollbedingungen (Abb. 1 rechts). Es konnte keine Korrelation zwischen normiertem Wachstum unter Trockenstress und den Vitalitätsstufen festgestellt werden (Abb. 1 unten). Diese Ergebnisse bestätigten, dass es möglich ist sehr wüchsige Genotypen zu finden die gleichzeitig

tolerant gegenüber Trockenstress sind. Ein Experiment mit Hybridlärchen Klonen aus *in vitro* Kultur wurde auch durchgeführt. Dabei war jeder Genotyp durch fünf Ramets vertreten. Nach 4,5 Wochen Wasserentzug waren bei fünf Klonen noch keine Ramets mit Boniturstufe 3 zu sehen. (Abb. 2), darunter drei der wüchsigsten Klone (Abb. 3).

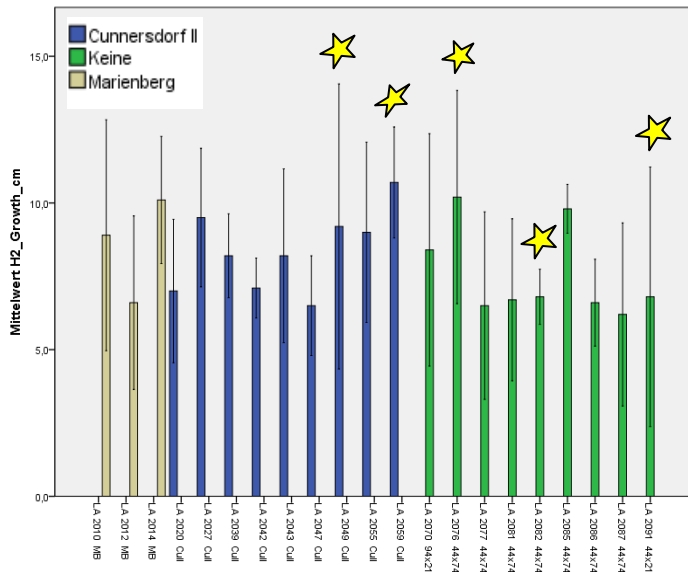


Abbildung 2: Ergebnisse eines Experiments zum Trockenstress mit 21 Hybrid-Lärchenklonen aus *in vitro*-Vermehrung. Es wurden fünf Ramets pro Klon und Behandlung (trocken vs. bewässert) untersucht. Wachstum des Jahrestriebes von jedem Ramet in der Trockenvariante im Verhältnis zu dem jeweiligen Mittelwert der Kontrollpflanzen. Jeder Punkt entspricht einem Ramet. Die Farben entsprechen den Vitalitätsstufen 1 „Keine/leichte Schäden“, 2 „Mittelstarke Schäden“, 3 „Sehr starke Schäden/tot“. Klone ohne Ramets mit der Boniturstufe 3 sind mit einem Stern markiert.

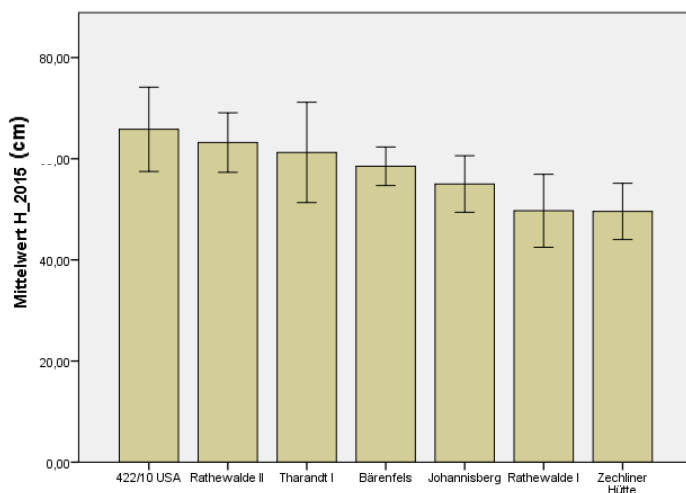


Abbildung 3: Durchschnittliches Wachstum (cm) der Klone unter regelmäßige Bewässerung. Klone ohne Ramets mit der Boniturstufe 3 sind mit einem Stern markiert.

Bei der Douglasie ergab sich folgendes Bild: nach fünf Wochen Trockenstress-Behandlung zeigten nur die Varietät „*glauca*“; und eine Hybridnachkommenschaft Individuen mit Vitalitätsstufe 1 (Abb. 4 links). Bei dieser Hybridnachkommenschaft handelt es sich um die zweite wüchsigste Familie unter normalen

Wachstumsbedingungen (Abb. 4 rechts). Eine Korrelation zwischen Wachstum unter Trockenstress und den Vitalitätsstufen konnte nicht festgestellt werden (Abb. 5).

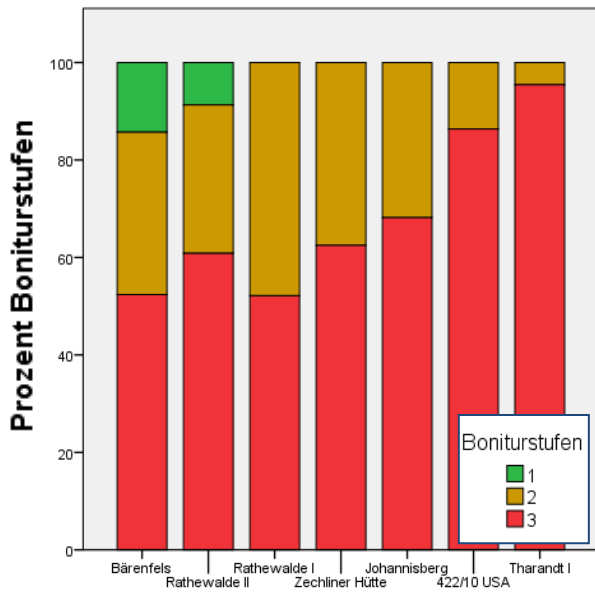


Abbildung 4: Ergebnisse eines Experiments zum Trockenstress mit drei Hybridnachkommenschaften der Douglasie und vier Herkünften. Die Herkunft Bärenfels gehört zu der Varietät „*glauca*“; die restlichen drei zu der Varietät „*menziesii*“. Es wurden 25 zweijährige Pflanzen pro Nachkommenschaft bzw. Herkunft und Behandlung (trocken vs. bewässert) untersucht. Bonitur der Trockenstressschäden (links), durchschnittliche Höhe der Nachkommenschaften/Herkünften (cm) in der Kontrollgruppe „normale Bewässerung“ (rechts).

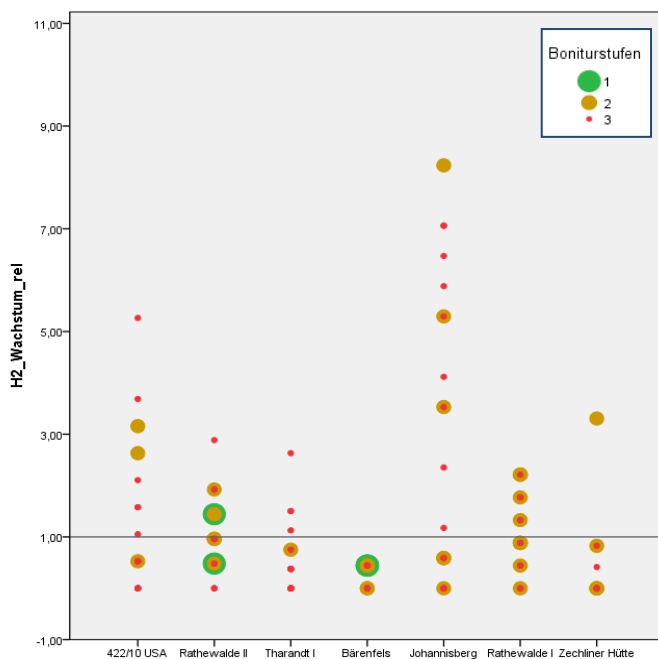


Abbildung 5: Wachstum der Nachkommenschaften/Herkünfte unter Trockenstressbedingungen normiert durch das Wachstum unter normaler Bewässerung. Jeder Punkt entspricht einer Pflanze. Die Farben entsprechen den Vitalitätsstufen. 1 „Keine/leichte Schäden“, 2 „Mittelstarke Schäden“, 3 „Sehr starke Schäden/tot“.

Fazit

Angesichts der Ergebnisse scheint es empfehlenswert zu sein, bei der Suche nach trockenstresstoleranten Genotypen, verstärkt auf Osmoregulation und Holzdichte zu achten. Diese sind wichtige Parameter eines anisohydrischen Verhaltens welches die Existenz von sehr wüchsigen und gleichzeitig sehr trockenstress toleranten Genotypen erklären könnte.

Literatur

- HOCHBERG U, ROCKWELL FE, HOLBROOK NM, COCHARD H (2018) Iso/Anisohydry: A Plant-Environment Interaction Rather Than a Simple Hydraulic Trait. *Trends in Plant Science* 23 (2): 112-120.
- LÓPEZ R, RODRIGUEZ-CALCERRADA J, GIL L (2009) Physiological and morphological response to water deficit in seedlings of five provenances of *Pinus canariensis*: Potential to detect variation in drought-tolerance. *Trees* 23: 509-519
- LUJAN BULFE NM, FERNANDEZ ME (2016) Morpho-physiological response to drought of progenies of *Pinus taeda* L. contrasting in mean growth rate. *New Forest* 47 (3): 431-451.
- MARTÍNEZ-SANCHO, E, VÁSCONEZ NAVAS LK, SEIDEL H, DORADO-LIÑÁN I, MENZEL A (2017) Responses of Contrasting Tree Functional Types to Air Warming and Drought. *Forests* 8 (11): 450.
- SADE N, GEBREMEDHIN A, MOSHELION M (2012) Risk-taking plants Anisohydric behavior as a stress-resistance trait. *Plant Signaling & Behavior* 7(7): 767-770.
- ZANG C, HARTL-MEIER C, DITTMAR C, ROTHE A, MENZEL A (2014) Patterns of drought tolerance in major European temperate forest trees: climatic drivers and levels of variability. *Global Change Biology* 20: 3767-3779.

Autoren

Dr. MARÍA CARMEN DACASA RÜDINGER, Dr. HEINO WOLF
Staatsbetrieb Sachsenforst. Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft, Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung. Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna
maria.dacasa@smul.sachsen.de

Ein Vergleich von Absaaten europäischer Hybridlärchen-Samenplantagen

CHRISTOPH RIECKMANN, VOLKER SCHNECK und MIRKO LIESEBACH

Zusammenfassung

2001 wurde eine Serie von Nachkommenschaftsprüfungen mit Hybridlärche in sechs Staaten angelegt. Auf drei Versuchsflächen in Niedersachsen stehen 28 Nachkommenschaften. Davon stammen 18 aus europäischen Hybridlärchen-Samenplantagen, 4 aus gelenkten Kreuzungen, von denen einige in der Kategorie „Geprüft“ zugelassen sind, und 6 aus Beständen Japanischer, Europäischer und Sibirischer Lärche. Die Gruppe der Hybridlärchen ist den reinen Arten in Einzelbaumwachstum, Hektarvolumen sowie der Schaftform überlegen bis ebenbürtig. Bei allen Wuchsmerkmalen ergaben Mittelwertvergleiche mit einer Kontrollgruppe der elterlichen Arten signifikante Über- oder Unterlegenheit für einzelne Hybridlärchen-Nachkommenschaften. Trotz Standortsunterschieden und Genotyp-Umwelt-Interaktionen zwischen haben sich die Samenplantagen LOLA 1, Maglehem und Fichtelberg mehrfach als überlegen gezeigt. Auffällig ist das Resultat der bei Höhe und Einzelbaumvolumen meist stärksten Absaat als qualitativ schlechteste. Korrelationen von Wuchsumsmerkmalen mit Seehöhe und Kontinentalität der Saatgutquellen sind feststellbar. Die Ergebnisse belegen die vorzügliche Eignung der Hybridlärche für klassische Lärchenstandorte, aber auch darüber hinaus. Ihr waldbaulicher Einsatz auf Kalamitätsflächen und in Neuaufforstungen birgt hinsichtlich der aktuellen Waldsituation Potenzial und Risikominderung durch Erweiterung der Baumartenpalette und Verkürzung der Produktionszeiträume. Die Ergebnisse betonen aber auch die Bedeutung der für jede Region sorgfältig gewählten Quelle des Vermehrungsguts.

Schlüsselworte: *Larix x eurolepis*, Nachkommenschaftsprüfung, Ertragssteigerung, Standorteignung, arme Standorte

Abstract

A comparison of progenies of European seed orchards for hybrid larch

In 2001, a series of progeny tests for hybrid larch was set up in six states. Three test sites in different climatic regions of Lower Saxony are being reported. The series contains 18 progenies of European hybrid larch seed plantations, 4 controlled crossings, some of both approved as “tested” and 6 progenies of Japanese, European and Sibirian larch. The group of hybrids performs superior or equal to parental species in single tree growth and hectare volume as well as the shaft shape. For all growth parameters, mean value comparisons with a control group of parental species showed significant superiority or inferiority for several hybrid larch progenies. What is noteworthy is the fact that the mostly best progeny in terms of single tree growth is poorest of quality. Despite site differences and interactions between genotype and environment, the seed plantations LOLA 1, Maglehem and Fichtelberg have repeatedly proven to be superior. Correlations of metric characteristics with altitude and continentality of the seed source can be determined. The results highlight the excellent suitability of hybrid larch on traditional larch sites and, even more important, beyond. Their silvicultural use in calamity clearings and afforestation holds potential and risk reduction by expanding the range of tree species and shortening the production periods. The results also point up the importance of carefully selected source of propagation material for each region.

Keywords: *Larix x eurolepis*, progeny testing, yield increase, larch site suitability, poor sites

Einleitung

Die in deutschen Wäldern durch die Kalamitäten der Jahre 2018 und 2019 entstandenen größeren Freiflächen sind durch den Verlust des Bestandesinnenklimas prädestiniert für die Verwendung von Pionierbaumarten. Die Europäische Lärche (*Larix decidua* MILL.) einerseits ist eingeschränkt verwendbar durch ihre Anfälligkeit für den Lärchenkrebs. Andererseits ist die Japanische Lärche (*L. kaempferi* CARR.) weniger geeignet für trockenere Standorte. Beide Arten produzieren zudem langfristig unter dem Niveau der oftmals ausgefallenen Fichte. Hier bietet sich der breiteren Standortsamplitude und der höheren Produktivität wegen die Hybridlärche (*L. xeurolepis* HENRY) an. Ihre Vorzüge erklären sich aus den gegensätzlichen Nachteilen der beiden elterlichen Baumarten, da sie bei Kombination der genetischen Information in der F1-Generation durch die Stärken der jeweils anderen Spezies aufgehoben werden (ARCADE et al. 1996).

Die Hybriden aus Europäischer (ELA) und Japanischer Lärche (JLA) wurde in Deutschland ab den 1950ern intensiv erforscht. Es wurde nach geeigneten Plusbäumen beider Arten gesucht, an Kreuzungsverfahren und Eltern-Kombinationen geforscht (SCHOBER 1953, 1977, HAASEMANN 1986, HERING & BRAUN 1992, LANGNER und SCHNECK 1998), ebenso im europäischen Ausland (KIELLANDER & LINDGREN 1978, ROULUND 2007, PÂQUES et al. 2013). Nach LIESEBACH et al. (2013) und DACASA RÜDINGER et al. (2019) steht die Züchtung der Hybridlärche in Belgien, Frankreich und in Deutschland in der 2. Generation. Nach bis 2000 zunächst schwacher Nachfrage seitens der Wirtschaft zumindest in Deutschland und Schweden (LARSSON-STERN 2003, SCHNECK 2009) ist seit 2000 eine steigende Nachfrage nach Saatgut in Schweden, Großbritannien und Frankreich festzustellen, der die Produktion der nationalen Saatgutplantagen (SPL) nicht ausreichend Angebot entgegenstellt. Das Defizit wird unter anderem durch Saatgut aus deutschen SPL gedeckt (WESTIN et al. 2016, LIEPE mündl. Mitt.). Auch in der deutschen Forstwirtschaft steigt die Nachfrage seit 2018 an. In Schweden, Dänemark und Großbritannien wird auf SPL meist JLA als Mutter beerntet. Vorzugsweise wird ein Klon JLA mit mehreren Klonen ELA kombiniert (KIELLANDER und LINDGREN 1978, WESTIN et al. 2016). Hingegen werden in Deutschland und Frankreich SPL für Hybridlärche bislang bewirtschaftet, indem ein Klon ELA als Mutter beerntet wird, während ein oder mehrere Klone JLA als Väter dienen (LANGER und SCHNECK 1988, STENER 2007, WOLF mündl. Mitt.). SPL in Belgien und den Niederlanden kombinieren häufiger auch mehrere ELA mit mehreren JLA oder verwenden F1-Hybriden als Eltern. Einige dänische und eine französische SPL verwenden als Väter Vollgeschwister.

Im Jahr 2001 wurde im EU-Projekt *Larch Wood Chain* (ID FAIR983354, PAQUES et al. 2013) in fünf Staaten eine Serie von Nachkommenschaftsprüfungen zur Evaluierung von Samenplantagen für Hybridlärche angelegt. Es existieren Parallelversuche in Niedersachsen, Sachsen, Frankreich, Großbritannien, Irland und Schweden. Drei von der Niedersächsischen Forstlichen Versuchsanstalt angelegte Versuchsflächen wurden vom Thünen-Institut für Forstgenetik in der vorliegenden Arbeit ausgewertet. In den Ergebnissen liegt das Augenmerk auf der regionalen Eignung der Hybridlärchen verschiedener Samenplantagen mit Blick auf Leistung und Form.

Material und Methoden

Die Versuchsstandorte

Die Versuchsfläche Meppen liegt im Weser-Ems-Gebiet, Wuchsbezirk Hase-Hunte-Geest. Im Rahmen des Emslandplans wurde ein Hochmoor zwei Meter tief umgepflügt. Der Standort aus Schmelzwassersanden hat eine Grundwassernähe unter Flur während der Vegetationsperiode von 60-100 cm. In den Nadelholzwäldern des Emslands dominieren Kiefer und Japanische Lärche. Die zweite Fläche Unterlüß steht auf dem Lüßplateau im Wuchsbezirk Hohe Heide auf armer Grundmoräne. Die Standortkartierung beschreibt einen mäßig frischen Standort aus Geschiebesanden über Schmelzwassersanden (nWSK 100-110 mm) mit Pflughorizont. Das Klima des Lüßplateaus auf 100 m ü. NN im Lee der Wilseder Berge unterscheidet sich von dem des Emslands durch geringere Niederschläge und eine höhere

Temperaturamplitude im Jahresverlauf. Nadelholzwälder der Region sind von Kiefern und Douglasien geprägt. Zu den wesentlichen Risiken gehören eine erhöhte Spätfrostgefahr, Frühjahrstrockenheit sowie bei Erstaufforstungen Befall durch Wurzelschwamm (NLF 2019). Die dritte Versuchsfläche Grünenplan liegt im östlichen Weserbergland auf dem kleinen Höhenrücken Hils mit einer geologischen Besonderheit, sogenannten Neokomtonen. Der Bestand steht auf einem Stagnogley in leichter, nordöstlicher Hanglage. Durch Konvektion kommt es zu höherer Luftfeuchte, höheren Niederschlägen und geringerer mittlerer Amplitude der Tagestemperaturen. Eine detaillierte Beschreibung der Versuchsflächen ist Tabelle 1 und Abbildung 1 zu entnehmen.

Die Klimadaten wurden mit der frei verfügbaren Software ClimateEU nach WANG et al. (2012) für die Bezugsperiode 1995-2009 generiert. Die Kontinentalität der Standorte wurde nach GORCZYNSKI (1920) berechnet:

$$KI_G = 1,7 \times \frac{TD}{\sin Lat} - 20,4$$

(TD= Temperaturdifferenz zwischen wärmstem und kältestem Monat, Lat= Breitengrad).

Die Aridität der Standorte wurde nach DE MARTONNE (1929) berechnet:

$$AI_{DM} = \frac{MAP}{MAT + 10}$$

(MAP= Jahresniederschlag, MAT= Jahresmitteltemperatur).

Die beiden Indizes berücksichtigen die Tageslänge über den Breitengrad bzw. den Niederschlag in Verbindung mit der Temperatur.

Tabelle 1: Eckdaten der Versuchsflächen zu Design und Standort

	Meppen	Unterlüß	Grünenplan
Anzahl Absaaten	19	25	20
Bäume je Parzelle	25 (5 x 5)	25 (5 x 5)	16 (4 x 4)
Anzahl Wiederholungen	3	3	3
Verband	3 x 2 m	3,4 x 2 m	2 x 2 m
Flächengröße	1,13 ha	1,28 ha	0,48 ha
Bodentyp	Gley	Podsol-Braunerde	Stagnogley
Nährstoffversorgung	schwach	schwach	ziemlich gut
Höhe ü. NN	20 m	101 m	245 m
Jahresmitteltemperatur	9,8 °C	9,3 °C	8,9 °C
Jahresniederschlag	822 mm	675 mm	793 mm
Kontinentalitätsindex (KI)	12,1 (leicht ozeanisch)	16,7 (sehr leicht kontin.)	15,6 (leicht maritim)
Ariditätsindex (AI)	41,5 (sehr humid)	35,2 (ziemlich humid)	42,3 (sehr humid)

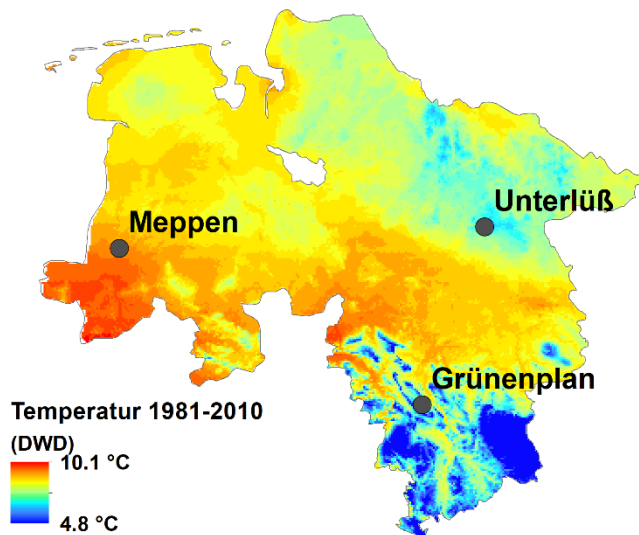


Abbildung 1: Lage der Versuchsflächen in Niedersachsen in Verbindung mit dem langjährigen Temperaturmittel

Hinsichtlich der Schäden und Behandlung haben sich die Flächen unterschiedlich entwickelt. So wurden in Unterlüß und Meppen um 2007 Gassen im Abstand von 20 m angelegt. In Meppen wurden in zwei folgenden mäßigen Durchforstungen 48 bzw. 63 Fm/ha entnommen. In Unterlüß wiederum kam es in der Kulturphase zu ungleichmäßig verteilten Ausfällen durch Wurzelschwamm oder Schermäuse. Grünenplan zeigt Ausfälle durch Staunässe. Die exponierten, wüchsigeren Bäume in Partien lokaler Vernässung verzeichnen einen zunehmenden Anteil von Windwürfen.

Prüfglieder und Messungen

Auf den drei Versuchsflächen sind Hybriden mit Europäischer Lärche als Mutter (F1E) und mit Japanischer Lärche als Mutter (F1J) ausgepflanzt worden (Tabelle 2 und 3). Die maritimste SPL Wiston steht an der Westküste von Wales. Die kontinentalsten Standorte haben die südlichste SPL Mistelgau aus Bayern und eine Gruppe aus Sachsen (Fichtelberg, Lohmen I-III). Einige der in der Versuchsserie verwendeten SPL sind in der Kategorie „Geprüft“ zugelassen (AWG 2019, NW-FVA 2018, SBS 2012, THÜRINGENFORST 2018). Die Absaaten stammen von 22 SPL, 4 kontrollierten Kreuzungen und 2 Beständen. Überwiegend dienen Klone von Europäischer Lärche als Mütter, bei sechs sind es Japanische. Aus Belgien stammt die Absaat einer SPL, die aus F1-Hybriden aufgebaut ist. Die verwendete Bestandesabsaat Rantzau stammt von einer Sonderherkunft und wird in der „Liste der für Prüfungen zu verwendenden Standards“ des Sachverständigenbeirats für geprüftes Vermehrungsgut genannt (BLE 2019). Die zweite Bestandesabsaat stammt von Bäumen der Art *Larix sibirica* LEDEB. Die Hybridlärche Les Barres ist nach PÂQUES (2002) eine Kopie der in Frankreich geschätzten Fårefolden.

Da nicht von allen Prüfgliedern ausreichend Pflanzen zur Verfügung standen, variiert die Anzahl der Prüfglieder auf den Flächen. Von 28 Absaaten konnten nur 15 auf allen drei Flächen eingesetzt werden. Insbesondere von den Absaaten aus Dänemark waren meist nur Pflanzen für eine Fläche verfügbar. Dies betrifft somit vor allem die F1J-Absaaten, vertreten vor allem in Unterlüß.

Im Jahr 2018 wurden im Alter 20 für alle drei Versuchsflächen im Umfang einer Vollaufnahme die Brusthöhendurchmesser (BHD) und Baumhöhen gemessen und für sämtliche Stämme die Geradschaftigkeit erfasst. Dabei wurden folgende Noten zugeteilt: absolut gerade (1), leicht einschnüurig gerade (2), leicht schwingend (3), stärker schwingend (4), unschnüurig (5).

Tabelle 2: Prüfglieder (PG) und Verteilung auf die Versuche. [JLA= Japanische Lärche, ELA= Europäische Lärche, SLA= Sibirische Lärche, F1E= Hybrid erster Generation mit Mutter ELA, F1J= entsprechend mit Mutter JLA, F2= Hybrid mit Hybriden der F1-Generation als Eltern; SPL= Samenplantage, CC= kontrollierte Kreuzung; *= Vermehrungsgut der Kategorie „Geprüft“; VG= Vollgeschwisterfamilien; M= Meppen, U= Unterlüß, G=Grünenplan]

PG-Nr.	Bezeichnung im Versuch	Absaat-typ	Quellen-kategorie	offizielle ID von SPL / CC / Bestand	Staat BuLa	Kombination ♀ x ♂	Stammzahl b. Pflanzung		
							M	U	G
1	Rantzau	JLA	Bestand	SHK Rantzau	DE SH	-	75	75	48
2	Bad Gottleuba	ELA	SPL	Neundorfer Hang *	DE SN	-	75	75	48
3	Dietzhausen I	ELA	SPL		DE TH	-	75	75	
4	Dietzhausen II	ELA	SPL		DE TH	-	75		
5	Le Theil	ELA	SPL	VG310	FR	-	75	75	
6	Cunnersdorf II	F1E	CC	Neuärgerniß (Cun. II) *	DE SN	1 ELA x 1 JLA			48
7	Esbeek	F1E	SPL	Lh02	NL	1 ELA x 5 JLA	75	75	48
8	Fårefolden	F1E	SPL	FP201 *	DK	1 ELA x 6 VG JLA			48
9	Fichtelberg	F1E	SPL	Neundorfer Hang *	DE SN	1 ELA x 1 JLA	150	75	48
10	Halle 506	F1E	SPL	53/506/DE *	BE	15 ELA x 15 JLA	75	75	48
11	Halle 80	F1E	SPL	80/1/DE	BE	15 ELA x 15 JLA	75	75	48
12	Les Barres	F1E	SPL	FH201	FR	1 ELA x 1 VG JLA	75	75	48
13	Lohmen I	F1E	CC	Frauenstein I *	DE SN	1 ELA x 1 JLA	225	75	48
14	Lohmen II	F1E	CC	Graupa 68 *	DE SN	1 ELA x 1 JLA	150	75	48
15	Lohmen III	F1E	CC	Frauenstein II *	DE SN	1 ELA x 1 JLA	75	75	
16	LOLA 1	F1E	SPL	Küchergarten (LOLA 1) *	DE NI	1 ELA x 261 JLA	75	75	48
17	Marienberg	F1E	SPL	Marienberg *	DE SN	1 ELA x 1 JLA	75	75	48
18	Mistelgau	F1E	SPL	Schnappenhammer	DE BY	1 ELA x 1 JLA	150	75	48
19	Randbol	F1E	SPL	FP237	DK	2 ELA x 22 JLA		75	48
20	Vaals	F1E	SPL	Lh01	NL	12 ELA x 28 JLA	75	75	48
21	Flensburg 618	F1J	SPL	FP618	DK	1 JLA x 4 ELA		75	
22	Flensburg 626	F1J	SPL	FP626	DK	1 JLA x 4 ELA		75	
23	Holbaek	F1J	SPL	FP203	DK	1 JLA x 1 VG ELA		75	
24	Maglehem	F1J	SPL	FP-51	SE	1 JLA x 9 ELA	75	75	48
25	Morkov	F1J	SPL	FP205	DK	1 JLA x 1 VG ELA		75	
26	Wiston	F1J	SPL	NT23	GB	33 JLA x 33 ELA		75	48
27	Ciergnon	F2	SPL	96/557/DE	BE	100 HLA		75	48
28	Giegengrün	SLA	Bestand		DE BY	-	150	75	48

Tabelle 3: Prüfglieder mit Geo- und Klimadaten der Bezugsperiode 1995-2009. [Breitengrad, Längengrad, Seehöhe ü. NN, Jahresmitteltemperatur (MAT), Temperaturdifferenz (TD), Jahresniederschlagsmittel (MAP), mittlere Niederschlagssumme der Vegetationsperiode (MSP), Kontinentalitätsindex (KI_G) nach GORCZYNSKI (<11 maritim, <22 leicht maritim) und Ariditätsindex (AI_{DM}) nach DE MARTONNE (<20 semiarid, <24 intermediär, <28 semihumid, <35 humid, <55 sehr humid)]

PG-Nr.	Bezeichnung	Breite	Länge	Höhe	MAT	TD	MAP	MSP	KI _G	AI _{DM}
1	Rantzau	53,79	9,74	20	9,2	16,8	741	349	14,8	38,6
2	Bad Gottleuba	50,91	13,99	240	8,6	19,1	630	355	21,4	33,9
3	Dietzhausen I	50,61	10,61	425	8,2	18,3	687	333	19,9	37,7
4	Dietzhausen II	50,61	10,61	425	8,2	18,3	686	332	19,9	37,7
5	Le Theil	48,26	0,71	90	11,6	14,8	663	257	13,3	30,7
6	Cunnersdorf II	50,87	14,11	400	7,7	19,1	635	361	21,5	35,9
7	Esbeek	51,46	5,14	22	10,4	14,8	828	360	11,8	40,6
8	Fårefolden	56,23	10,68	30	8,5	16,2	570	280	12,7	30,8
9	Fichtelberg	50,91	13,99	270	8,5	19,0	625	352	21,2	33,8
10	Halle 506	50,71	4,29	100	10,8	15,5	827	343	13,6	39,8
11	Halle 80	50,71	4,28	112	10,7	15,5	824	343	13,6	39,8
12	Les Barres	48,58	-0,51	270	10,5	13,3	801	301	9,8	39,1
13	Lohmen I	50,99	11,01	300	8,6	17,8	539	300	18,5	29,0
14	Lohmen II	50,99	11,01	300	8,6	17,8	539	300	18,5	29,0
15	Lohmen III	50,98	11,01	300	8,6	17,8	540	300	18,5	29,0
16	LOLA 1	52,47	7,16	27	9,9	15,3	821	375	12,4	41,3
17	Marienberg	50,98	11,01	300	8,6	17,8	545	302	18,5	29,3
18	Mistelgau	50,28	11,53	500	8,0	18,1	748	361	19,6	41,6
19	Randbol	55,69	9,25	78	8,3	16,0	813	346	12,5	44,4
20	Vaals	50,78	5,70	300	9,6	15,3	825	373	13,2	42,1
21	Flensburg 618	56,63	9,40	33	8,4	17,6	751	332	15,4	40,8
22	Flensburg 626	56,62	9,40	40	8,3	17,5	750	332	15,2	41,0
23	Holbaek	55,71	11,78	26	8,9	17,2	547	278	15,0	28,9
24	Maglehem	55,77	14,15	60	8,3	16,4	678	314	13,3	37,0
25	Morkov	55,65	11,52	40	8,9	17,0	555	279	14,6	29,4
26	Wiston	51,81	-4,86	76	10,0	11,8	961	341	5,1	47,7
27	Ciernon	50,18	5,09	210	9,9	15,9	913	388	14,6	44,2
28	Giegengrün	50,58	12,52	500	7,5	18,1	680	348	19,9	40,2

Datenverarbeitung und Statistische Analyse

Aus den gemessenen Variablen BHD und Baumhöhe wurden folgende abgeleitet oder auf Parzellenbasis berechnet: Überleben, Einzelbaumvolumen, Basalfläche je Hektar und Volumen je Hektar. Für die Herleitung des Einzelbaumvolumens diente eine Formzahl von 0,46. Das Hektarvolumen wurde aus den

Einzelbaumvolumina parzellenweise kumuliert, zur Grundfläche der Parzelle in Relation gesetzt und auf einen Hektar umgerechnet. Sämtliche metrischen Merkmale wurden zunächst für die Wiederholung berechnet. Für die Beschreibung der Versuchsfläche wurden die Werte der Wiederholungen zu auf das jeweilige Prüfglied bezogenen Lage- und Streuungsmaßen zusammengefasst. Bei störungsbedingtem, selten vorkommendem Ausfall von ganzen Parzellen wurde auf die adjustierten Mitterwerte der Varianzanalyse zurückgegriffen und diese wurden für die beschreibende Darstellung verwendet. Bäume mit Kronenbrüchen wurden aus der Höhenstatistik ausgeschlossen. Sämtliche statistischen Analysen und die Erstellung von Grafiken erfolgten mit dem Statistik-Paket SAS® 9.4 M1. Die Vergleiche der Mittelwerte je Parzelle geschahen in Varianzanalysen über die Methode der generalisierten linearen Modelle (GLM) über adjustierte Mittelwerte. Aufgrund signifikanter Wechselwirkungen zwischen Fläche und Prüfglied wurden die adjustierten Mittelwerte jeweils getrennt pro Fläche extrahiert. Überlebensprozente wurden per Arcsinus-Funktion transformiert. Um bei Ablehnung der H₀-Hypothese Unterschiede zwischen den Prüfgliedern zu identifizieren, wurde auf den paarweisen Vergleichstest mit einem vorgewählten Standard nach DUNNETT (α= 0,05) zurückgegriffen. Für die Versuchsfläche Meppen wurde die JLA-Absaat Rantzau als Standard herangezogen. Für die anderen beiden Flächen wurden der besseren Leistung wegen die Mittelwerte der Gruppe der ELA als Vergleichsmaßstab verwendet. Dieses Vorgehen deckt sich mit dem von LANGNER und SCHNECK (1998). Für die 15 auf drei Versuchsflächen gemeinsamen Prüfglieder wurden die Merkmale Höhe, BHD, Einzelbaumvolumen, Hektarvolumen und Basalfläche je Hektar auf Korrelation mit den entsprechenden Werten der anderen Versuchsflächen überprüft. Die Koordinaten und Klimawerte (Tabelle 3) der Einsammlungsorte wurden auf Korrelation (α= 0,05) mit der Wuchsleistung untersucht. Für den Vergleich der Schaftformen wurde eine Kontingenztafelanalyse (chi-square) durchgeführt. Zusätzlich wurden die Hybridlärchen-Absaaten mit dem jeweiligen Standard paarweise verglichen (FISHER-Test, α= 0,05).

Ergebnisse

Stammzahlen

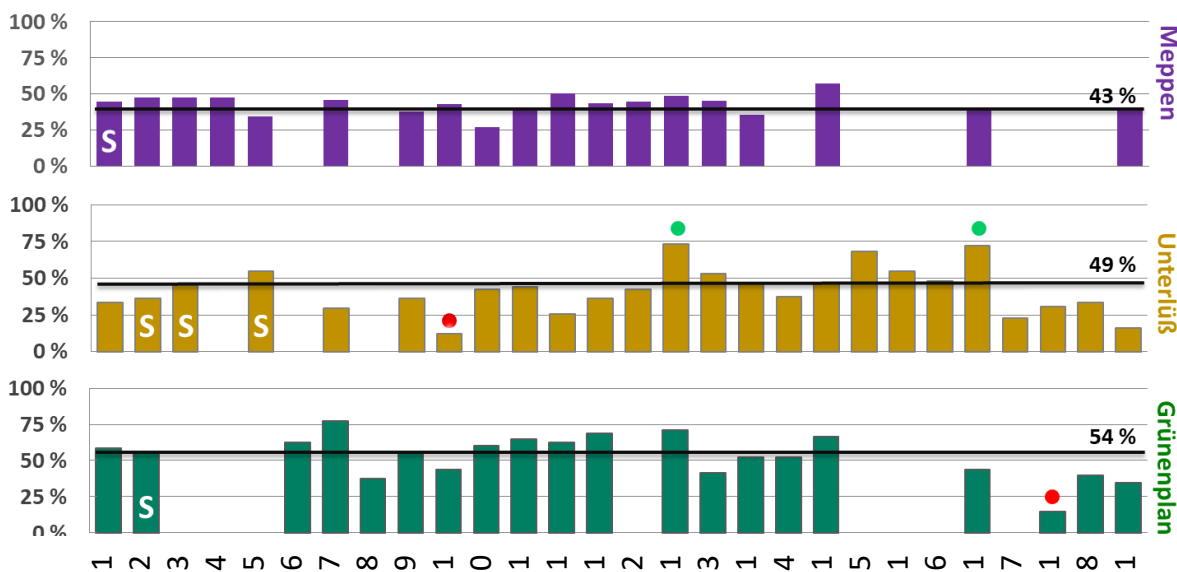


Abbildung 2: Überlebende Bäume je Absaat im Alter 20 in Relation zur ursprünglichen Pflanzanzahl abzüglich Rückegassen. [schwarze Linie = Mittel über alle Prüfglieder; rote und grüne Punkte signalisieren negativ bzw. positiv signifikante Abweichung vom gewählten Standard S]

Auf der durchforsteten Fläche Meppen stehen mit 43 % die wenigsten Individuen (Abbildung 2). Die Differenzen zwischen den einzelnen Prüfgliedern fallen geringer aus als bei den nicht durchforsteten Versuchen Unterlüß (49 %) und Grünenplan (54 %). Unterschiede lassen sich innerhalb von Meppen nicht belegen. In Unterlüß und Grünenplan fällt die Schwankung der Ausfälle deutlicher aus. In Unterlüß fällt eine belgische Absaat (10) auffällig häufig aus, während die Absaaten der niedersächsischen Samenplantage LOLA 1 (16) und der schwedischen Maglehem (24) signifikant höhere Stammzahlen aufweisen als das Mittel der Europäischen Lärchen. In Grünenplan steht die Absaat aus Wales (26) signifikant stammzahlärmer als die einzige Absaat Europäischer Lärche Bad Gottleuba (2).

Höhen

Die Mittelwerte und extremen Prüfgliedwerte der absoluten Stammzahlen und der weiteren Wachstumsparameter sind für einen Gesamtüberblick je Versuchsfläche in Tabelle 4 enthalten.

Tabelle 4: Versuchsflächenmittel und -extrema der Merkmale Stammzahl (N), Höhe (H), Brusthöhendurchmesser (BHD), Einzelbaumvolumen (EBV) und Hektarvolumen (HV)

Versuchsfläche	Stammzahl	H [m]	BHD [cm]	EBV [VFm]	HV [VFm]
	Min-MW-Max	Min – MW – Max	Min – MW – Max	Min – MW – Max	Min – MW – Max
Meppen	19 – 28 – 37	13,8 – 18,3 – 20,7	16,7 – 23,2 – 28,5	0,18 – 0,41 – 0,66	130 – 293 – 393
Unterlüß	12 – 37 – 55	9,8 – 13,2 – 15,6	14,1 – 19,8 – 22,8	0,08 – 0,21 – 0,40	34 – 163 – 319
Grünenplan	7 – 26 – 37	8,7 – 11,5 – 13,3	8,4 – 12,5 – 16,7	0,03 – 0,08 – 0,14	21 – 108 – 184

Meppen erreicht die höchste Mittelhöhe, Unterlüß 70 % davon, Grünenplan 60 %. Die Variationskoeffizienten liegen unter zehn Prozent (Meppen 5,6 %; Unterlüß 6,5 %; Grünenplan 9,4 %). Während die Höhen in Meppen starke Korrelation mit jenen aus Unterlüß ($r=0,78^*$) und Grünenplan ($r=0,77^*$) zeigen, ist diese zwischen Unterlüß und Grünenplan etwas schwächer ($r=0,68^*$).

Tabelle 5 fasst die Werte der Höhe und des Brusthöhendurchmessers nach Absaattypen zusammen. Die Gruppen bestehen zum Teil aus nur einem Prüfglied. Deutlichste Differenz zum Rest hinsichtlich der mittleren Baumhöhe zeigt die Sibirische Lärche. Die F2-Absaat ist in Unterlüß über 10 % niedriger als der Standard. Die F1-Hybriden sind entweder annähernd gleich hoch oder höher als die festgelegten Standards. Dabei ist die Gruppe F1J nur in Unterlüß stärker vertreten und dort höher als die Gruppe F1E.

Tabelle 5: Mittelwerte der Baumhöhen und BHD je Prüfgliedgruppe und Versuchsfläche inklusive der Anzahlen im jeweiligen Absaatyp enthaltener Prüfglieder; (Standard fett)

Absaatyp	Meppen			Unterlüß			Grünenplan		
	H [m]	BHD [cm]	N	H [m]	BHD [cm]	N	H [m]	BHD [cm]	N
JLA	18,3	24,5	1	13,3	18,8	1	11,4	11,7	1
ELA	18,0	21,9	4	12,9	19,1	3	11,0	11,9	1
F1E	18,8	23,9	12	13,4	20,0	13	11,6	12,8	14
F1J	19,6	24,9	1	13,9	20,8	6	11,2	11,0	2
F2	–	–	0	11,7	19,7	1	11,7	15,1	1
SLA	13,8	17,1	1	9,8	13,7	1	10,1	11,3	1

Abbildung 3 zeigt Mittelhöhen je Prüfglied und Fläche. Die Mittelwerte der Hybridlärchen streuen auf allen Versuchen im Rahmen von 30-40 % vom Versuchsmittel. Die Absaat der Sibirischen Lärche ist mit Ausnahme der Fläche Grünenplan mit deutlichem Abstand zu den übrigen Prüfgliedern auf dem letzten Rang. Absichern lassen sich positive Unterschiede zum jeweiligen Standard dreimal für Fichtelberg (9), zweimal für LOLA 1 (16), einmal für Maglehem (24) und negative zweifach für Mistelgau (18) und Giegenrün (28). Am seltensten sind Signifikanzen in Grünenplan anzutreffen.

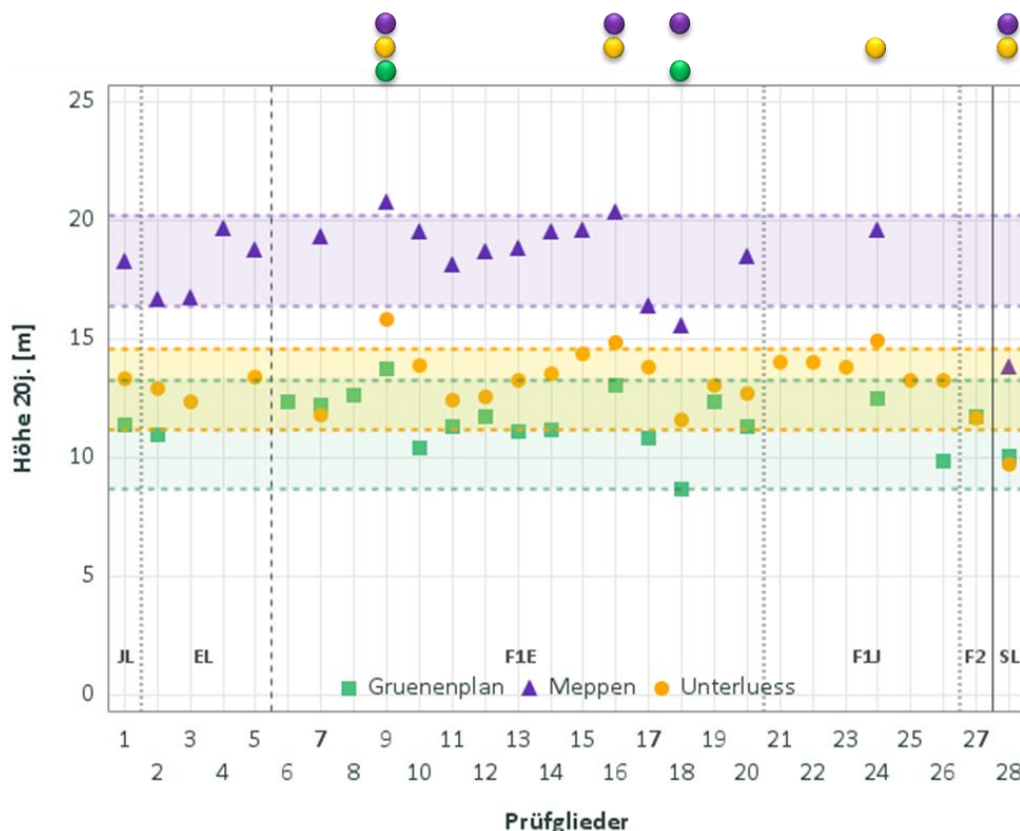


Abbildung 3: Mittlere Höhen der Prüfglieder auf den drei Versuchsflächen mit eingezeichneten Signifikanzlevels der Standards; über dem Diagramm markiert signifikante Unterschiede einzelner Prüfglieder

BHD

Hinsichtlich der erreichten Durchmesser (Tabelle 4) liegen die Mittelwerte von Unterlüß näher an jenen von Meppen als die Höhen. Auf beiden Flächen hat die Mehrheit der Prüfglieder im Alter von 20 Jahren Durchmesser von über 20 cm. Die Werte streuen in Meppen schwächer (Variationskoeffizient 8,9 %) als in Unterlüß (10,5 %) und Grünenplan (15,3 %). Die BHD in Meppen zeigen eine starke Korrelation mit jenen in Unterlüß ($r=0,76$), mit Grünenplan ($r=0,66^*$) und zwischen Unterlüß und Grünenplan eine mittlere Korrelation ($r=0,58^*$). Die Japanische Lärche ist in Meppen den Hybridgruppen mindestens ebenbürtig, auf den östlicheren Versuchsflächen fällt sie dagegen zurück, abgesehen von der kleinen Gruppe F1J in Grünenplan (Tabelle 5). In Bezug auf die Standards zeigt die Gruppe F1E auf den beiden östlichen Flächen ein stärkeres Dickenwachstum, die der F1J nur in Unterlüß. Die einzige F2-Absaat ist den F1-Hybriden vergleichbar bis deutlich dicker, während die Sibirische auf zwei Flächen deutlich abfällt. Der paarweise Vergleich hebt Fichtelberg in Meppen und Unterlüß positiv hervor, Lohmen II in Unterlüß und die beiden je nur einmal vertretenen Absaaten Flensburg 626 in Unterlüß und Fårefolden in Grünenplan. Negative Unterschiede lassen sich auch hier für die bayerische Absaat Mistelgau und für die Sibirische Lärche belegen.

Einzelbaumvolumina

Bei den mittleren Einzelbaumvolumina (EBV, Tabelle 4) liegen die Werte von Meppen etwa beim Doppelten von Unterlüß und beim Fünffachen von Grünenplan.

Tabelle 6: Relativierte Werte der Einzelbaumvolumina (EBV) und Hektar-Volumina (HV) auf den drei Versuchsflächen mit zugrunde liegenden Anzahlen (N) nach Absaatyp; (Standard= 100 %, fett)

Absaatyp	Meppen			Unterlüß			Grünenplan		
	EBV	HV	N	EBV	HV	N	EBV	HV	N
JLA	100 %	100 %	1	91 %	55 %	1	99 %	105 %	1
ELA	83 %	76 %	4	100 %	100 %	3	100 %	100 %	1
F1E	106 %	99 %	12	120 %	105 %	13	125 %	123 %	14
F1J	122 %	97 %	1	123 %	132 %	6	104 %	63 %	2
F2			0	91 %	66 %	1	171 %	103 %	1
SLA	43 %	41 %	1	38 %	23 %	1	84 %	49 %	1

Die Variationskoeffizienten sind für deutlich größer als für Höhe und BHD (Meppen 19,7 %, Unterlüß 26,0 %, Grünenplan 35,9 %). Die EBV aus Meppen zeigen sehr starke Korrelation mit jenen aus Unterlüß ($r=0,81^*$), die zu Grünenplan ($r=0,76^*$) und zwischen Unterlüß und Grünenplan sind auf hohem Niveau leicht schwächer ($r=0,73^*$). Die Relation der Absaatypen zeigt in Meppen eine im Verhältnis zur einzelnen JLA schwächere Gruppe ELA (Tabelle 6), während in Grünenplan beide gleichauf liegen, hingegen in Unterlüß die ELA eine höhere Stückmasse erreicht. Die Gruppe F1E ist in Meppen mit dem Standard gleichauf, in Grünenplan um 25 % darüber. In Unterlüß kommen beide Hybridgruppen auf mindestens 20 % mehr Einzelbaumvolumen. Die Sibirische Lärche liegt auf zwei Flächen bei unter der Hälfte der Standards, etwas weniger weit abgeschlagen in Grünenplan. Die durchschnittlichen Einzelbaumvolumina je Prüfglied streuen, abgesehen von der Sibirischen Lärche, in Spannen zwischen 60 % und 160 % um den Standard in Meppen, zwischen 40 % und 220 % in Unterlüß und zwischen 70 % und 220 % in Grünenplan. So zeigen sich beim Vergleich der Prüfglied-Mittelwerte Signifikanzen für Fichtelberg in Meppen bei einem EBV von 0,66 VFm und Unterlüß bei einem von 0,40 VFm, für Fårefolden mit 0,14 VFm in Grünenplan, allesamt positiv. Giegegrün ist in Meppen mit 0,18 VFm und Unterlüß mit 0,06 VFm signifikant schwachwüchsiger als der Standard.

Hektarvolumina

Das mittlere Hektarvolumen in Meppen liegt mit 293 VFm um 80 % über dem in Unterlüß (163 VFm). Grünenplan kommt auf 108 VFm (Tabelle 4). Die Variationskoeffizienten liegen ähnlich hoch wie die des EBV mit 26,5 % in Meppen, 33,6 % in Unterlüß und 37,3 % in Grünenplan. Dabei kommen auch in Unterlüß zwei Hybridabsaaten auf etwa 300 VFm, während in Meppen drei bei 200 VFm liegen. Eine Korrelation der Hektarvolumina ist nur zwischen Meppen und Grünenplan signifikant, dort aber auf hohem Niveau ($r=0,86^*$). Die Gruppierung zeigt eine Relation der ELA in Meppen zur JLA von 76 %, während in Unterlüß die ELA beinahe beim doppelten der JLA liegt (Tabelle 6). In Grünenplan liegen die beiden Arten bei annähernd gleichem Ertrag. Die Hybridlärche liegt in Meppen im Durchschnitt nicht über der JLA. In Unterlüß gilt dieses auch für die Gruppe F1E, die F1J jedoch liegt um 30 % höher. In Grünenplan liegt der Ertrag der Gruppe F1E um 23 % über dem Standard.

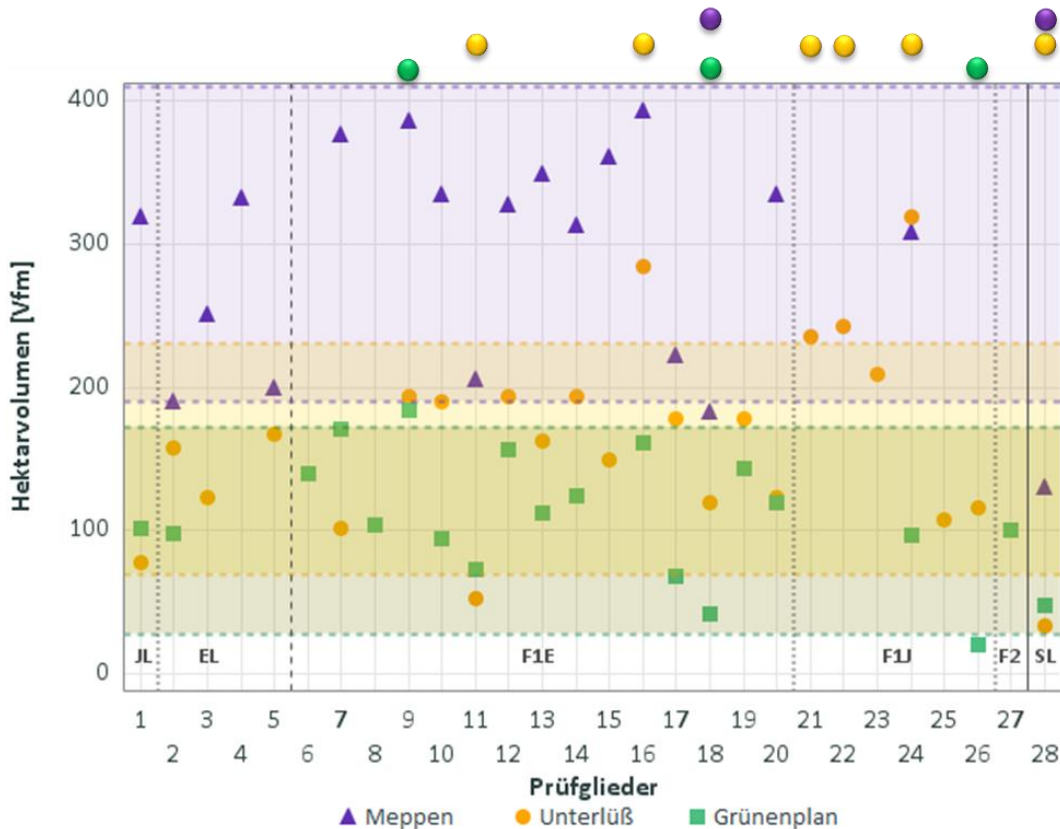


Abbildung 4: Mittlere Hektarvolumina der Prüfglieder auf den drei Versuchsflächen mit eingezeichneten Signifikanzlevels der Vergleichsstandards und über dem Diagramm markiert signifikanten Unterschieden

Von den analysierten Merkmalen lassen sich beim Hektarvolumen die meisten signifikanten Unterschiede zu den jeweils festgelegten Standards nachweisen. Fichtelberg (9) ist in Grünenplan deutlich überlegen, LOLA 1 (16) in Unterlüß. Einmal überlegen sind die drei skandinavischen Absaaten Flensburg 618 (21), Flensburg 626 (22) und Maglehem (24) in Unterlüß, wobei die beiden dänischen (21, 22) auch nur dort verwendet wurden. Negativ fallen einmal die Absaaten Halle 80 (11) und Wiston (26), zweimal Mistelgau (18) und Giegenrün (28) auf.

Zusammenhang zwischen Wuchsmerkmalen und Klima

Auf der Fläche in Unterlüß ließ sich kein Zusammenhang zwischen Wachstumsmerkmalen und dem Klimaparametern feststellen. Die Seehöhe der Saatgutquelle hat auf den beiden Flächen Grünenplan und Meppen einen negativen Zusammenhang mit dem Wachstum der 15 gemeinsamen Lärchen-Absaaten.

In Meppen gilt für alle Wachstumsmerkmale, dass Absaaten aus geringerer Seehöhe besseres Wachstum zeigen (e.g. Höhe $r=0,67^*$). Für Grünenplan lässt sich dieser Zusammenhang für das Höhenwachstum nachweisen ($r=0,60^*$). Die klimatische Herkunft des Versuchsmaterials hat einen Zusammenhang mit Durchmesser und Grundfläche in Meppen (Tabelle 7). Die Jahresmitteltemperatur der Saatgutquellenstandorte zeigt positive Korrelation mit dem Durchmesserwachstum in Meppen ($r=0,53^*$), während steigende Kontinentalität negativen Einfluss darauf und auf die Basalfläche in Meppen hat. In Unterlüß ist der höchste Korrelationswert zur Kontinentalität der der Basalfläche ($r=0,235^{ns}$). Bei keiner der Flächen haben Breiten- oder Längengrad der Samenplantagen, Niederschlagsmittel im Jahr oder der Vegetationsperiode und Aridität am Standort der Saatgutquelle einen nachweisbaren Einfluss.

Tabelle 7: Korrelationskoeffizienten nach PEARSON ($N=15$, $\alpha=0,05$) über die Geo- und Klimadaten der gemeinsamen Prüfglieder und die prüfgliedweisen Mittelwerte der Versuchsflächen Meppen und Grünenplan [Breitengrad, Längengrad, Seehöhe ü. NN, MAT= Jahresmitteltemperatur, MAP= Jahresniederschlag, MSP= Niederschlag der Vegetationsperiode, KI= Kontinentalitätsindex, AI= Ariditätsindex (DE MARTONNE 1929), H_M= Höhe in Meppen, H_G= Höhe in Grünenplan usw., BA= Basalfläche je Hektar; **fettkursiv:** signifikant]

	Meppen					Grünenplan				
	H_M	BHD_M	EBV_M	HV_M	BA_M	H_G	BHD_G	EBV_G	HV_G	BA_G
Breite	0.281	0.200	0.213	0.214	0.192	0.362	0.058	-0.014	0.141	-0.092
Länge	-0.251	-0.358	-0.247	-0.300	-0.349	-0.034	-0.156	-0.285	-0.034	-0.376
Höhe	-0.673	-0.642	-0.560	-0.578	-0.577	-0.599	-0.403	-0.453	-0.359	-0.442
MAT	0.479	0.531	0.427	0.432	0.455	0.245	0.256	0.396	0.149	0.459
MAP	0.103	0.227	0.176	0.141	0.295	0.024	-0.061	0.121	-0.054	0.142
MSP	-0.131	-0.117	-0.100	-0.055	-0.050	0.002	-0.166	0.026	-0.117	-0.003
KI	-0.457	-0.515	-0.419	-0.483	-0.518	-0.328	-0.276	-0.350	-0.215	-0.388
AI	-0.096	0.039	0.023	-0.027	-0.003	-0.091	-0.201	-0.034	-0.142	-0.037

Schaftformen

Abbildung 5 zeigt die Verhältnisse aus der Bonitur in Meppen. Die Anteile der Qualitätsnoten 1 (zweischnurig gerade) und 2 (einschnurig), zusammen „B-Holz“, liegen im Durchschnitt für die Hybridlärchen bei 71 %, während die elterlichen Arten im Durchschnitt 53 % haben. Dabei liegen die hochwertigsten Nachkommenschaften Esbeek (7), Lohmen I (13), Lohmen III (15) und Vaals (20) bei über 90 %, Rantzau (1) bei gut 60 %. Auch innerhalb der Hybridlärchen gibt es starke Unterschiede. Drei Hybridlärchen-Prüfglieder haben signifikant schwächere Anteile der besseren Qualitäten als die übrigen Hybridlärchen, zwei davon signifikant minderwertiger als der Standard. Sieben von dreizehn eingesetzten Hybridlärchen-Absaaten bringen signifikant bessere Qualitäten hervor als Rantzau bei 90 % hochwertigen Stämmen gegenüber 60 %.

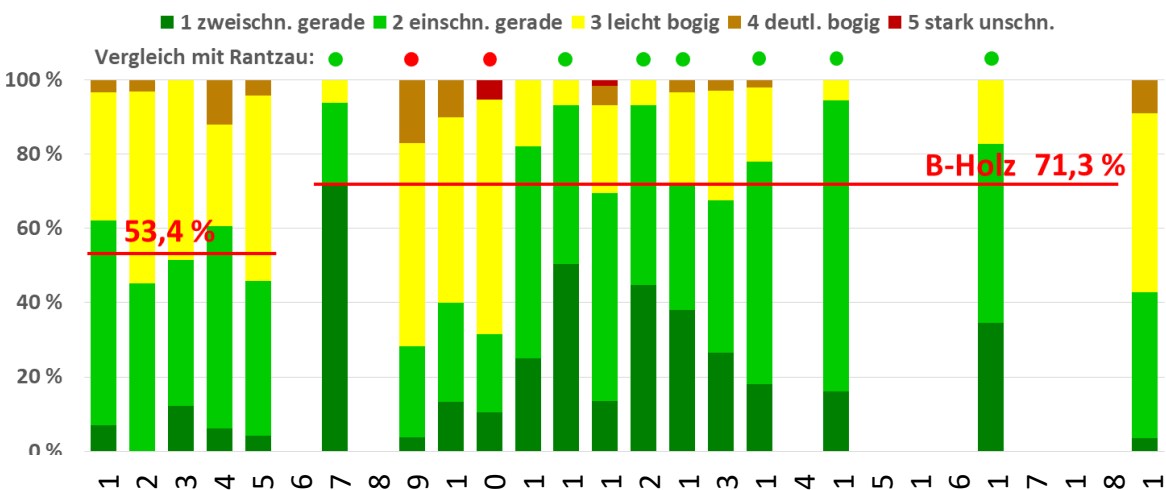


Abbildung 5: Schaftqualitäten in Meppen [rote Linien: Mittelwerte der kumulierten Anteile der Boniturnoten 1 und 2 für die Hybridlärchen einerseits sowie die Japanische und die Europäischen Lärchen zusammen andererseits; über den Balken signifikante Unterschiede (●●) im Vergleich zur Japanischen Lärche (1)].

In Unterlüß liegen die Werte auf niedrigerem Niveau als in Meppen. Die Europäische Lärche hat im Schnitt 30 % B-Holz-Anteile während die Hybridlärche auf mittlere 50 % kommt. Aber auch hier erweisen sich sechs Hybridlärchen-Absaaten als hochwertiger als die Europäischen Lärchen: Esbeek, Lohmen II, Randbol, Vaals, Flensburg 626 und Wiston. Das in Meppen qualitativ schwächere Prüfglied Halle 80 hat hier 56 % gute Qualitäten. Halle 506 aber und die in Meppen zufriedenstellenden Prüfglieder Les Barres und Maglehem zeigen um die 30 %, also auf dem Niveau des Standards. Nur die Absaat Fichtelberg hat auch hier signifikant geringere Anteile als die Europäische Lärche.

In Grünenplan lassen sich die Gruppe der Hybridlärchen (63 %) und der Standard (59 %) nicht unterscheiden. Aber auch hier gibt es Unterschiede zwischen Prüfgliedern im Vergleich zum Standard: positiv Esbeek, Fårefolden, Les Barres, LOLA 1, Randbol, Vaals; negativ Lohmen II, Giegengrün.

Zusammenfassende Ergebnisdarstellung

Tabelle 8: Durch paarweisen Mittelwertvergleich nach DUNNETT gefundene Signifikanzen in den metrischen Merkmalen und durch FISHER-Test gefundene Signifikanzen bei der Schaftform [EBV= Einzelbaumvolumen, HV= Hektarvolumen, M= Meppen, U= Unterlüß, G= Grünenplan, Σ= Saldo ±; grau= nicht im Versuch verwendet]

Absaat	Überleben			Höhe			BHD			EBV			HV			Schaftform			Σ
	M	U	G	M	U	G	M	U	G	M	U	G	M	U	G	M	U	G	
Fichtelberg (9) DE				+	+	+	+	+	+	+	+				+	-	-		8 2
LOLA 1 (16) DE		+		+	+									+		+		+	6
Maglehem (24) SE		+			+									+		+			4
Fårefolden (8) DK									+			+						+	3
Flensburg 626 (23) DK								+					+				+		3
Flensburg 618 (22) DK													+				+		2
Lohmen II (14) DE								+									+	-	2 1
Esbeek (7) NL																+	+	+	3
Vaals (20) NL																+	+	+	3
Randbol (19) DK																	+	+	2
Esbeek (7) NL																+			1
Les Barres (12) F																		+	1
Lohmen I (13) DE																+			1
Lohmen III (15) DE																+			1
Wiston (21) GB																	+	+	2
Mistelgau (18) DE																	+		1 7
Halle 80 (11) BE																			3
Giegengrün (28) DE																			9

In Tabelle 8 sind die Unterschiede für die untersuchten Merkmale auf drei Versuchsflächen zusammengesellt. Für sieben Hybridlärchen-Absaaten ergab sich in mindestens einem

Wachstumsmerkmal auf mindestens einer Versuchsfläche eine Überlegenheit der Hybridlärche. Sieben weitere zeigten im Wachstum keinen Unterschied, aber auf mindestens einer Versuchsfläche bessere Schaftformen. Fünf Hybridlärchen-Absaaten unterschieden sich im Wachstum auf mindestens einer Versuchsfläche negativ vom Standard. Die mit Abstand meisten Vorteile zeigten die Absaaten der Samenplantagen Fichtelberg, bei Formabzügen, LOLA 1 und Maglehem. Von den sechs nur auf einer Versuchsfläche verwendeten Hybridlärchen-Absaaten sind drei auf dieser Fläche signifikant besser als der Standard.

Diskussion

Bei den analysierten Merkmalen liegen die Hybridlärchen als Gruppe über den Werten der gewählten Standards oder gleichauf. In Meppen erreicht die Japanischen Lärche das Niveau der Hybridlärchengruppe bei mehreren Merkmalen. Es gibt auf allen drei Standorten bei den meisten Merkmalen Hybridlärchen, die Überlegenheit im Wachstum zeigen, aber stets auch Hybridlärchen-Absaaten, die schwächer ausfallen als die der Europäischen bzw. Japanischen Lärche. Es liegen also teils Heterosis-Effekte vor, gibt aber auch Effekte mit negativer Auswirkung oder zumindest keine Verbesserung gegenüber der Eignung der elterlichen Arten für den jeweiligen Standort. Solche Negativabweichungen finden sich auch vereinzelt bei LANGNER (1971), häufiger bei PÂQUES (2009) und PHILIPPE et al. (2016). Vor allem bei letzterem zeigen einzelne Samenplantagen, wie Mistelgau oder Wiston, schwache Wuchsleistungen gegenüber den Standards, andere 140 % mehr Volumenleistung. Auf den klassischen Standorten für Japanische Lärche kann sich dort die Hybridlärche kaum gegen die Japanische absetzen. Schon SCHMIDT (1955) zeigt die Absaat aus dem Bestand Rantzau auf einem Standort vergleichbar mit Meppen ein stärkeres Wachstum vor Maglehem und der enthaltenen Sudetenlärche, die wiederum beide das restliche Kollektiv übertreffen. In der Geradschaftigkeit finden PHILIPPE et al. (2016) keine Unterschiede oder leichte Nachteile bei Hybridlärchen. Auf der Mehrzahl der französischen Versuchsflächen zeigen die Absaaten von Maglehem eine ausgesprochen hohe Leistung verbunden mit guter Qualität wie in Meppen.

Bei STENER et al. (2007) werden zwei Versuchsflächen aus demselben Projekt behandelt. In Knutstorp stehen auch in Niedersachsen verwendete vier ELA- und zwölf Hybridlärchen-Absaaten. Sechsjährig ließen sich dort in beiden Versuchen über gruppenweise Mittelwertvergleiche für die Hybridlärche ein besseres Wachstum und bessere Qualitäten belegen. Es gibt Gemeinsamkeiten und Unterschiede der Ergebnisse. Auch hier lag eine Sudetenlärche im guten Mittelfeld gleichauf mit vielen Hybridlärchen. Im ersten Versuch am Unterhang mit Spätfrosteinwirkung kommen die SPL Maglehem, Lohmen I und II sowie eine Weiterentwicklung von Les Barres auf die besten Ränge im Wachstum bei guter Qualität. Die dänischen (inklusive Fårefolden), belgischen, französischen und Wiston kommen auf schwächere Ergebnisse. Am Oberhang steigern sich die LOLA 1 und Vaals auf Spitzenränge, die Dänen Fårefolden und Holbaek werden besser, Maglehem bricht etwas ein. Entscheidend für den Erfolg einzelner Nachkommenschaften schien lokal die Spätfrostlage für einige Absaaten zu sein, die im für Spätfroste prädestinierten Unterlüß für LOLA 1 und Holbaek scheinbar nicht erheblich war. Letztendlich fielen Wiston, Halle 80 und Ciergnon mehrfach wie in Niedersachsen in Wuchs- Merkmalen auf die unteren, mit leichtem Wechsel Maglehem, LOLA 1, Lohmen I und II, Vaals mehrfach auf die oberen Ränge.

PÂQUES (2009) beschreibt das wöchentliche Streckungsverhalten der Terminaltriebe in den Vegetationsperioden 2000 und 2004 an einem Kollektiv aus demselben Projekt. Enthalten sind Absaaten von Esbeek, Halle 506, Les Barres, LOLA 1, Mistelgau, Vaals, eine Flensburg und Wiston. PÂQUES bezeugt dem Typ F1E in seinen Versuchen einen positiven Heterosiseffekt gegenüber reinerbigen Absaaten ihrer Mütter durch effizientere Abstimmung des Wachstums mit der Vegetationsperiode, während bei F1J auch negative Heterosis auftrat. Das heterogene Verhalten der F1J lässt sich aus den Ergebnissen der Versuchsfläche Unterlüß nicht bestätigen. Fünf von sechs F1J sind dort in den einzelbaumbezogenen Variablen Höhe, BHD und EBV mindestens auf dem Niveau des Standards. Einzig Wiston hat leicht niedrigere, nicht signifikante Werte bei BHD und EBV. Die gleichwertige oder höhere Leistung der meisten

Absaaten vom Typ F1E in Niedersachsen bei geringerer Leistung von Marienberg und Mistelgau passt zu PÂQUES Befunden. LOLA 1 zeigt auch in den französischen Versuchen herausragende Leistung. Halle 80 ist dort nicht enthalten.

GEBUREK und SCHÜLER (2011) berichten von einem Versuch östlich von Wien, wo 20-jährig bei höchster Ertragsklasse der Europäischen Lärche sechs Absaaten der Hybridlärche überlegen waren. Dort im Kollektiv sind auch Cunnersdorf II, Lohmen II und Fichtelberg enthalten. Cunnersdorf II und Fichtelberg waren die wuchsstärksten. Qualitativ lagen Cunnersdorf II und Lohmen II im Mittelfeld. Fichtelberg hatte die schlechteste Qualität, was zum Verwerfen der Empfehlung für Österreich führte. Die Leistung und Qualität von Fichtelberg und Lohmen II entsprechen den niedersächsischen Ergebnissen. Cunnersdorf II war nur in Grünenplan enthalten und dort mittelmäßig.

LANGNER und SCHNECK (1998) vergleichen in ihrer Evaluierung von 30 Versuchen die Mittelwerte von Höhen und Basalflächenzuwachs von Hybridlärchen mit denen der reinen Arten. Die Hybridlärchen sind in 25 Fällen durchschnittlich überlegen. Ihrer Lage wegen sind elf gut mit Meppen zu vergleichen. Viermal davon waren einige Hybridlärchen-Absaaten den Standards unterlegen, immer jedoch waren die besten Hybridlärchen um 30-100 % im Basalflächenzuwachs überlegen. Die Standards waren an den maritimen Standorten um Ems und Niederrhein häufig Japanische Lärchen aber viermal auch Europäische, davon einmal eine Sudetenlärche. Somit erscheint das starke Abschneiden der Absaat Dietzhausen II in den niedersächsischen Ergebnissen nicht ungewöhnlich. Eine der Flächen bei LANGNER und SCHNECK (1998) ist sehr gut vergleichbar mit der Fläche Unterlüß. Sie liegt keine 20 km entfernt. Dort kamen 14 Hybridlärchen zur Verwendung. Als Standard setzte sich die leistungsstarke Europäische Lärchen-Absaat „Bundesstraße“ durch. Die Hybridlärche lag hälftig über und unter dem Basalflächenzuwachs des Standards. Die Japanische Lärche kam auf die Hälfte und schied als Standard klar aus, wobei wie in Unterlüß die Mittelhöhe nah an die Europäische Lärche herankam, die übrigen Merkmale jedoch nicht. Dies bestätigt die Festlegung des Standards für Unterlüß. Für Grünenplan gibt es in der Serie keine vergleichbaren Standorte. Unter den Prüfgliedern der Serie bei LANGNER und SCHNECK (1998) tauchen mehrfach Absaaten des Klons Fehrenbötel 17 auf und insbesondere auch Küchengarten (LOLA 1) mit demselben Mutterklon. Innerhalb der genannten Versuche liegen diese unter den Hybridlärchen leistungsmäßig und qualitativ stets zwischen Mittelfeld und Spitze, und zwar sowohl im Bereich Weser-Ems (HLä 4, 21, 22) als auch in Berlin (HLä 5). Wenn die japanischen Klone von Küchengarten als Vergleichsmaterial eingesetzt wurden, stellten diese im Kollektiv meist einen hohen Maßstab dar in Relation zur geprüften Hybridlärche.

Innerhalb des EU-Projekts wurden an der NFV die Anteile von Hybridlärchen in fünf Nachkommenschaften mittels isoenzymatischer Untersuchungen untersucht. Die gelenkte Kreuzung Cunnersdorf II lag bei 100 %, die Samenplantagen Les Barres und LOLA 1 bei 90 %, Mistelgau bei 19 %. Der vermeintliche Reinbestand Rantzau hatte einen Hybridanteil von immerhin 9 % (RAU unveröff.). PÂQUES (2009) benennt für Les Barres, Vaals, Esbeek, Flensburg und LOLA 1 70-90 % Hybridanteil im Saatgut, für Halle 506 gut 40 %, für Mistelgau und Wiston um 20 %. Im Grunde genommen liegen SPL mit nur einem Klon als Mutter über 70 % Hybridanteil, alle mit mehreren Mutterklonen, Ausnahme Vaals, unter 50 %. ACHÉRÉ et al. (2002) und STENER (2007) bestätigen die schwachen Hybridanteile für Mistelgau, Wiston und Halle 80. STENER (2007), PÂQUES (2013) und PHILIPPE et al. (2016) sehen eine Verbindung zwischen höherer Leistung der SPL-Absaaten, ihren Hybridanteilen und der Zahl der Mutterklone im SPL-Design. Dies lässt sich auf die in den niedersächsischen Versuchsflächen verwendeten Absaaten übertragen. Die höhere Wachstumswerte erreichenden SPL Fichtelberg, LOLA 1, Maglehem, Esbeek, Lohmen I-III und beiden Flensburg enthalten je genau einen Mutterklon. Die mäßig bis schwach wachsenden Absaaten Wiston, Vaals und Halle 80 enthalten 12-33 Mutterklone.

Klimatisch oder pathogen bedingte Ausfälle sind vor allem in Unterlüß und in Grünenplan festzustellen. Wie bei SCHÖBER (1977), LARSSON-STERN (2003) oder PÂQUES et al. (2013) ähnlich beschrieben, wurde kein Lärchenkrebs beobachtet, weder an den Sudetenlärchen noch an den Hybridlärchen. Andererseits ist davon auszugehen, dass für die Ausfälle in der Kulturphase unter anderem Trockenheit und Spätfröste

verantwortlich sind, die von einigen Autoren als Problem für Alpenherkünfte und für Japanische Lärche genannt werden (MÜNCH 1933, WACHTER 1969). Wie bei PÂQUES et al. (2013) kam es vereinzelt zu Radialrissen durch starkes Wachstum.

Zwischen Merkmalen der Saatgutquellen-Standorte und der Wuchsleistung auf den Versuchsflächen Meppen und Grünenplan war teils signifikante Korrelation zu belegen. Abnehmende Seehöhe der Quelle bedeutete generell bessere Wuchsleistung in Meppen und zumindest besseren Höhenwuchsleistung in Grünenplan. Aus abnehmender Kontinentalität des Quellenstandorts resultierten zunehmende Durchmesser und Basalflächen in Meppen. Die Aridität/Humidität der Quellen-Standorte zeigte ebenso wenig Einfluss wie die Niederschlagsmittel im Jahr oder in der Vegetationsperiode. Die Korrelation der Kontinentalität mit den Wuchsleistungen passen zu den Ergebnissen von STENER (2007), wo die kontinentalen Absaaten des sehr ähnlichen Kollektivs besser wachsen als die maritimen aus Frankreich, Belgien, den Niederlanden und LOLA 1. STENER (2007) beschreibt außerdem für Schweden, dass mit Verfrachtung von Lärchen im Bezug zum Ursprung nach Süden das Wachstum der Absaat zu zeitig im Frühjahr beginne und das Spätfrostisiko steige. Zudem schließe die Nachkommenschaft im Herbst zu früh ab und nutze so die Vegetationsperiode ungenügend aus. Andererseits Sorge eine Nordverfrachtung für ein sinkendes Spätfrostisiko aber steigendes Frühfrostisiko und Überwinterungsprobleme. Zumindest das Spätfrostisiko könnte vor allem in Meppen und Unterlüß durchaus eine Rolle spielen, zumal sie vom NLF (2019) als explizites Problem der beiden Wuchsgebiete, vor allem der Hohen Heide, benannt werden. Gerade für die kontinentalste Fläche Unterlüß, auf der mehr Absaaten mit Japanische Lärche als Mutter eingesetzt wurden, konnte allerdings keine Korrelation festgestellt werden. Der Zusammenhang STENERS (2007) zwischen Wachstum und Breitengrad lässt sich durch die Korrelation in Niedersachsen nicht belegen.

Mit den gewählten Standorten der Versuchsflächen ist die Frage der Eignung für die Baumart verbunden. Die Europäische Lärche ist eine Art des kontinentalen Klimas, die Expositionen ohne längere Phasen erhöhter Luftfeuchte braucht, bei weiter Standortamplitude von nährstoffreich bis -arm viele, auch regenärmere Standorte besiedelt, aber trockene Substrate meidet. Dabei hat sie ihres disjunkten Verbreitungsareals wegen eine breite genetische Spanne (MAYER 1961, ENGLISCH et al. 2011). Die Japanische Lärche hingegen unterscheidet sich angesichts ihres vergleichsweise kleinen Areals in ihren Herkünften weniger (SCHÖBER & RAU 1991, SCHNEIDER 1993). Sie vermag bei geringer Nährstoffversorgung und ausreichend Luftfeuchte mehr Volumen zu produzieren als die europäische Art (SCHÖBER 1953, NLF 2019), wächst auf Podsolen ebenso wie auf Kalkböden und meidet flachgründige Hanglagen und sauerstoffarme Böden. Im Gegensatz zur Europäischen gedeiht die Japanische Lärche bei hoher Luftfeuchtigkeit und somit in Küstennähe geradezu besser. In Süddeutschland war nach SCHENCKS (1939) Berichten die Europäische Lärche oft wüchsiger, „bei genügend Luftfeuchtigkeit und Bodenfeuchte“ jedoch sei „die Japanische Lärche allen anderen Lärchen – mit Ausnahme der Sudetenlärche – vorzuziehen.“ Stärkere Anfälligkeit beschrieben MÜNCH (1933) und SCHENCK (1939) gegenüber Hallimasch und Wurzelschwamm. Letzterer hat vermutlich in Unterlüß eine Rolle gespielt, ohne zwischen den Absaaten differenzieren zu können. Als Nachteil der Japanischen Lärche wird Trockenstresssensibilität genannt. Nach diesen Beschreibungen wären sowohl der Standort Meppen als auch der Standort Unterlüß für jeweils eine der Arten schlecht geeignet, abgesehen von den als Standards verwendeten Sudetenlärchen. Die in den Kreuzungen der Samenplantagen aber oftmals verwendeten Lärchen mit Ursprung aus den Alpen (WESTIN 2016, PÂQUES 2013) sind nicht für nebelfeuchte Küstenlandstriche geeignet, die Japanische Lärche nicht für unverlehmte Sandböden mit geringen Niederschlägen. Dass in den Versuchen dennoch überwiegend Hybridlärchen mit gleich starken und überragenden Erträgen stehen, zeigt die Eignung der Hybridlärche für die nicht typischen Standorte. Sie zeigte in diversen Studien eine deutlich weitere Standortamplitude und oft höhere Wuchsleistung (z. B. LARSSON-STERN 2003, WOLF und STEINKE 2017). Die Vorzüge der beiden Arten bleiben oft bei den Nachkommen der F1-Generation erhalten, die Nachteile werden oft vermieden. Abbildung 4 illustriert nicht nur die Standortunterschiede mit ihrer Auswirkung auf die Volumenleistung. Sie zeigt auch die aus dem Zusammenwirken aus Umwelt und Genetik resultierenden Unterschiede in der flächenbezogenen Wuchsleistung je Absaat und Standort

des Versuchs. Vorkommende Wechselwirkungen machen die Bedeutung der regionalen Prüfung deutlich und die Notwendigkeit, die Samenplantagen Cunnorsdorf II (DE SN), Fårefolden (DK), Morkov (DK) oder beide Flensburg auf mehreren Standorten zu prüfen.

Vorliegend waren die Schaftformen beim Gros der Hybriden besser als die der elterlichen Arten. SCHNECK (2009) schätzte die Schaftform der Hybriden als geringwertiger ein. Die in PÂQUES et al. (2013) enthaltenen Literaturlauswertung weist zwischen 20 und 40 % höhere Anteile an Geradschaftigkeit aus.

Die Versuchsstandorte liegen in drei unterschiedlichen Naturräumen Niedersachsens. Mit einem gewissen Radius über die Grenzen des Bundeslandes hinaus lassen sich aus den Ergebnissen Prognosen für vergleichbare Standorte ableiten. Die geologischen Standorte der Versuchsflächen Meppen und Unterlüß mit den daraus resultierten Bodentypen repräsentieren in ihren Wuchsgebieten jeweils eine große Waldfläche. Das Ertragsniveau der Versuchsfläche Grünenplan ist insgesamt durch die dortige Pseudovergleyung eingeschränkt. Auf den im Wuchsgebiet häufiger vorherrschenden Lössböden über Kalk- oder Buntsandstein ist eine andere Leistung zu erwarten.

Schlussfolgerungen

Die Hybridlärchen zeigen sowohl eine höhere Wuchsleistung als auch breitere Standortsamplitude als die reinen Arten. Nichtsdestotrotz herrschen zwischen den Absaaten verschiedener Samenplantagen örtlich erhebliche Leistungsunterschiede. Die Zahl der Versuchsflächen lässt ohne Ergebnisse aus den parallelen Flächen beispielsweise in Sachsen, Dänemark oder Belgien nur eine vorbehaltliche Aussage zu. Dennoch bestätigen die sieben signifikant wuchsstärkeren und sieben qualitativ hochwertigeren Nachkommenschaften die auf anderen Versuchen basierende Zulassung in der Kategorie „Geprüft“.

Für den Bereich der Hohen Heide entsteht aus den Ergebnissen das interessanteste Resultat, dass hier, wo Lärche bislang keine wesentliche Rolle spielt, die Hybridlärche 20-jährig bei etwa 300 Vfm auf 200 % vom Standard kommen kann, und das trotz höherer Kulturausfälle. Die ertragsstärksten Absaaten kamen von den Samenplantagen „Maglehem“ aus Südschweden, „Küchengarten“ (LOLA 1) aus Niedersachsen sowie von zwei Flächen der C.E. „Flensburg“ Plantage aus Dänemark. In Unterlüß und Meppen erreicht und übertrifft die Hybridlärche die Leistungsklasse 13 der Japanischen Lärche. Für den Bereich Weser-Ems lässt sich übereinstimmend mit der Niedersächsischen Waldbaurichtlinie schließen, dass dort die Japanische Lärche eine leistungsstarke Baumart ist. Aber auch hier kann mit gezielter Auswahl von Hybridlärchen-Material (LOLA 1, Fichtelberg, Esbeek) der Ertrag um 20 % gesteigert werden. Für den dritten Bereich lassen sich zwar Befunde ableiten für die Bevorzugung und Eignung bestimmter Samenplantagen für die Region, insbesondere für Fårefolden, Fichtelberg und LOLA 1, jedoch vermittelt die Fläche an sich keinen Eindruck vom eigentlichen Potenzial der „Alternativbaumart Hybridlärche“ im Weserbergland. Für Sturmwurfflächen der nördlichen Mittelgebirge reicht der Versuch Grünenplan nicht aus.

Die aus der Korrelation ermittelten Zusammenhänge zwischen der Seehöhe und der Kontinentalität der Samenplantage auf der einen Seite und der Leistung ihrer Absaat auf den beiden Versuchsflächen maritimeren Einschlags auf der anderen Seite sollte anhand weiterer Versuche bzw. an bereits vorliegenden Ergebnissen vorhandener Versuche auf eine mögliche Wiederholbarkeit des Befundes überprüft werden.

Mit Hilfe von Hybridlärchen lässt sich nach diesen Ergebnissen auf Lärchenstandorten und Standorten, die eigentlich keine klassischen Lärchenstandorte sind, der Ertrag und somit die im Klimawandel in der Forstwirtschaft erforderliche CO₂-Senke steigern. Sie ist eine wirksame Erweiterung der Baumartenpalette auf mäßig versorgten Standorten.

Danksagung

Den Niedersächsischen Landesforsten, namentlich den Amtsleitern BERND SCHWIETERT, ULRICH ZEIGERMANN und REINHARD FERCHLAND, den Revierleitern SIEGFRIED FORSTREUTER und WILHELM WARNING vom Forstamt Ankum und dem Amtsleiter HEINZ-HERMANN BRUNS und Revierleiterin JESSICA DAMAST vom Forstamt Grünenplan danken wir für die Flächenbereitstellung und -betreuung. Sodann möchten wir den Mitarbeitern der Forstverwaltung der Firma Rheinmetall, THEO GRÜNTJENS und RÜDIGER QUAST danken. Den Mitarbeitern der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt wird für die Überlassung der Versuche gedankt. Die vorliegenden Ergebnisse wären nicht möglich ohne die Unterstützung zahlreicher technischer Mitarbeiter des Thünen-Instituts bei Außenaufnahmen und Datenaufbereitung möglich. Hier sei SWANTJE PORBADNIGK, MONIKA SPAUSZUS, RENATE RIETZ, DIETER BOEDECKER, MATTHIAS WELLERN und LARS HAMMERICH gedankt.

Literatur

- ACHERÉ V, RAMPANT PF, BENOÎT V, LEPLÉ JC, PÂQUES LE und PRAT D (2002): Characterization of hybrids between *Larix decidua* and *L. kaempferi* by molecular markers. Proc. Improvement of larch, 16-21
- ARCADE A, FAIVRE-RAMPANT P, LE GUERROUÉ B, PÂQUES LE, PRAT D (1996) Heterozygosity and hybrid performance in larch. Theoretical and applied genetics, 93 (8), 1274-1281
- AWG [BAYERISCHES AMT FÜR WALDGENETIK](2019): Herkunftsempfehlungen für Forstl. VG in Bayern
- BLE (Online-Abruf 01.11.2019): Statistische Daten zu Ernte und Handel mit forstlichem Vermehrungsgut, mehrere Jhrg., https://www.ble.de/DE/Themen/Wald-Holz/Forstliches-Vermehrungsgut/forstliches-vermehrungsgut_node.html;jsessionid=7047C3125B056AACAAAB95F4538A7C4D.1_cid325#doc8981808bodyText7;
- DACASA RÜDINGER M, KADOLSKY M, HÜLLER W, WOLF H (2016): Entwicklung der biotechnologischen Grundlagen und praxisnaher Anbauverfahren zur Steigerung der Dendromasseproduktion durch Züchtung und Massenvermehrung von Sorten ausgewählter Baumarten. Abschlussbericht, Pirna, 45 S.
- DE MARTONNE E (1926): Une nouvelle fonction climatologique: l' indice d' aridité. La Météorologie 2, 449-458
- ENGLISCH M, STARLINGER F, LIN H (2011) Die Lärche - ein Baum für alle Fälle. BFW-Praxisinfo, 25, 3-4
- GEBUREK T, SCHÜLER S (2011): Hybridlärche - eine "Baumart" mit Potenzial. BFW-Praxisinformation 25: 14 – 16
- GORCZYNSKI L (1920) Sur Le Calcul Du Degré Du Continentalisme Et Son Application Dans La Climatologie. Geografiska Annaler 2, 324-331
- HAASEMANN W (1986): Untersuchungen zur Ökologie der Europäerlärche, Japanerlärche und ihrer Hybriden im Naß-Trockenfeld. Beitr. f. d. Forstwirtschaft, 20, 184-188
- HERING S, BRAUN H (1992): Some results of larch hybrid breeding at Graupa. In: WEISGERBER H: Results and Future Trends in Larch Breeding on the Basis of Provenance Research. Proc., IUFRO Cent. Meet., S 2.02-07, 146-159
- KIELLANDER CL, LINDGREN D (1978): Odlingsvärdet hos olika arter, provenienser och hybrider av lärk i Sydsverige. Slutredogörelse (FSF 343 och F517/P59) från SLU, Stockholm. 33 S.
- LANGNER W (1971): 33 Jahre Hybridlärchenzüchtung. AFZ 26 (3): 54-55.
- LANGNER W, SCHNECK V (1998): Ein Beitrag zur Züchtung von Hybridlärchen (*Larix x eurolepis* HENRY). Sauerländer's Verlag, Frankfurt am Main. 159 S.
- LARSSON-STERM M (2003): Larch in commercial forestry: A literature review to help clarify the potential of hybrid larch (*Larix x eurolepis* HENRY) in Southern Sweden. South. Swed. Forest Research Centre Alnarp, Sweden. 34 S.
- LIESEBACH M, DEGEN B, GROTEHUSMANN H, JANßen A, RAU HM, SCHIRMER R, SCHNECK D, SCHNECK V, STEINER W und WOLF H (2013): Strategie zur mittel- und langfristigen Versorgung mit hochwertigem forstlichem Vermehrungsgut durch Züchtung in Deutschland. Johann Heinrich von Thünen-Institut, Braunschweig, Thünen Report 7, 78 S.
- MAYER H (1961): Waldbauliche Beiträge zur genetischen Beurteilung der Lärche. Forstwiss. Cbl., 80 (1-2), 29-48
- MÜNCH E (1933): Das Lärchenrätsel als Rassenfrage. Tharandter Forstl Jahrbuch, 84, 438-351.
- NLF [Nds. FORSTPLANUNGSAMT] (2019): Klimaangepasste Baumartenwahl in den Niedersächsischen Landesforsten (Stand 2019). Aus dem Walde, 61.
- NW-FVA (2018): Empfohlene Herkünfte Forstl. VG für Niedersachsen - Stand 01.06.2018
- PÂQUES LE (2002): Larch Tree Improvement Programme in France. Proc. LARIX 2002 symp., Gap, France. 104-118

- PÂQUES LE (2009): Growth rhythm parameters as components of hybrid vigour in young seedlings of hybrid larch (*Larix decidua* x *L. kaempferi*). *Silvae Genetica* 58 (1-6), 42-53
- PÂQUES LE, FOFFOVA E, HEINZE B, LELU-WALTER M-A, LIESEBACH M, PHILIPPE G (2013): Larches (*Larix sp.*). In: PÂQUES LE (ed.) *Forest Tree Breeding in Europe*. Springer-Verlag, 13-106
- PHILIPPE G, BURET C, MATZ S, PÂQUES LE (2016): Composition of hybrid larch (*Larix x eurolepis* H.) forest reproductive materials: How much does hybrid percentage affect stand performance? *New for.* 47 (4), 541-564
- ROULUND H (2007) Hybridlærk: en forbavsende overlegen træart. *Skoven*, 39 (2), 88-93
- SBS [STAATSBETRIEB SACHSENFORST (2012): Herkunftsgebiete und Herkunftsempfehlungen Freistaat Sachsen – Stand 01.03.2012
- SCHENCK CA (1939) *Fremdländische Wald- und Parkbäume*
- SCHMIDT W (1955): Lärchenherkünfte und *eurolepis*-Bastarde im nordwestdeutschen Küstengebiet (Versuchsfläche Bremerförde). *Allg. Forst-u. Jagdztg*, 126, 24-28.
- SCHNECK V (2009): Züchtung von Hybrid-Lärche in Deutschland - Ein Beispiel für erfolgreiche Forstpflanzenzüchtung? In: Proc. 28. Internationale Tagung der Arbeitsgemeinschaft (ARGE) für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung. Mitt. a. d. Forschungsanstalt f. Waldökol. und Forstw. Rheinland-Pfalz Nr. 69/11
- SCHOBER R (1953): Die japanische Lärche: eine biologisch-ertragskundliche Untersuchung. Bd. 7 JD Sauerl. 46 S.
- SCHOBER R (1977): Vom 2. Internationalen Lärchen-Provenienzversuch 1958/59, ein Beitrag zur Lärchenherkunftsfrage. *Schriften aus der Forst. Fak. der Univ. Göttingen und der Nds. Forstl. Versuchsanstalt*, 49, 358 S.
- SCHOBER R, RAU H-M (1991): Ergebnisse des I. Internationalen Japanlärchen-Provenienzversuches. *Schriften aus der Forstlichen Fakultät der Universität Göttingen und der Nds. Forstlichen Versuchsanstalt* 102, 168 S.
- STENER L-G (2007): Tidig utvärdering av fyra sydsvenska försök med olika lärkarter av olika genetiskt ursprung. *Skogforsk* 650, 22 S.
- THÜRINGENFORST (2018) *Herkunftsempfehlungen für die Verwendung Forstl. VG in Thüringen*
- WACHTER H (1969): Frost als Ursache des Lärchensterbens. *Forstarchiv* 40, 53-62
- WANG T, HAMANN A (2012) CLIMATE EU v4.63 A program to generate annual, seasonal and monthly data for Europe. <https://sites.ualberta.ca/~ahamann/data/climateeu.html>
- WESTIN J, HELMERSSON A, STENER LG (2016): *Arbetsrapport*. *Skogforsk* 895, 70 S.
- WOLF H, STEINKE C (2017): Gattung *Larix* – unterschätzte Potenziale. *Beitr. Aus der NW-FVA* 16: 65-79.
- ZACZEK JJ, STEINER KC, SHIPMAN RD (1994): Performance of Japanese and hybrid larch progenies in Pennsylvania. *Northern Journal of Applied Forestry*, 11 (2), 53-57

Autoren

CHRISTOPH RIECKMANN, Dr. MIRKO LIESEBACH
Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf
christoph.reickmann@thuenen.de

VOLKER SCHNECK
Thünen-Institut für Forstgenetik, Eberswalder Chaussee 3a, 15377 Waldsiedersdorf

Wirtschaftliche Produktionszeiten für geprüfte Hybridlärchen-Nachkommenschaften und deren Holzeigenschaften

MARÍA CARMEN DACASA RÜDINGER, ANGÉLICA GONZÁLEZ, KRISTIN HAMANN, WOLFGANG HÜLLER und HEINO WOLF

Zusammenfassung

Hybridlärchen-Nachkommenschaften, die aus Züchtungsprogrammen stammen, zeichnen sich besonders in der Jugendphase unter anderem durch ein sehr schnelles Wachstum aus. Die Frage, in welchem Umfang sich dadurch möglicherweise Produktionszeiträume verkürzen lassen, wurde im Rahmen des Vorhabens „DendroMax“ an drei Hybridlärchen-Nachkommenschaften im Vergleich zu einer Herkunft der Europäischen Lärche im Baumalter von 16 Jahren auf zwei Versuchsfeldern in Sachsen und Thüringen untersucht. Unter Verwendung des Wachstumssimulators BWINPro-S wurde das potenziell erreichbare Volumen im Baumalter 20, 25, 30, 35 und 45 Jahre prognostiziert, um anschließend anhand des Bodenertragswerts als Maßstab für die Rentabilität ökonomisch sinnvolle Produktionszeiten festzulegen.

In Abhängigkeit von der Kombination, von Standort und Länge der Umtriebszeit können die untersuchten Hybridlärchen-Nachkommenschaften gegenüber einer Europäischen Lärchen-Herkunft als Referenz zwischen 18 % und 217 % höhere ökonomische Gewinne erbringen. Die wirtschaftlich vorteilhafteste Produktionszeit könnte in Folge dieser Untersuchung auf einen Zeitraum zwischen 35 und 45 Jahre in Abhängigkeit der Investitionskosten und Gewinnen sowie des Zinssatzes eingegrenzt werden. Durch diese sehr kurze Produktionszeit können wüchsige Hybridlärchen-Kombinationen zusammen mit dem zu erwartenden Ertrag in der Zukunft eine dynamische und nachhaltige Holzerzeugung unter Anwendung verschiedener waldbaulicher Verfahren ermöglichen.

In dem Projekt „Eigenschaftsprofil und Einsatzspektrum von schnellwachsenden Züchtungsprodukten in der Holzverarbeitenden Industrie (Wood for Industry)“ werden Holzeigenschaften wie z.B. Rohdichte und Festigkeit untersucht und mit einer Europäischen Lärche verglichen. Das Alter der untersuchten Proben entspricht dabei einem Produktionszeitraum von 19 bzw. von 37 Jahren. Selbst nach solchen kurzen Umtriebszeiten zeichnen sich im Vorhaben schon interessante Verwendungen für die Holzprodukte aus Hybridlärche ab. Dadurch könnte sich eine stärkere Investition in qualitatives Forstvermehrungsgut der Hybridlärche, zum Beispiel aus Samenplantagen, für den Waldbesitzer lohnen.

Schlüsselwort: Bodenertragswert, *Larix*, Umtriebszeit, Züchtung, Waldwachstumssimulator

Abstract

Economic rotation periods and wood quality of tested hybrid larch progenies

One striking attribute of hybrid larch derived from tree breeding programs is its extremely rapid early growth which allows obtaining higher volumes at short rotation periods compared to those obtained with European larch in the same time. Within the frame of the Project “DendroMax”, we addressed the questions of how far rotation length can be reduced from an economic point of view. We used the forest growth simulator BWINPro-S and forecasted volume yield for three hybrid larch progenies and one checklot of European larch obtained after five different rotation periods with lengths of 20, 25, 30, 35 and 45 years to then establish a window of cost-effective rotation lengths using the soil expectation value as an estimator of profitability. Genetic gains in volume of the improved material led to economic gains compared to European larch ranging from 18% up to 217% in dependence of progeny, site and rotation

length. We conclude that the rotation period can be reduced to a time window that expands from 35 to 45 years depending of investment costs, gains and interest rate. These very short rotation periods allow for a dynamic and sustainable wood production under different types of silvicultural systems.

Several wood properties, as for example density and strength, are being studied currently in different hybrid larch progenies within the frame of the project “Wood for Industry” and compared to those of European larch standards. The samples originate from trees aged 19 or 37 years. The results indicate that even after such short rotation periods it is possible to find interesting applications of the wood products. A stronger investment in improved plant material of hybrid larch, for example from seed orchards, could be therefore profitable for the forest owner.

Keywords: breeding, forest growth simulator, *Larix*, short rotation period, soil expectation value

Hybridlärchen-Nachkommenschaften, die aus Züchtungsprogrammen stammen, zeichnen sich besonders in der Jugendphase unter anderem durch ein sehr schnelles Wachstum aus. Darauf basierend, besitzen Samenplantagen von Hybridlärche ein großes Potential um Saatgut und Pflanzen mit verbessertem Wachstum zu produzieren. Hat man dieses Saatgut gekauft und damit einen Wald begründet, fragt man sich bald, „wann soll ich mein Holz am besten ernten?“ Denn Hybridlärche, im Vergleich zur Europäischen Lärche, immer im Verbindung mit verkürzten Umtriebszeiten gebracht wird. Gleich entsteht auch die Frage, ob das Holz wirklich gut verwertbar ist. Denn manche haben Zweifeln über die Holzqualität der Hybridlärche nach relativ kurzen Umtriebszeiten.

Konkret formuliert, wollten wir Antwort auf folgende Fragen geben:

- Umtriebszeit bei Hybridlärche: Wie kurz ist kurz?
- Holzprodukte von Hybridlärche nach kurze Umtriebszeit: verwendbar?

Die erste Frage wurde im Rahmen des Projekts DendroMax bearbeitet, die zweite im Rahmen des Projekts WoodforIndustry. Die Synergie zwischen den Projekten welche von der Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe gefördert sind, führt zu interessanten Ergebnissen.

Das Material für unsere Studien stammt aus zwei Versuchsflächen, Bad Liebenstein in Thüringen und Leubnitz in Sachsen (Tabelle 1). Sie sind Teil einer Nachkommenschaftsprüfung welche im Rahmen des europäischen Projekts EU FAIR Towards a European Larch Wood Chain im Jahr 2001 angelegt wurde. Aus den 24 Prüfglieder dieser Nachkommenschaftsprüfung wurden drei Hybridlärchen Familien ausgewählt: Fichtelberg, Marienberg und Cunnersdorf II. Als Vergleich diente die Europäische Lärche aus der Samenplantage Dietzhausen in Thüringen. Die Inventur-Werte der untersuchten Prüfglieder im Alter 15 sind in der Tabelle 2 zusammengefasst.

Tabelle 1: Standorteigenschaften der Untersuchten Versuchsflächen Leubnitz in Sachsen und Bad Liebenstein in Thüringen.

Fläche	Boden	Höhe [m ü. NN]	N [mm]	T [°C]
Leubnitz	Löss Mäßig frisch Mäßig nährstoffversorgt	310	680	8,1
Bad Liebenstein	Sandstein Trocken Mäßig nährstoffversorgt	300 - 320	650 - 750	6,5 - 7,5

Tabelle 2: Mittelwert von Brusthöhendurchmesser und Höhe für die untersuchten Prüfglieder auf den Versuchsflächen Leubnitz und Bad Liebenstein im Alter 15 Jahre. In Klammern Minimum und Maximum. N: Anzahl gemessener Bäume pro Prüfglied. *Vorkommerzielles Durchforstung 47 % (Leubnitz) und 46 % (Bad Liebenstein).

Prüfglied	Leubnitz*		Bad Liebenstein*	
	dbh [cm]	h [m]	dbh [cm]	h [m]
Fichtelberg N _L = 48 / N _B = 61	15,3 (12,0, 23,7)	13,3 (10,6, 15,0)	16,4 (6,5, 22,4)	15,03 (8,2, 18,0)
Marienberg N _L = 53 / N _B = 55	14,2 (8,8, 19,7)	12,5 (9,9, 14,5)	15,2 (6,3, 20,7)	14,65 (9,8, 17,2)
Cunnersdorf II N _L = 63 / N _B = 57	15 (8,1, 21,9)	12,9 (7,8, 16,4)	15,6 (9,6, 20,6)	14,13 (11,7, 15,8)
Europäische Lärche <i>SP Dietzhausen 60225</i> N _L = 54 / N _B = 61	13,1 (5,7, 17,2)	11,0 (5,5, 13,0)	12,4 (4,9, 18,5)	12,6 (5,9, 16,4)

Die offensichtliche Überlegenheit der Hybridlärche im Vergleich zu der Europäischen Lärche kann wie folgend zusammengefasst werden: einer genetischer Fortschritt von 20 % für Durchmesser, 17 % für Höhe und 78 % für Volumen. Die Fläche Bad Liebenstein weist eine höhere Ertragsleistung auf. Grund hierfür kann nicht die Intensität der vorkommerziellen Durchforstung sein da diese für beide Flächen gleich ist. Am wahrscheinlichsten sind es Standortsunterschiede, vor allem in den Bodeneigenschaften der Grund. Interessante Vergleichswerte die ebenso die Überlegenheit der Hybridlärche zeigen, können aus Tabelle 3 entnommen werden.

Tabelle 3: Genetischer Fortschritt im Prozent für Brusthöhendurchmesser, Höhe und Volumen von verschiedenen Studien mit Hybridlärche aus unterschiedlichen Ländern.

	USA (BALTUNIS et al. 1998)		Frankreich (PAQUES 2002)		Österreich (GEBUREK und SCHÜLER 2011)	USA (GREENWOOD et al. 2015)
	Zwei beste Familien	Mittel aller Hybrid Familien	Bester Standort	Mittel zwei Standorten	Zwei beste Familien	Mittel alle Hybrid Familien
Alter	5	5	6	6	20	22
BHD	-	42,0 %	26,9 %	5,4 %	53,3 %	21,3 %
H	35,6 %	20,0 %	14,6 %	10,5 %	40,0 %	8,5 %
V	93,5 %	52,0 %	80,6 %	58,3 %	-	56,8 %

Wir standen vor dem Bestand im Alter 15 und wollten wissen wie es einigen Jahren später aussehen würde. Dafür machten wir eine Reise in die Zukunft mit mehreren Zwischenstopps um die Fläche im Alter 20, 25, 30, 35 und 45 Jahre zu beobachten. Unsere Zeitmaschine für diese Reise in die Zukunft hieß BWINPro-S.

BWINPro-S ist ein Waldwachstumssimulator der auf ein Positionsunabhängiges Einzelbaumwachstumsmodell basiert DÖBBELER et al. (2011). Das Programm wurde zwischen den Jahren 1997 und 2004 in der Abteilung Waldwachstum/Informatik der Nordwestdeutsche forstliche

Versuchsanstalt entwickelt und von 2004 bis 2011 für die sächsischen Wuchsbedingungen am Lehrstuhl für Waldwachstum und Holzmesskunde der TU Dresden parametrisiert.

Das Simulator braucht als Modellparameter die Kronenmantelfläche des Baums (K_m), sein Alter, die Kronenkonkurrenzindex für den Baum (C_{66}) und die Durchforstungseinfluss auf dem Kronenkonkurrenzindex (C_{66c}). Diese Parameter ergeben sich aus den Inventurdaten für Durchmesser und Höhe. Damit berechnet das Programm den Grundflächenzuwachs iG während eines Zeitraums von 5 Jahren anhand folgender Funktion welche für Europäische Lärche parametrisiert ist:

$$\ln(iG) = -7,1927 + 0,8621 \ln(K_d) - 0,5193 \ln(\text{age}) - 0,7122 C_{66} + 0,3619 C_{66c}$$

Das Programm simuliert für diesen Zeitraum das Höhenwachstum (ih) in Abhängigkeit des potentiellen Oberhöhenwachstums. Hierfür greift das Programm auf die Ertragstabellen von Schober 1987.

Das Volumen der Bäume wurde anhand folgender, für Europäische Lärche parametrisierte Formel berechnet:

$$V = (\pi/4 * dbh^2) * (0,35 + 0,18 * \exp(-0,215 * (dbh - 10)/10))$$

Basierend auf den Ausgangsdaten wurde das potenziell erreichbare Volumen per Hektar für den Bestand im Alter 20, 25, 30, 35 und 45 Jahre prognostiziert. So ergab die Simulation z.B. für den Bestand im Alter 20 Jahre folgendes Bild.

Tabelle 4: Volumen per Hektar simuliert für Bestandesalter 20 Jahre. Standardabweichung in Klammern. H_{40} : Oberhöhe im Alter 40 als Maß der Standortsproduktivität. Der genetische Fortschritt bezieht sich auf das Mehrvolumen welches mit den jeweiligen Familien im Vergleich zur Europäischen Lärche erreicht werden konnte.

	Leubnitz $H_{40} = 31 \text{ m}$ [m ³ /ha]	Bad Liebenstein $H_{40} = 33 \text{ m}$ [m ³ /ha]	Mittleres Volumen [m ³ /ha]	Genetischer Fortschritt beim Volumen
Fichtelberg	231,6 (18,3)	283,4 (48,3)	257,5	45,07 %
Marienberg	205,5 (13,2)	227,1 (11,4)	216,3	21,86 %
Cunnersdorf II	237,7 (39,8)	222,5 (5,2)	230,1	29,63 %
Europäische Lärche	164,0 (24,7)	191,0 (36,3)	177,5	

Der genetische Fortschritt in Volumen auf Bestandesebene (Tabelle 4) beruht auf einem, im Alter 20 Jahre durchschnittlicher individuellen genetischen Fortschritt in Brusthöhendurchmesser, Höhe und Volumen von jeweils 24 %, 18 % und 72 %.

Das erreichte Holzvolumen aus jeder Durchforstung bzw. aus der Endnutzung wurde mit BWINPro-S anhand der in der Tabelle 5 angegebenen Holzpreisen monetarisiert, sodass Durchforstungs- und Endnutzungserlöse für jede der untersuchten Umtriebszeiten kalkuliert werden konnten und darauf basierend, den resultierenden ökonomischer Zuchtfortschritt (Tabelle 6). In Abhängigkeit von der Kombination, von dem Standort und der Länge der Umtriebszeit können die untersuchten Hybridlärchen-Nachkommenschaften gegenüber der Referenz-Herkunft von Europäischer Lärche zwischen 18 % und 217 % höhere ökonomische Gewinne erbringen. Diese beruhen nicht nur auf die größere Volumina sondern auch auf eine günstigere Verteilung der Sortimente mit anteilig mehr Schnittholz als Industrieholz bei Hybridlärche im Vergleich zur Europäische Lärche.

Andere Autoren berichten über vergleichbare ökonomische Vorteile die sich aus der Verwendung von höherwertigem Pflanzgut ergeben. Zum Beispiel für Europäische Lärche und eine Umtriebszeit von 120 Jahren könnten die Deckungsbeiträge bis zu 150 % erhöht werden wenn überdurchschnittlich wüchsige

Herkünfte verwendet werden (LIESEBACH 2002). KOBLIHA et al. (2013) verwendeten auch ein Waldwachstumssimulator und kalkulierten den ökonomischen Fortschritt assoziiert mit einer Reihe von Herkünften der Europäische Lärche nach einer Umtriebszeit von 120 Jahren. Verglichen mit dem Standard, zeigten die untersuchten Herkünfte ökonomische Vorteile von bis zu 150 %. Mit genetisch verbessertem Material der Fichte sind nach KVAALLEN (2010) als Resultat einer Mehrleistung in Volumen ökonomische Vorteile von 30 % bis zu 400 % in Abhängigkeit von Standort und Holzpreis bei einem Zinssatz von 2,5 % möglich.

Tabelle 5: Preise für Lärchenholz für die verschiedenen Holzsortimente

	Stärkeklasse	Gütesortierung		
		A (Furnier) [EUR/m ³]	B (Bauholz) [EUR/m ³]	C (Bauholz) [EUR/m ³]
Furnier und Schnittholz	Fix length 1 a	-	51	51
	Fix length 1 b	-	78	65
	Fix length 2 a	-	87	75
	Fix length 2b	-	100	80
	Fix length 3 a und 3 b	-	108	85
	Fix length 4 und 5+	200	108	85
Industrie Holz	ICH Lang	41	41	41

Tabelle 6: Ökonomischer Gewinn für jede Umtriebszeit und Standort der drei untersuchten Hybridlärchen-Nachkommenschaften im Vergleich zu der Referenz-Herkunft der Europäischen Lärche. HL: Mittelwert der Nachkommenschaften.

Gruppe		20 Jahre	25 Jahre	30 Jahre	35 Jahre	45 Jahre
Leubnitz	Fichtelberg	71 %	51 %	44 %	37 %	29 %
	Marienberg	45 %	33 %	28 %	24 %	18 %
	Cunnersdorf II	133 %	82 %	67 %	54 %	43 %
	HL	83 %	55 %	46 %	39 %	30 %
Bad Liebenstein	Fichtelberg	217 %	145 %	104 %	82 %	60 %
	Marienberg	75 %	51 %	38 %	31 %	22 %
	Cunnersdorf II	119 %	84 %	57 %	45 %	32 %
	HL	137 %	93 %	66 %	53 %	38 %

Die Frage der ökonomisch optimalen Umtriebszeit haben wir anhand der Entwicklung des Bodenertragswerts als Maßstab für die Rentabilität beantwortet. Der Anstieg des Bodenertragswerts wird geringer je länger der Umtriebszeit wird. Wenn eine Erhöhung der Erntezeitpunkt einen Anstieg des Bodenertragswerts in Höhe vom gewählten Zinssatz bewirkt, ist die optimale Umtriebszeit aus ökonomischer Sicht erreicht. Unterschiedliche Investitionskosten und Jahreszinsen führen hier zu

verschiedenen Szenarien. Die optimale Umtriebszeit erreicht die Hybridlärche in dem Übergang zwischen 35 und 45 Jahre. So zum Beispiel für eine Pflanzung von 1.250 Pflanzen/ha und einem Preis von 0,85 EUR/Pflanze plus Kosten einer manuellen Pflanzung von 0,45 EUR/Pflanze sowie Kosten pro Ernte (inkl. Transport) von 23,04 EUR/m³ ergibt sich für Hybridlärche unter Annahme eines 2% Zinssatzes eine optimale Umtriebszeit von 44 Jahren.

Die Frage, ob nach einer solchen kurzen Umtriebszeit qualitativ hochwertige Holzwerkstoffe erreichbar sind, kann mit ja beantwortet werden. Anhand Untersuchungen von Schaftform, Rohdichte und Druckfestigkeit an Stämmen von Bäumen verschiedener Hybridlärchen-Nachkommenschaften, darunter auch Fichtelberg, Marienberg und Cunnersdorf II, wurde gezeigt, dass Bereits nach 20 Jahren Holzprodukte der drei Sortimenten Stammholz, Industrieholz und z.T. auch Energieholz möglich sind. Damit ist nicht nur die Herstellung von Latten und Bretter möglich. Faserstoffe, Späne, Strands oder Holzhackschnitzel können produziert werden und damit OSB Platten und Verpackungsmaterial hergestellt. Auch eine Verwendung in der Bioraffinerie ist möglich.

Fazit

Durch eine sehr kurze Produktionszeit und hohe Erträge können wüchsige Hybridlärchen-Nachkommenschaften eine dynamische, nachhaltige und wirtschaftliche Holzerzeugung unter Anwendung verschiedener waldbaulicher Verfahren ermöglichen. Aus diesem Grund und angesichts der steigende Nachfrage nach kleinen und mittelstarken Holzsortimente seitens der Holzindustrie, kann sich eine stärkere Investition in qualitatives Forstvermehrungsgut der Hybridlärche, zum Beispiel aus Samenplantagen, für den Waldbesitzer lohnen. Unsere Ergebnisse verdeutlichen, dass Aufwendungen für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung in eine Erhöhung der Wertschöpfung resultieren können. Sie sind somit eine Investition die dem gesamten Wald-Holz Cluster zu Gute kommt und stellen daher einen Beitrag zur Bioökonomie, eine der Handlungsfelder der Charta für Holz, dar.

Literatur

- BALTUNIS BS, GREENWOOD MS, EYSTEINSSON T (1998). Hybrid Vigor in *Larix*: Growth of intra- and interspecific hybrids of *Larix decidua*, *L. laricina*, and *L. kaempferi* after 5-Years. *Silvae Genetica* 47: 5-6.
- DÖBBELER H, ALBERT M, SCHMIDT M, NAGEL J, SCHRÖDER J (2011). BWINPro: Programm zur Bestandesanalyse und Prognose. Handbuch zur gemeinsamen Version von BWINPro und BWINPro-S. Version 6.3.
- GEBUREK T, SCHÜLER S (2011). Hybridlärche - eine "Baumart" mit Potenzial. *BFWPraxisinformation* 25: 14-16.
- GREENWOOD MS, ROTH BE, MAASS D, IRLAND LC (2015). Near rotation-length performance of selected hybrid larch in Central Maine. U.S.A. *Silvae Genetica* 64: 73-80.
- KOBLIHA J, STEJSKAL J, LSTIBURK M, MARUSAK R, SLAVIK M (2013). Selection of European larch provenances based on productivity and economic values. *Journal of Forest Science* 59 (11): 424-435.
- KVAALEN H (2010). Good economy for forest owner and society. The Norwegian Forest Seed Center. Append. to proposed "Strategy for tree breeding 2010-2040: 16-18. (Norwegian)
- LIESEBACH M (2002). Forstgenetik rechnet sich. *Österreichische Forstzeitung* (6): 33-35.
- PAQUES LE (2002). Heterosis in interspecific hybrids between European and Japanese larch. In: Improvement of larch (*Larix* sp.) for better growth, stem form and wood quality. Proceedings of an international symposium. Ed. INRA - Unite d' Amelioration, de Genetique et de Physiologie des Arbres forestiers, F-45166 Olivet Cedex (France)
- SCHOBER R (1987). Ertragstabellen wichtiger Baumarten. J.D. Sauerländer's Verlag, Frankfurt a.M.

Autoren

Dr. MARÍA CARMEN DACASA RÜDINGER, KRISTIN HAMANN, WOLFGANG HÜLLER, Dr. HEINO WOLF
Staatsbetrieb Sachsenforst. Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft, Referat Forstgenetik und
Forstpflanzenzüchtung. Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna
maria.dacasa@smul.sachsen.de

ANGÉLICA GONZÁLEZ
Skylab GmbH Beim Strohhouse 24. 20097 Hamburg

(Wieder-) Einbringung von Weiß-Tanne (*Abies alba* Mill.) in die Wälder Brandenburgs

DAGMAR SCHNECK, RALF KÄTZEL und CHRISTEL JANDER

Zusammenfassung

Die Weiß-Tanne ist in den Wäldern Brandenburgs nur mit einem Anteil von 0,02 % vertreten. In den letzten Jahren ist das Interesse an dieser Baumart gestiegen. Künftig soll sie wenigstens auf 500 ha an der Waldgesellschaft beteiligt werden. Neben der Herausforderung, die passenden Standorte auszuwählen, stellt sich die Frage nach dem geeigneten Vermehrungsgut.

Bei der Erarbeitung einer Herkunftsempfehlung kam es in diesem Fall, wie in keinem anderen, darauf an, den Schutz der einzig verbliebenen Population der autochthonen Weiß-Tanne vor Fremdeinflüssen gegenüber einer ausreichend breiten genetischen Basis für die dauerhafte Etablierung der Art in weiteren Waldgesellschaften abzuwägen. Das Ergebnis dieser Abwägung ist die Erweiterung der Herkunftsempfehlung für das Gebiet 827 04 - Niederlausitz. Das aufgeführte Beispiel zeigt, wie die immer umfangreicheren genetischen Kenntnisse in Herkunftsempfehlungen einfließen und damit Auswirkungen auf die praktische Forstwirtschaft haben.

Darüber hinaus werden erste Ergebnisse eines Herkunftsversuches mit rumänischen Tannen-Provenienzen vorgestellt, die künftig bei Eignung die Herkunftsempfehlungen in den nördlicheren Gebieten 827 02 und 827 03 ergänzen könnten.

Schlüsselworte: Herkunftsempfehlungen, Herkunftsversuch

Abstract

(Re) introduction of silver fir (*Abies alba* Mill.) into the forests of Brandenburg

The white fir is represented in the forests of Brandenburg only with a percentage of 0.02%. In recent years, interest in this species has increased. In the future she will be involved in at least 500 ha in the forests. This raises the question of the appropriate reproductive material.

The example below shows how the growing genetic knowledge influence the recommendations of provenances and thus has an impact on practical forestry.

In addition, first results of a provenance trial with Romanian fir provenances are shown which, if suitable, could in future supplement the recommendations of provenances in the more northerly regions 827 02 and 827 03.

Keywords: Recommendations of provenances, provenance trial

Einleitung

Die Weiß-Tanne (*Abies alba* Mill.) ist in den Wäldern Brandenburgs nur mit einem Anteil von 0,02 % vertreten. Dabei war sie insbesondere im Süden des Landes, in der Niederlausitz, natürlicherweise an der Waldgesellschaft „Kiefern-Fichtenwald“ beteiligt. Es handelt sich dabei um Fichtenwald-Vorposten auf mineralischen Nassstandorten. Heute existiert nur noch ein Vorkommen (Zerna), in dem die Weißtanne

autochthon und bestandesbildend auftritt. Künftig soll sie wenigstens auf 500 ha an der Waldgesellschaft beteiligt werden.

Zur Klärung der damit verbundenen Fragen wurde 2017 eine Arbeitsgruppe „Weißtanne“ am Landesforstbetrieb Brandenburg berufen. Neben der Herausforderung, die geeigneten Standorte auszuwählen, stellt sich die Frage nach dem geeigneten Vermehrungsgut.

Das autochthone Tannenvorkommen der Niederlausitz wurde bereits 1995 bei der Abgrenzung der Herkunftsgebiete berücksichtigt. Brandenburg schneidet die Herkunftsgebiete 827 02 und 827 03, in denen *Abies alba* nicht natürlich vorkommt. Im südlichen Teil ist das Gebiet 827 04 „Niederlausitz“ abgegrenzt, für das es historische Belege autochthoner Tannenvorkommen gibt. Die Unterschiede in der Autochthonie wirkten sich auf die Herkunftsempfehlungen aus. In den Empfehlungen des Landes Brandenburg 2005 waren für das autochthone Gebiet, im Gegensatz zu den nördlicheren Gebieten, keinerlei Austauschherkünfte ausgewiesen. In diesen Jahren war allerdings die Nachfrage nach Vermehrungsgut der Tanne ausgesprochen gering. Mit dem steigenden Interesse nach dieser in Brandenburg sehr seltenen Baumart galt es, die Verfügbarkeit von Vermehrungsgut und die strengen Herkunftsempfehlungen zu prüfen.

Zugelassenes Ausgangsmaterial

Da es nur wenige Tannenbestände in Brandenburg gibt, ist auch die Ausweisung geeigneter Erntebestände schwierig. Tabelle 1 zeigt die gegenwärtig zugelassenen Flächen. Mit der gestiegenen Nachfrage nach Saatgut wurden nochmals alle im Datenspeicher des Landes vorhandenen Bestände bereist, die vom Alter und von der Flächengröße geeignet erschienen. 2 neue Bestände konnten in das Erntezulassungsregister aufgenommen werden. Ein weiterer liegt in einem Totalreservat und kann daher weder bewirtschaftet noch beerntet werden. Auch in den nächsten Jahren werden kaum weitere Bestände in das zulassungsfähige Alter hinein wachsen. Von den 50 ha Weiß-Tanne, die für den Landeswald im Datenspeicher Wald ausgewiesen sind, weisen 42 ha ein Alter unter 20 Jahre auf.

Beim Blick über die Landesgrenze hinaus zeigte sich, dass auch auf der sächsischen Seite des HKG 827 04 kein einziger Saatgutbestand zur Beerntung existiert.

Tabelle 1: Zugelassenes Ausgangsmaterial (Kategorie „Ausgewählt“) zur Saatgutgewinnung bei Weiß-Tanne in den in Brandenburg vorkommenden Herkunftsgebieten

Herkunftsgebiet	Saatgutbestände		Davon in Brandenburg	
	Anzahl	ha	Anzahl	ha
827 02	7	4,2	1	0,4
827 03	5	3,8	5	3,8
827 04	1	0,4	1	0,4

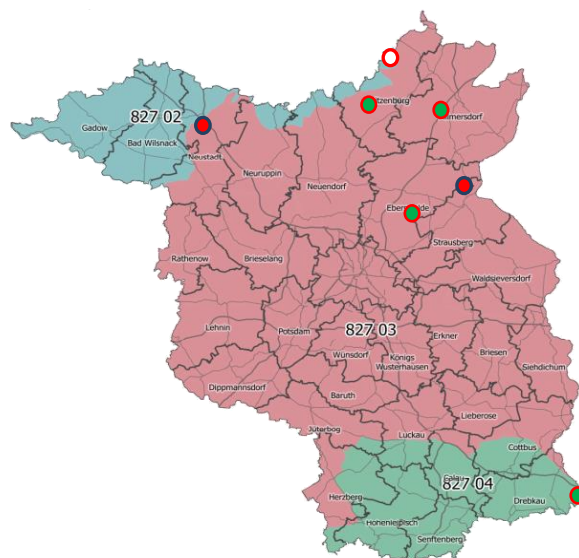
Genetische Charakterisierung der Bestände

Aus früheren Untersuchungen ist bekannt, dass es sich bei dem Saatgutbestand in dem Herkunftsgebiet 827 04 mit dem Namen „Zerna“ um einen autochthonen Bestand handelt (TRÖBER et al. 2000). Bezüglich der nacheiszeitlichen Rückwanderung werden die ostdeutschen Vorkommen dem östlichen Rückwanderungsweg aus einem Italienischen Refugium entlang dem Ostalpenbogen über die bayerischen und tschechischen Gebirgszüge zugeordnet. Dabei wird eine starke Introgression aus dem Balkanrefugium über die Beskiden, Westkarpaten und die Niedere Tatra angenommen (BERGMANN 1995). Für einen zweites Vorkommen im Herkunftsgebiet 827 04 unter dem Namen „Teichbreite“ (keine Zulassung als

Erntebestand) wird jedoch eine Abstammung von südwestdeutschen Tannenprovenienzen vermutet (TRÖBER et al. 2000). Ausführliche Informationen zur Rückwanderungsgeschichte der Weißtanne finden sich bei LIEPELT et al. (2009).

2018 wurden 6 der 7 Saatgutbestände Brandenburgs genetisch charakterisiert um die Zuordnung zu den nacheiszeitlichen Rückwanderungslinien zu klären. Die Untersuchungen erfolgten am damaligen Amt für forstliche Saat- und Pflanzenzucht Teisendorf durch CREMER und JENNER (2018). Im Ergebnis (Abbildung 1) konnten 3 Saatgutbestände aus dem Herkunftsgebiet 827 03 dem östlichen Rückwanderungsweg zugeordnet werden. Leider weisen alle diese Bestände einschließlich des Vorkommens „Zerna“ eine niedrige genetische Diversität auf.

Auch die vermutete Abstammung des Vorkommens „Teichbreite“ wurde bestätigt.



Registernummer	Obf
123827020012	Boitzenburg
123827030012	Boitzenburg
123827030022	Eberswalde
123827030032	Neustadt
123827030042	Eberswalde
123827030052	Milmersdorf
123827040012	Drebkau
	Abstammung aus östlicher Rückwanderungslinie
	Abstammung aus süd- westlicher Rückwanderungslinie
	Nicht untersucht

Abbildung 1: Zuordnung der Tannenbestände zu den nacheiszeitlichen Rückwanderungslinien

Erweiterung der Herkunftsempfehlungen für Brandenburg

Auf Grund der standörtlichen Gegebenheiten liegen ein Großteil der Waldgesellschaften, an denen die Tanne künftig beteiligt werden soll, im Herkunftsgebiet 827 04, für das nur ein einziger Saatguterntebestand ausgewiesen ist. Dieser besitzt darüber hinaus eine eingeschränkte genetische Diversität. Bei der Erarbeitung einer Herkunftsempfehlung kam es in dem Fall, wie in keinem anderen, darauf an, den Schutz der einzig verbliebenen Population der autochthonen Weiß-Tanne vor Fremdeinflüssen gegenüber einer ausreichend breiten genetischen Basis für die dauerhafte Etablierung der Art in weiteren Waldgesellschaften abzuwägen. Das Ergebnis dieser Abwägung ist die Erweiterung der

aktuellen Herkunftsempfehlung für das Gebiet 827 04 um Material aus den HKG 827 03, welches von den Beständen der östlichen Rückwanderungslinie abstammt. Da auch dieses nur eine geringe genetische Diversität besitzt, wird zusätzlich Material aus einer sächsischen Samenplantage empfohlen, welche in den 90er Jahren aus nachweislich autochthonen Tieflands-Tannen aufgebaut wurde. Ergänzt werden die Empfehlungen mit einer Reihe slowakischer Bestände, die auch für den sächsischen Teil des HKG 827 04 empfohlen werden (Tab. 2).

Tabelle 2: Auszug aus den Herkunftsempfehlungen des Landes Brandenburg

Baumart: Weiß-Tanne (<i>Abies alba</i> Mill.)		Stand: 01.07. 2018
Verwendung innerhalb des HK-Gebietes	Qualifiziertes Vermehrungsgut	Ausgewähltes Vermehrungsgut
827 Niederlausitz 04	Empfohlene Herkunft: Samenplantage Lausitz, Sachsen EZR Nr.: 14 1 82706 015 3 (ab 01.10.2017)	Empfohlene Herkunft: Zugelassene Saatgutbestände HKG 827 04 ¹ Saatgutbestände mit den Registernummern: 12 3 82703 001 2 12 3 82703 004 2 12 3 82703 005 2 sowie ausschließlich daraus entstandene Mischungen. (ab 01.7.2018) Ständige Austauschherkunft: Zugelassene Saatgutbestände HKG 827 06 Zugelassene Saatgutbestände HKG 827 07 Zugelassene Saatgutbestände aus der Slowakischen Republik (Kategorie A und B, Mind. Fläche 2,5 ha) Herkunftsgebiet 2 Stredoslovenska Höhenlage 400-800m ü NN (EZR: aal224 ff-xxx) Herkunftsgebiet 3 Vychodoslovenska Höhenlage 400-800m ü NN (EZR: aal234 ff-xxx)

¹ In autochthonen Vorkommen der Tanne und in deren Umgebung (zumindest im Abstand von 400 m) ist für Verjüngungsmaßnahmen mit Tanne ausschließlich Vermehrungsgut aus dem jeweiligen Vorkommen zu verwenden.

Nachkommenschaftsprüfung bei Weiß-Tanne

In den beiden nördlichen Gebieten des Landes Brandenburg kommt die Weiß-Tanne nicht natürlich vor. Aber auch hier gibt es ein Interesse der Forstpraxis auf einigen Standorten zur Risikominimierung die Weiß-Tanne mit einzubringen. Bei der Verbringung einer Art über ihr natürliches Verbreitungsgebiet hinaus spielen neben erhofften stabilisierenden Effekten auf die Waldgesellschaft wirtschaftliche Aspekte eine Rolle. Im Jahr 2011 startete ein gemeinsamer Versuch der Länderinstitutionen für Forstpflanzenzüchtung zur Prüfung verschiedener Originalherkünfte aus Rumänien. Diese schnitten in älteren Versuchsanlagen in den westdeutschen Bundesländern in den Merkmalen Wüchsigkeit, Mortalität und Vitalität besonders gut ab. Ihre Anbaueignung unter Brandenburger Verhältnissen soll auf einer Fläche getestet werden.

Material und Methoden

In Brandenburg wurde 2016 eine Versuchsfläche mit 6 Original- und 3 Vergleichsherkünften aus dem Nordostdeutschen Tiefland angelegt. Die Versuchsanlage erfolgte in der Landeswaldoberförsterei Chorin auf einem K2 Standort unter Schirm in 4-facher Wiederholung. Der Verband beträgt 2 x 2 m. Tabelle 3 enthält die Angaben zu den beteiligten Herkünften.

Tabelle 3: In Prüfung befindliche Herkünfte

Herkunftsname	Nr. BB	Herkunftsnummer	Aussaat	Höhe [m üNN]	dT [°C]	dT(59) [°C]	dPR [mm]	PR(59) [mm]
Sinaia	1	WTa-RUM-05	05/2011	1130	5,3	12,9	855	497
Dobra	2	WTa-RUM-07	05/2011	1075	6,4	13,6	885	499
Avrig-Plantage	3	WTa-RUM-08	05/2011	630	8,0	15,8	670	402
Baia Sprie-Plantage	4	WTa-RUM-09	05/2011	1070	4,5	11,8	885	498
Sugas-Plantage / Gheorghie	5	WTa-RUM-10	05/2011	760	6,8	14,8	668	411
Anina	6	WTa-RUM-06	05/2011	725	8,0	15,5	818	440
Eberswalde	7	D-123 82703 002 2	2012	120	8,2	15,3	547	285
Templin	8	D 123 82703 001 2	2013	75	8,2	15,3	569	296
Radelübbe	9	D-131 82702 001 2	2012	40	8,2	14,9	653	321

Erste Ergebnisse

Da die Vegetationsperioden 2018 und 2019 ausgesprochen niederschlagsarm ausfielen, erfolgten jährliche Aufnahmen, um die Auswirkungen zu quantifizieren.

Ausfall

Der Ausfall (Abb. 2) wurde in den Jahren 2017 bis 2019 erfasst. Trotz der ausgeprägten Trockenheit in den letzten beiden Jahren ist der Ausfall gering und liegt zwischen 1,5 (Herkunft Baia Sprie) und 13,8 % (Herkunft Dobra).

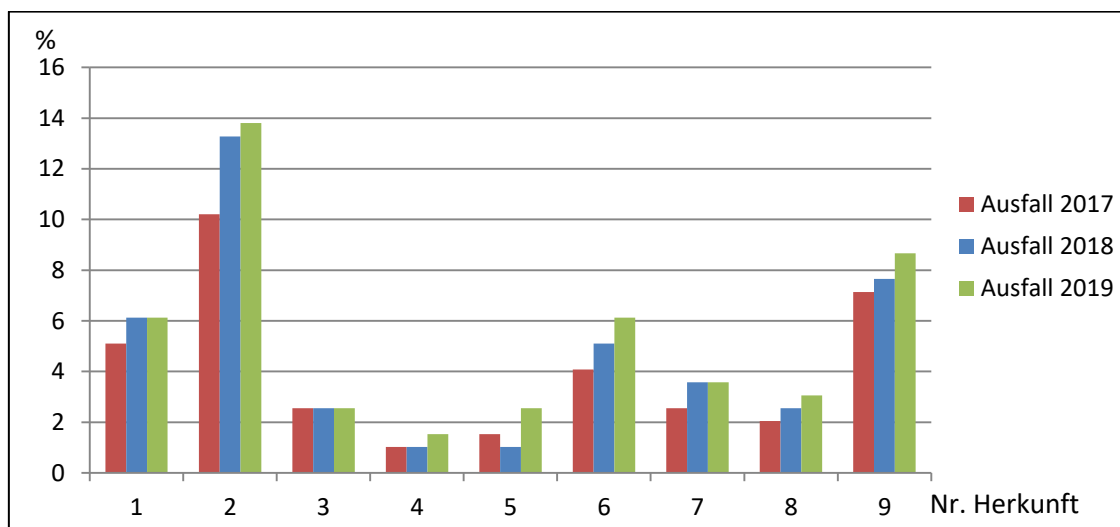


Abb. 2: Ausfall bis 2019

Austrieb

Die Austriebsbonitur erfolgte 5-stufig an 3 verschiedenen Terminen 2018 und an einem Termin 2019. Im Austriebsverhalten zeigen sich kaum Unterschiede zwischen den Herkünften mit Ausnahme der Herkunft „2 – Dobra“, die deutlich später austreibt (Abb. 3).

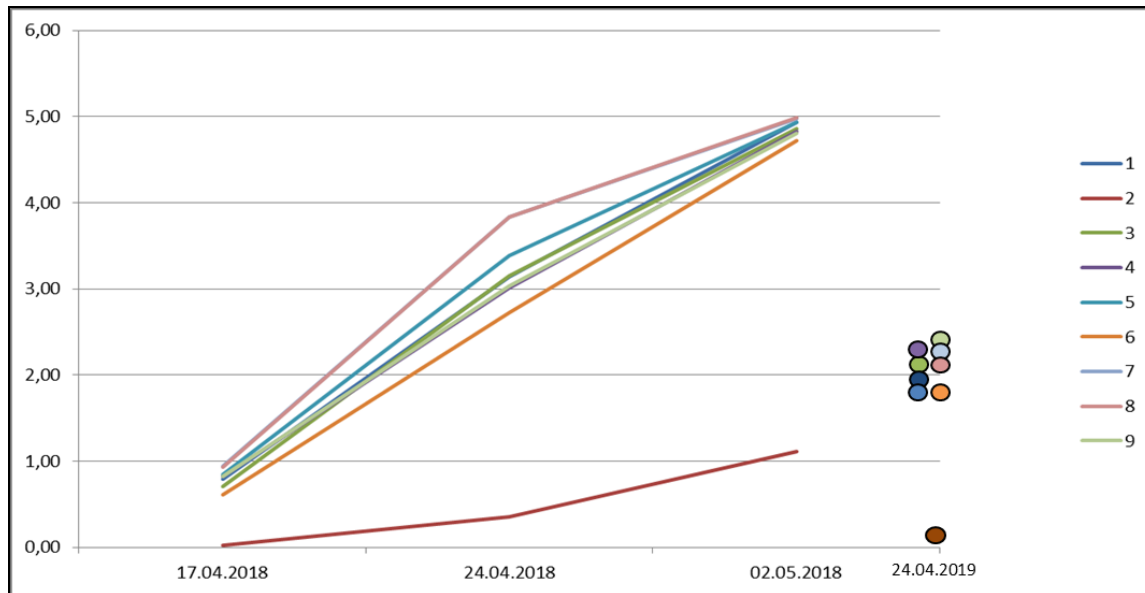


Abb. 3: Austriebsverhalten der Herkünfte 2018 und 2019

Höhenentwicklung

Aufgrund der unterschiedlichen Pflanzenalter zu Versuchsbeginn werden in Abbildung 4 die jährlichen Zuwächse (Höhe /Pflanzenalter bzw. Höhe minus Höhe Vorjahr) dargestellt. Trotz der ausgeprägten

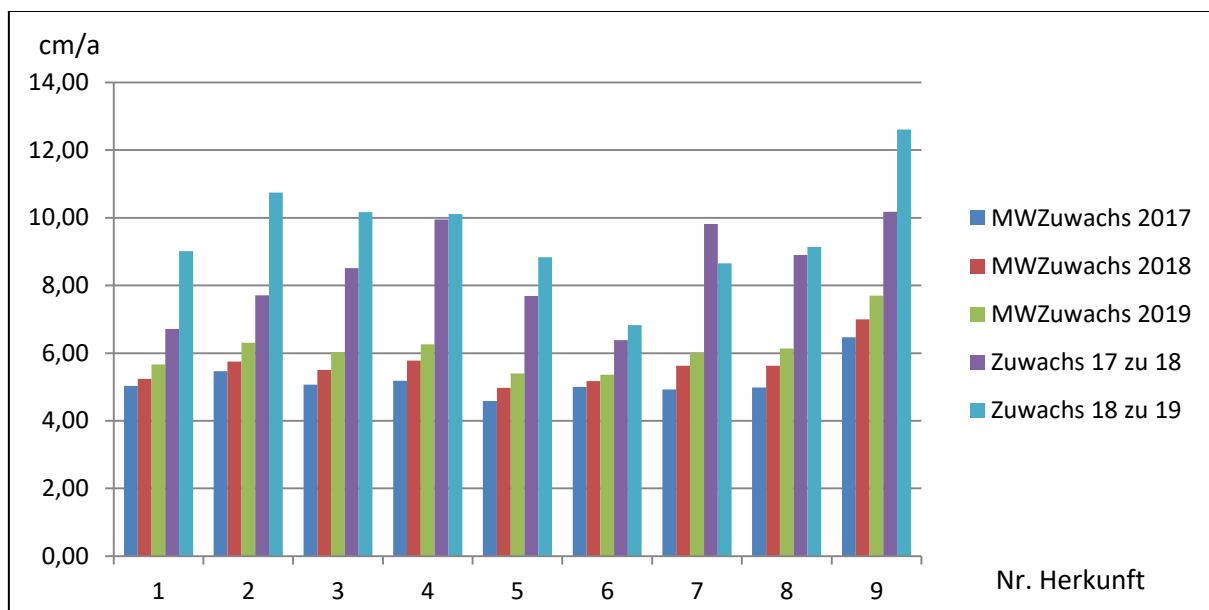


Abb. 4: Durchschnittlich jährlicher Zuwachs (MWZuwachs) bis zum Jahr 2017, 2018 und 2019 bzw. aktueller Zuwachs im Jahr 2018 (Zuwachs 17 zu 18) und 2019 (Zuwachs 18 zu 19)

Trockenheit in den vergangenen 2 Vegetationsperioden betrug der Zuwachs zwischen ausgeprägten Trockenheit in den vergangenen 2 Vegetationsperioden betrug der Zuwachs zwischen 6 bis 12 cm. Die Herkunftsunterschiede sind bisher gering. Einzig Herkunft 9 Radelübbe hebt sich positiv ab. In der Gesamthöhe liegt diese bereits an der Spitze, obwohl die Pflanzen bei Versuchsbeginn ein Jahr jünger waren. Diese Herkunft musste zugekauft werden. Die kräftige Färbung ließ eine optimale Nährstoffversorgung in der Baumschule vermuten.

Diskussion

Bei der Erarbeitung von Herkunftsempfehlungen ist zu beachten, ob die jeweilige Baumart in dem Gebiet natürlicherweise vorkommt oder ob es sich um eine in dem Gebiet eingeführte Baumart handelt. Im Fall der Weiß-Tanne führt das in Brandenburg zu unterschiedlichen Herangehensweisen. Einerseits entsteht durch die Seltenheit des letzten Vorkommens eine besondere Schutzwürdigkeit, andererseits ist dieses aufgrund genetischer Parameter nicht geeignet, als alleinige Samenquelle für künftige Bestände zu dienen. Für die Herkunftsempfehlungen werden daher weitere Quellen erschlossen, die eine ähnliche Entwicklungsgeschichte aber gleichzeitig eine breitere genetische Basis besitzen.

Anders ist die Situation außerhalb des natürlichen Vorkommens. Hier soll die Baumart die Bestandesstabilität erhöhen und auch wirtschaftlichen Zielsetzungen entsprechen. Daher sind Herkunftsversuche und Nachkommenschaftsprüfungen zur Beurteilung von Stabilitäts- und Leistungsmerkmalen eine unverzichtbare Basis künftiger Empfehlungen. Der hier vorgestellte Versuch ist allerdings noch zu jung um zum jetzigen Zeitpunkt daraus Empfehlungen abzuleiten.

Literatur

- Anonym (2006) Empfehlungen für forstliches Vermehrungsgut für das Land Brandenburg. Ministerium für Ländliche Entwicklung, Umwelt und Verbraucherschutz, Potsdam 2006
- Anonym (2014) Empfehlungen für forstliches Vermehrungsgut für das Land Brandenburg. Landesbetrieb Forst Brandenburg, Potsdam 2015, Aktualisierung 2018
- BERGMANN F (1995) Genetische Untersuchungen an mittel- und osteuropäischen Weißtannen im Hinblick auf ihre historische Verbreitung. In: Genetik und Waldbau der Weißtanne, Schriftenreihe der Sächsischen Landesanstalt für Forsten, 5/95 S. 28-35.
- CREMER E, JENNER R (2018): Genetische Analysen an Tannenbeständen aus Brandenburg, unveröffentlicht
- LEIPELT S, CHEDDADI R, DE BEAULIEU JL, FADY B, GÖMÖRY D, HUSSENDÖRFER E, KONNERT M, LITT T, LONGAUER R, TERHÜRNE-BERSON R, ZIEGENHAGEN B (2009) Postglacial range expansion and its genetic imprints in *Abies alba* (Mill.) – A synthesis from palaeobotanic and genetic data. Review of Palynology 153: 139-149
- TRÖBER U, ELSNER N, KÄTZEL R (2000): Erhaltung forstlicher Genressourcen einheimischer Baum- und Straucharten (9): Die Weißtanne (*Abies alba* Mill) in der Niederlausitz. Brandenburgische Forstnachrichten 88:12-14

Autoren

DAGMAR SCHNECK, CHRISTEL JANDER

Landesbetrieb Forst Brandenburg, Landesstelle Forstliches Vermehrungsgut, Eberswalder Chaussee 3,
15377 Waldsieversdorf
dagmar.schneck@lfb.brandenburg.de

Prof. Dr. RALF KÄTZEL

Landesbetrieb Forst Brandenburg, Landeskompetenzzentrum Eberswalde, A. Möller Str. 2, 16225 Eberswalde

Aktuelle Ergebnisse der Züchtung von Hybridaspfen (*Populus ×wettsteinii* Hämet-Ahti)

VOLKER SCHNECK, CHRISTIAN HEIMPOLD und MIRKO LIESEBACH

Zusammenfassung

Die hervorragende und die reinen Elternarten oft übertreffende Wachstumsleistung der Hybriden zwischen Europäischer und Amerikanischer Aspe wurde immer wieder beobachtet und für verschiedene Zuchtprogramme in der Vergangenheit genutzt. Im Rahmen der vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft durch die Fachagentur für Nachwachsende Rohstoffe geförderten Projekte „FastWOOD“, „FastWOOD 2“ und „FastWOOD 3“ wurde 2009 ein neues Programm zur Züchtung von Hybridaspfen geplant und realisiert. Teilweise auf bereits vorhandenen Erkenntnissen basierend wurden entsprechende Plusbäume von Europäischer und Amerikanischer Aspe als Kreuzungspartner ausgewählt. Mit einer Ausnahme kam die Europäische Aspe als weiblicher Partner und die Amerikanische Aspe als Pollenspender zum Einsatz. Es wurden 29 verschiedene Mutterbäume und 19 Vaterbäume für die Kreuzungen verwendet. Insgesamt wurden 75 Hybridaspfenfamilien in 28 Prüfversuchen im Zeitraum zwischen 2010 und 2017 ausgepflanzt.

Bereits nach der noch kurzen Beobachtungszeit zeigte sich die generelle Überlegenheit der Hybridaspfen im Vergleich zu den Nachkommenschaften der reinen Elternarten, den F₂-Hybriden und den Rückkreuzungsfamilien. So erreichten die Hybriden auf den drei ältesten Flächen im Durchschnitt 121 % (bessere Standorte) bzw. 135 % (schwacher Standort) der Höhenwuchsleistung der reinen Europäischen Aspen nach achtjähriger Versuchsdauer. Bei der Biomasseleistung war dieser Unterschied noch gravierender. Hier erreichten die Hybriden die 1,5- bis mehr als 2-fache Leistung im Vergleich zu den Europäischen Aspen.

Schlüsselworte: *Populus tremula*, *Populus tremuloides*, Kurzumttrieb, Biomasse, Schaftform, FastWOOD

Abstract

Actual results of breeding of hybrid aspen (*Populus ×wettsteinii* Hämet-Ahti)

The outstanding growth performance of hybrids between European and American aspen which often surpasses pure parent species has been repeatedly observed and used for various breeding programs in the past. As part of the "FastWOOD", "FastWOOD 2" and "FastWOOD 3" projects funded by the Federal Ministry of Food and Agriculture a program for breeding hybrid aspen was planned and implemented in 2009. Plus trees from European and American aspen were selected as crossbreeding partners based in part on existing knowledge. With one exception, plus trees of European aspen were used as the female partners and such of American aspen as the pollen donors. 29 different mother trees and 19 father trees were used for the crossings. A total of 75 hybrid aspen families were planted out in 28 field trials between 2010 and 2017.

Despite the still short observation time, the general superiority of the hybrid aspens was shown compared to the progeny of the pure parent species, the F₂ hybrids and backcross families. The hybrids in two of the oldest areas achieved an average of 121 % (good sites) and 135 % (poor site) of the height growth performance of the pure European aspen after eight years of testing. This difference was even more

serious when it came to biomass production. Here the hybrids achieved 1.5 to 2 times the performance compared to the European aspen.

Keywords: *Populus tremula*, *Populus tremuloides*, short rotation, biomass, stem form, FastWOOD

Einleitung

Bei einer Reihe von Gattungen von Waldbäumen zeichnen sich Arthybriden durch ein hervorragendes Wachstum, gesteigerte Vitalität und auch verbesserte Qualitätsmerkmale aus. Oft übertreffen sie beide Elternarten in bestimmten Merkmalen, so dass sich auf einen Heterosiseffekt schließen lässt. Bekannte Beispiele sind die Hybridlärche (Hybride zwischen Europäischer und Japanischer Lärche), Hybriden zwischen verschiedenen Arten der Gattung *Pinus* und Hybride zwischen verschiedenen Eucalyptusarten (LANGNER & SCHNECK 1998; DUNGEY 2001, POTTS & DUNGEY 2004). Auch die Hybriden zwischen Europäischer (*Populus tremula* L.) und Amerikanischer Aspe (*Populus tremuloides* Michx.) sind für ihre die Elternarten oft übertreffende gute Wuchsleistung lange bekannt. Anfang der 1930er Jahre kreuzte WOLFGANG VON WETTSTEIN viele Pappelarten miteinander. Dabei beobachtete er unter anderem für die Sämlinge aus der Kreuzung *P. tremula* x *P. tremuloides* ein sehr gutes Höhenwachstum (WETTSTEIN 1933). Seitdem konnte das gute und den Elternarten überlegene Wachstum von Hybridaspfen oft nachgewiesen werden (HART et al. 2013, JOACHIM 1991, JOHNSON 1976 LANGHAMMER 1976, LI et al 1993). Nach dem 2. Weltkrieg wurde die Züchtung von Hybridaspfen in Deutschland intensiviert (MELCHIOR 1985, WEIßGERBER 1983, MOHRDIEK 1977). Aus diesen Forschungsarbeiten resultierte die Zulassung von Klonen und Klonmischungen als Ausgangsmaterial zur Erzeugung von Vermehrungsgut der Kategorie „Geprüft“.

Aufgrund ihres raschen Jugendwachstums und guten Wiederaustriebsvermögens nach der Holzernte wurde die Hybridaspe auch für den Anbau zur Energieholzerzeugung im Kurzumtrieb interessant. In mehreren Untersuchungen konnte ihre Eignung für diese Anbauform nachgewiesen werden (GRANT et al. 2011, LIESEBACH et al. 1999, TULLUS et al. 2012). Basierend auf diesen Erkenntnissen wurde ab 2009 im Rahmen der vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft über die Fachagentur für Nachwachsende Rohstoffe e.V. geförderten FastWOOD-Projekte ein spezielles Programm zur Züchtung von Pappeln der Gattung *Populus* für den Anbau in kurzen Umtriebszeiten für die Energieholzgewinnung realisiert (LIESEBACH 2015). Damit sollte die Basis an verfügbarem hochwertigem Vermehrungsgut speziell bei Hybridaspe verbreitert werden.

In der vorliegenden Arbeit werden die Ergebnisse der ältesten, 2010 angelegten Versuchsserie zur Prüfung von Nachkommenschaften aus gelenkten Kreuzungen von Plusbäumen der Europäischen und der Amerikanischen Aspe aus dem FastWOOD-Projekt vorgestellt.

Material und Methoden

Zwischen 2009 und 2016 wurden insgesamt rund 300 Kreuzungen zwischen Aspen-Plusbäumen durchgeführt. Darunter waren auch 100 Kombinationen zwischen Europäischen und Amerikanischen Aspen. Bei 80 Hybrid-Kombinationen konnte Saatgut erzeugt werden und von 75 Familien wurden ausreichend Pflanzen für die Anlage von Nachkommenschaftsprüfungen angezogen. Als Mutterbäume wurden 28 Plusbäume der Europäischen und ein Plusbaum der Amerikanischen Aspe verwendet. Bei den Vaterbäumen war das Verhältnis 18 Amerikanische und eine Europäische Aspe. Die Europäischen Aspen stammten aus Sachsen, einem Sekundäranbau von Aspen aus dem ehemaligen Ostpreußen (Tapiau) und von älteren Versuchsflächen. Die Amerikanischen Aspen haben ihren Ursprung überwiegend in Nordamerika, wobei von einigen Bäumen nur Pollen geliefert wurde, so dass es in Deutschland keine entsprechenden Pflanzen von diesen Bäumen gibt, was eine spätere Nutzung dieser Bäume für eine eventuelle Zulassung als Familieneltern unmöglich macht. Wenige Pollenspender wurden auch auf älteren Versuchsflächen aus Nachkommenschaften von Amerikanischen Aspen ausgelesen. Die Kreuzungsarbeiten

wurden beginnend ab Ende Februar im Gewächshaus an abgeschnittenen Ästen mit Blütenknospen, die in Wasser eingestellt wurden, durchgeführt. Die so gewonnenen Samen wurden entweder sofort ausgesät, oder in Glasröhrchen mit Vakuum eingeschweißt und bei -15 bis -18°C gelagert. Die Aussaat erfolgte dann im darauffolgenden Jahr. Die in Saatschalen angesogenen Sämlinge wurden nach 4-8 Wochen in Quick-Pot-Container® pikiert. Diese Container wurden zuerst im Gewächshaus und später im Freiland mit Schattierung aufgestellt. Die einjährigen Pflanzen wurden dann auf Versuchsflächen ausgepflanzt. Neben Hybridaspfenfamilien wurden auch Nachkommenschaften aus Kreuzungen der Elternarten untereinander, Kombinationen von Hybridaspfen (F2-Familien) und Rückkreuzungen von Hybriden mit den Elternarten ausgebracht.

Tabelle 1: Angaben zu den Versuchsflächen (Klimaangaben beziehen sich auf den Zeitraum 2010-2018)

	AS10/1	AS10/2	Bio12
Ort	Altlandsberg (Brandenburg)	Thammenhain (Sachsen)	Trenthorst (Schöleswig-Holstein)
Verband [m]	2,0 x 0,75	2,0 x 0,75	2,0 x 0,75
Prüfglieder	30	27	28
Wiederholungen	5	4	5
Durchforstung	2016/17	keine	2016/17
Bodenart	Sand	Lehm	Lehm
Ackerzahl	28	48	58
Jahresmitteltemperatur	10,5 °C	10,1 °C	9,4 °C
Jahresniederschlag	563 mm	605 mm	666 mm
Niederschlag Mai-Sept.	294 mm	338 mm	325 mm

In Jahren von 2010 bis 2017 wurden insgesamt 28 Nachkommenschaftsprüfungen angelegt, wobei in den Versuchen der Jahre 2011, 2013 und 2014 kaum Hybridfamilien vertreten sind. Die Versuchsflächen befinden sich in Nord- und Ostdeutschland auf sehr unterschiedlichen Standorten. Die Versuchsserie von 2010 mit drei Standorten soll ausführlicher vorgestellt werden. Alle Versuche wurden auf vormals landwirtschaftlich genutzten Flächen angelegt. Dabei gibt es deutliche Unterschiede zwischen den Versuchsorten bezüglich Standortgüte und Wasserversorgung (Tabelle 1). Thammenhain und Trenthorst sind gute Ackerstandorte (Ackerzahlen um 50) mit einem durchschnittlichen Jahresniederschlag von mehr als 600 mm zwischen 2010 und 2018. Der Standort in Altlandsberg ist deutlich schwächer und trockener (Ackerzahlen um 30, Jahresniederschlag deutlich unter 600 mm). Für die folgende Auswertung wurden 25 Nachkommenschaften analysiert, von denen 18 auf allen drei Versuchsflächen vertreten sind und 7 auf mindestens zweien. Jeder Versuch enthält noch weitere Prüfglieder, die aber bei dieser Auswertung nicht berücksichtigt wurden (Tabelle 2).

Die Versuche wurden in der Regel jährlich gemessen. Die hier vorliegende Auswertung beruht auf den Daten der Aufnahme im Winter 2017/18 (Versuchsalter 8 Jahre). Dabei wurden alle Durchmesser in Brusthöhe (1,3 m) und in Altlandsberg (AS10/1) auch alle Höhen gemessen. Auf den anderen beiden Flächen wurden nur jeweils zehn Höhen je Parzelle bestimmt. Weiterhin wurde auch die Schaftform aller Bäume nach dem folgenden Schema bonitiert:

- 1= Schaft durchgehend, gerade
- 2= Schaft durchgehend, leichte Krümmungen
- 3= Schaft noch durchgehend, Neigung zur Zwieselbildung, mittlere Krümmungen
- 4= Schaft noch erkennbar, starke Krümmungen, Zwieselbildung
- 5= Schaft mehrfach verzweigt, früh aufgelöst

Für die Auswertung wurde dann der Anteil der gutgeformten Bäume (Schaftformnoten 1 und 2) ermittelt.

Tabelle 2: Angaben zu den Nachkommenschaften und ihre Verteilung auf die Versuchsflächen

Nachkommenschaft	Art	Herkunft Mutter	Herkunft Vater	AS10/1	AS10/2	Bio11
W 1 x W 52	EAS	Tapiau	Tapiau	x	x	x
Uhyst 27 x L 311	EAS	Sachsen	Sachsen	x	x	x
L 4 x L 317	EAS	Sachsen	Sachsen	x		x
L 4 x L 311	EAS	Sachsen	Sachsen	x		x
L 4 x L 448	EAS	Sachsen	Sachsen	x		x
L 47 x L 317	EAS	Sachsen	Sachsen	x	x	x
Kontrolle	EAS	Pinneberg	frei abgeblüht	x	x	x
T 5-61 x Tur 141	AAS	Michigan	New Hampshire	x	x	x
T 5-61 x Drinkwater	AAS	Michigan	Kanada		x	x
T 5-61 x T 46-60	AAS	Michigan	Michigan	x	x	x
W 1 x Ihl 1	HAS	Tapiau	Ontario	x	x	x
W 95 x Tur 141	HAS	Tapiau	New Hampshire	x		x
Brauna 11 x Tur 141	HAS	Sachsen	New Hampshire	x	x	x
L 4 x T 44-60	HAS	Sachsen	Michigan	x	x	x
L 47 x Tur 141	HAS	Sachsen	New Hampshire	x	x	x
L 47 x T 44-60	HAS	Sachsen	Michigan	x		x
Ct x T 44-60	HAS	Brandenburg	Michigan	x		x
Brauna 11 x T 46-60	HAS	Sachsen	Michigan	x	x	x
GrDubrau 5 x Tur 141	HAS	Sachsen	New Hampshire	x	x	x
GrDubrau 5 x Drinkwater	HAS	Sachsen	Kanada	x	x	x
GrDubrau 5 x T 46-60	HAS	Sachsen	Michigan	x	x	x
W 1 x Tur 141	HAS	Tapiau	New Hampshire	x	x	x
W 1 x T 46-60	HAS	Tapiau	Michigan	x	x	x
T 5-61 x W 52	HAS	Michigan	Tapiau	x	x	x
W 1 x Esch 9/85	HAS F2	Tapiau	Vers. Niedersachsen	x	x	x

Für die Berechnung des Ertrags an absolut trockener Biomasse (TM) wurde eine allometrische Funktion der Form: $TM=a*BHD^b$ verwendet, die im Rahmen des Projekts FastWOOD 3 mit Daten aus der Beerntung von Probestämmen verschiedener Versuchsflächen parametrisiert wurde. Bei der Ermittlung des jährlichen Zuwachses an Trockenmasse wurde für die Flächen AS10/1 und Bio11, die im Winter 2015/16 bereits durchforstete worden waren, auch die Vornutzung berücksichtigt.

Die Parzellenmittelwerte für Höhe, Brusthöhendurchmesser und Schaftform sowie die Parzellenwerte für den Trockenmasseertrag je Hektar und Jahr wurden varianzanalytisch ausgewertet. Im Anschluss an die Varianzanalyse wurde ein multipler Mittelwertvergleich (Dunnett-Test, $\alpha=0,05$) gegen die jeweils wüchsigste Nachkommenschaft reiner Europäischer Aspe durchgeführt.

Für eine komplexe Bewertung der Nachkommenschaften wurde ein Selektionsindex aus den Merkmalen Höhe, Brusthöhendurchmesser, Schaftform und Überlebensrate vor der ersten Durchforstung gebildet.

Ergebnisse

Bei der varianzanalytischen Auswertung ergaben sich bei den Merkmalen Höhe, Durchmesser und Trockenmasseertrag signifikante Wechselwirkungen zwischen den Nachkommenschaften und den Versuchsorten. Deshalb wurden die drei Versuchsorte bei den diesen Merkmalen getrennt analysiert. Für die Schaftform war dies nicht der Fall.

Auf allen Versuchsflächen konnten signifikante Unterschiede zwischen den Nachkommenschaften im Höhenwachstum und beim Biomasseertrag nachgewiesen werden. Das Leistungsniveau auf den einzelnen Versuchsflächen spiegelt die Standortgüte wieder (Abbildung 1). Auf dem armen und trocknen Sandstandort Altlandsberg (AS10/1) ist die Leistung deutlich geringer. Hier kommt hinzu, dass es auf dieser Fläche immer wieder Schäden durch Rehwild an einem Teil der Pflanzen gab.

Auf allen Versuchsflächen übertraf das Höhenwachstum der Gruppe der Hybridaspfen die Nachkommenschaften der reinen Arten im Mittel um 20-30 % (Abbildung 1). Interessant ist, dass auf den standörtlich besseren Flächen Thammenhain und Trenthorst, die Amerikanischen Aspen etwas besser abgeschnitten haben als die Europäischen. Zu beachten ist die teilweise große Spannweite des Höhenwachstums der einzelnen Nachkommenschaften innerhalb der Gruppen. So gibt es bei den Hybriden Familien, die nur das Leistungsniveau der reinen Arten erreichen.

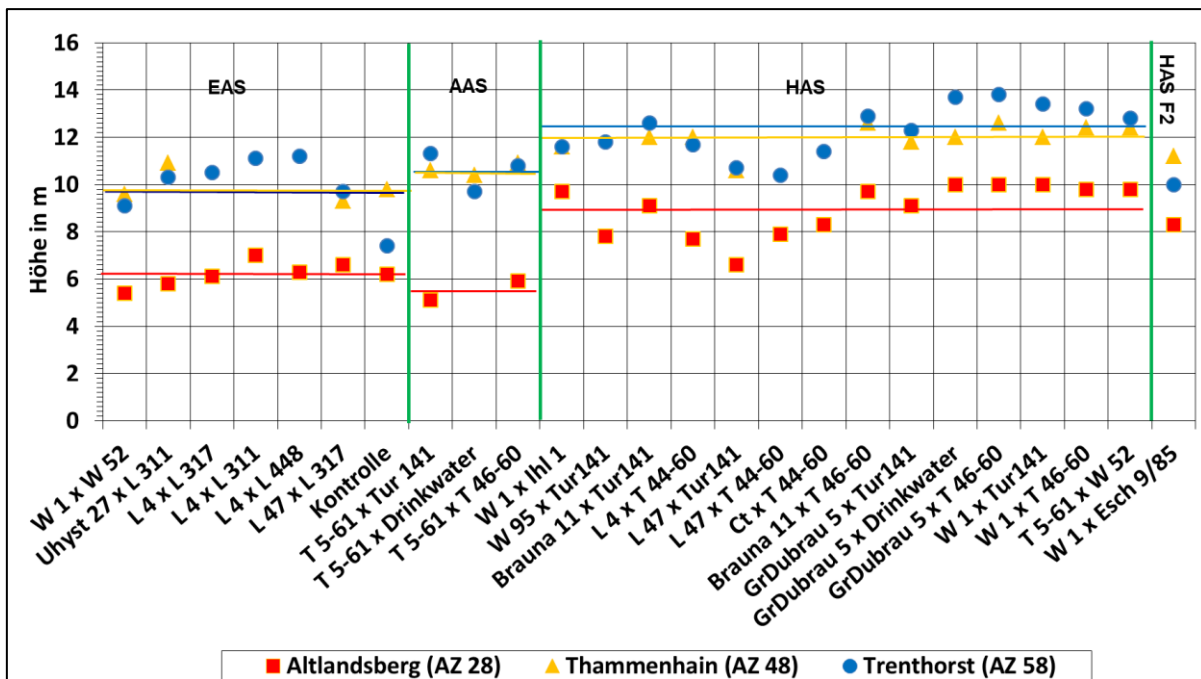


Abbildung 1: Höhenwachstum der Nachkommenschaften nach 8 Jahren (EAS=Europäische Aspe, AAS=Amerikanische Aspe, HAS=Hybridaspfe, HAS-F2=F2-Hybride)

Für den Biomasseertrag zeigt sich ein ähnliches Bild wie für das Höhenwachstum (Abbildung 2). Hier sind die Unterschiede zwischen den Gruppen viel deutlicher. Die Überlegenheit der Hybriden beträgt im Mittel zwischen 50 und 200 %. Auch ist die Spannweite innerhalb der Gruppen deutlich größer. Einige Hybridfamilien liegen hier nur auf dem Leistungsniveau der reinen Arten.

Mit wenigen Ausnahmen liegt der Anteil an gut geformten Bäumen bei den Hybriden über 50 % (Abbildung 3). Auch bei den Nachkommenschaften der reinen Arten wird dieses Niveau oft erreicht. Einzig die Kontrolle fällt deutlich ab. Besonders die Hybridaspens mit guter Wachstumsleistung haben überwiegend gut geformte Stämme. Zwischen den Flächen werden Unterschiede sichtbar. Die schlechtesten Schaffformen sind auf der Fläche Altlandsberg zu verzeichnen. Hier hat sich ganz offensichtlich der Verbiss durch Rehwild negativ ausgewirkt.

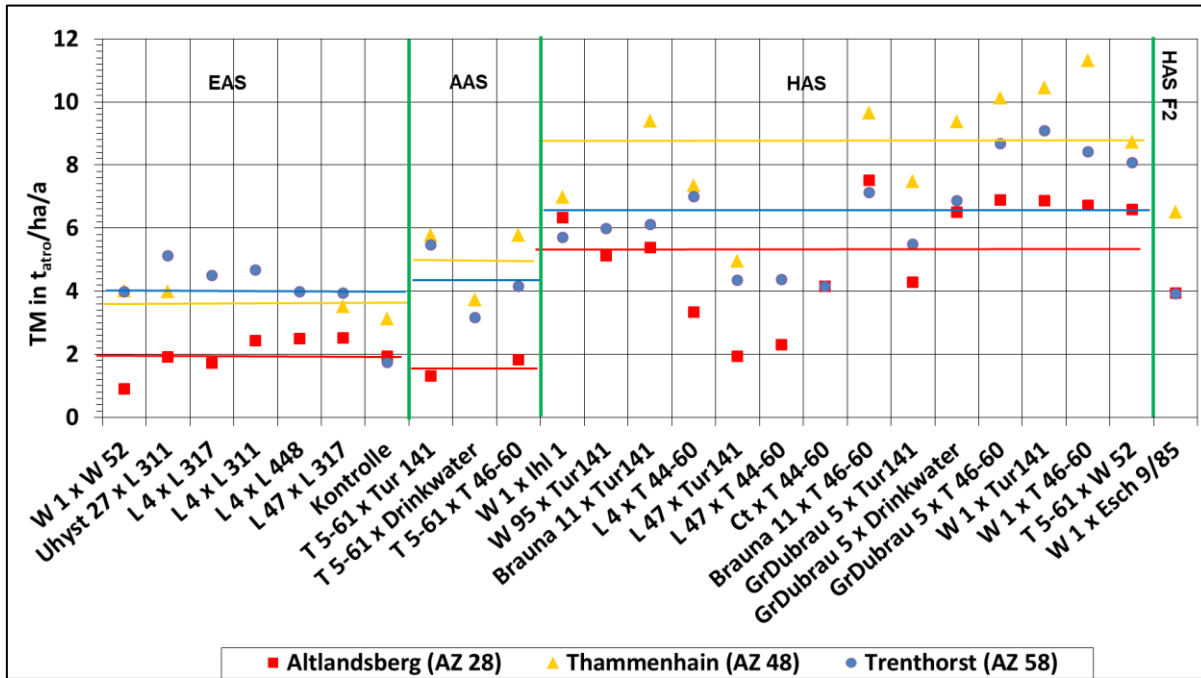


Abbildung 2: Jährlicher Ertrag an Biomasse absolut trocken je ha der Nachkommenschaften nach 8 Jahren (EAS=Europäische Aspe, AAS=Amerikanische Aspe, HAS=Hybridaspe, HAS-F2=F2-Hybride)

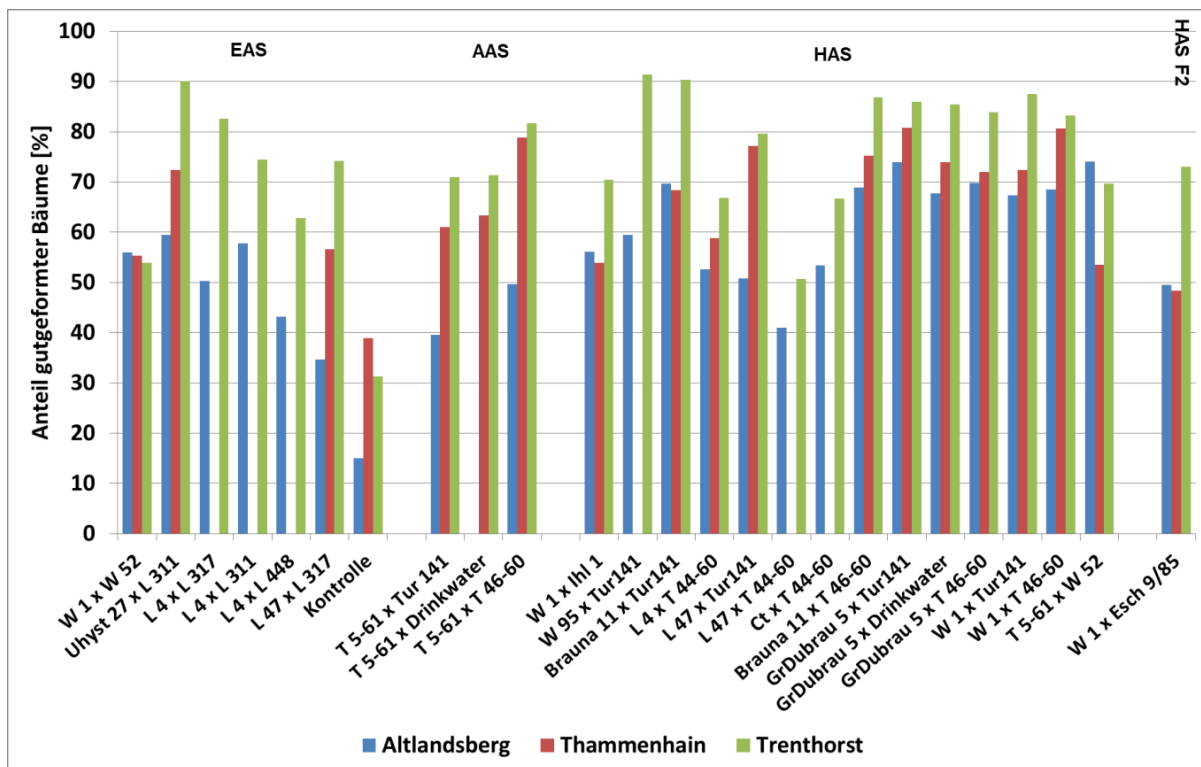


Abbildung 3: Anteil gutgeformter Bäume (Noten 1 und 2) der Nachkommenschaften nach 8 Jahren (EAS=Europäische Aspe, AAS=Amerikanische Aspe, HAS=Hybridaspfe, HAS-F2=F2-Hybride)

Tabelle 3: Leistung aussichtsreicher Hybridaspfen relativ bezogen zur besten Europäischen Aspe im jeweiligen Versuch (Prozent)

Nachkommenschaft	AS10/1		AS10/2		Bio11	
	Höhe	Trockenmasse	Höhe	Trockenmasse	Höhe	Trockenmasse
Brauna 11 x Tur 141**	130*	234*	110	235*	112*	120*
Brauna 11 x T 46-60	139*	298*	116	242*	115*	139*
GrDubrau 5 x Tur 141**	130*	170	108	187*	110	107
GrDubrau 5 x Drinkwater	143*	258*	110	235*	122*	134*
GrDubrau 5 x T 46-60	143*	274*	116	254*	123*	169*
W 1 x Tur 141	143*	273*	110	262*	120*	178*
W 1 x T 46-60	140*	266*	114	283*	118*	164*
W 1 x Ihl 1	139*	251*	106	175*	104	112
W 95 x Tur 141	111	204*			105	117
L 4 x T 44-60	117	133	110	184*	104	137*
T 5-61 x W 52	140*	261*	113	219*	114*	158*

*signifikant (P=5%) der beste Familie reiner Europäischer Aspe überlegen

**bereits in der Kategorie „Geprüft“ zugelassen

In Tabelle 3 sind für ausgewählte Hybridfamilien die relativen Leistungen bezogen auf die jeweils beste Europäische Aspe dargestellt. Auch bei dieser Darstellung wird die überlegene Wuchsleistung der Hybridaspfen deutlich. Bei Betrachtung der Signifikanzen fällt die Höhenwuchsleistung auf der Fläche in Thammenhain (AS10/2) auf, wo es keine signifikante Überlegenheit der Hybriden gibt. Trotzdem liegen deren Werte tendenziell immer über denen für die beste Europäische Aspe. Formal erfüllen alle dargestellten Nachkommenschaften die Kriterien für die Zulassung in der Kategorie „Geprüft“ nach Forstvermehrungsgutgesetz. Aus Sicht des Züchters ist es aber wünschenswert, dass nur Material, das in sich möglichst viele positive Eigenschaften vereint, zugelassen wird. Eine Möglichkeit für eine solche komplexe Bewertung stellen Selektionsindizes dar (Abbildung 4). Von besonderem Interesse sind hier die Familien, die auf allen Versuchsflächen deutlich positive Indizes erreichen. Diese sind in der Abbildung 4 mit einem Pfeil gekennzeichnet. Zwei dieser Familien sind bereits zugelassen. Es handelt sich um Brauna 11 x Tur 141 (Holsatia) und GrDubrau 5 x Tur 141 (Juwel 2). Bei den reinen Europäischen Aspen erreicht als einzige Ausnahme die Familie Uhyst 27 x L 311 (zugelassen als Graupa 2) auf zwei Flächen positive Werte. Wegen der geringen Anzahl von Kombinationen je Elternbaum ist es schwierig, Aussagen über die allgemeine Kombinationseignung zu treffen.

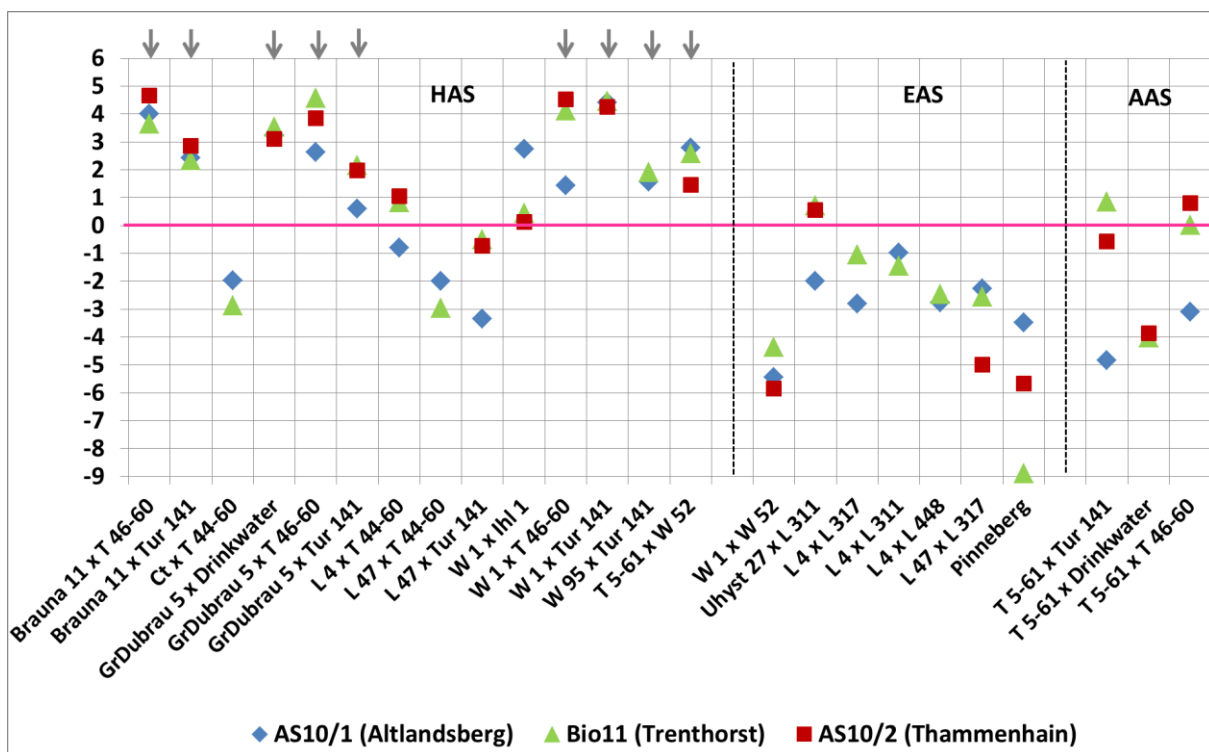


Abbildung 4: Selektionsindizes der Nachkommenschaften auf den einzelnen Versuchsflächen

Diskussion

Die dargestellten Ergebnisse belegen das hohe Ertragspotential der Hybridaspfen eindrücklich. Biomasseleistungen, die die reinen Arten um bis 150 % übertreffen, sprechen eine deutliche Sprache. Auch in anderen Untersuchungen konnte das sehr gute Wachstum der Hybridaspfen beobachtet werden (HART et al. 2013, YU et al. 2001).

Das Leistungsniveau der einzelnen Nachkommenschaften spiegelt die Qualität des jeweiligen Standorts wieder. Auf den Flächen in Thammenhain und Trenthorst liegt das Höhenwachstum der Hybriden im Schnitt um 2,5 m höher als in Altlandsberg. Bei den reinen Arten ist die Mehrleistung noch deutlicher.

Neben der geringeren Standortgüte hat sich auf der Fläche In Altlandsberg auch der zu Anfang starke Verbiss durch Rehwild negativ ausgewirkt.

Ein Ziel der diesen Versuchen zugrundeliegenden Arbeiten war es, geeignete Plusbäume für die Zulassung als geprüfte Familieneltern gemäß dem Forstvermehrungsgutgesetz zu identifizieren. Bereits die achtjährigen Ergebnisse der Versuche zeigen eindrücklich, dass dieses Ziel erreicht werden kann, auch wenn für die endgültige Zulassung die Ergebnisse nach zehnjähriger Versuchsdauer vorliegen müssen.

Die hier vorgestellten Versuche sind in einem für Aspen sehr engen Pflanzverband (2,0 x 0,75 m) angelegt worden. Dieser Verband wurde gewählt, da die Zielstellung zu Beginn der Arbeiten in der Züchtung von Vermehrungsgut, das sich für den Energieholzanbau in kurzen Umtriebszeiten eignet, lag. Da bereits nach einigen Jahren Versuchsdauer absehbar war, dass aufgrund der Förderpolitik im Bioenergiebereich der Anbau von Bäumen im Kurzumtrieb keinen signifikanten Stellenwert haben wird, wurde beschlossen die geplante Umtriebszeit der Versuche zu verlängern. Deshalb wurden die Versuche in Altlandsberg und Trenthorst nach sechs Jahren durchforstet. Dabei wurde die Stammzahl auf ungefähr die Hälfte der ursprünglichen Anzahl reduziert. Bei der Ermittlung der Biomasseleistung wurde diese Vornutzung miteinberechnet, trotzdem waren die absoluten Werte auf der noch vollbestockten Fläche in Thammenhain im Vergleich zu der Fläche in Trenthorst mit ähnlicher Bodengüte nach acht Jahren deutlich höher.

Bei LIESEBACH et al. (2000) erreichten die besten Hybridaspfen Trockenmasseerträge von 8 -11 t je Hektar und Jahr auf einem sandig bis lehmigen Pseudogley nach zehnjähriger Standzeit. Diese Erträge sind mit denen der lehmigen Standorte der hier vorliegenden Untersuchung vergleichbar. Bei längeren Umtriebszeiten wird sich der jährliche Biomasseertrag wohl nicht weiter steigern lassen. Es können dann aber bereits auch Industrieholzsortimente für eine stoffliche Nutzung erzeugt werden. Außerdem kann bei solchen Anbausystemen von Anfang an mit weiteren Pflanzverbänden operiert werden.

In unseren Versuchen hat sich auch gezeigt, dass die Hybridaspfen relativ wenig von *Melampsora*-Blattrost befallen werden (GRIMRATH et al. 2015). Einer dieser Blattroste, *Melampsora pinitorqua*, ruft bei der Kiefer den Drehrost hervor, der zu einer erhebliche Holzentwertung führen kann. Das war ein Grund dafür, dass in Gebieten mit viel Kiefernwald, die Aspe in führen Jahrzehnte stark dezimiert wurde. Die für diesen Pilz wenig anfällige Hybridaspe kann ohne Bedenken in Kieferngebieten angepflanzt werden.

Die Eigenschaft der Hybridaspe, nach der Holzernte leicht Wurzelbrut zu bilden, ermöglicht es, diese Baumart ohne großen Aufwand natürlich zu verjüngen. Entsprechende Bewirtschaftungsverfahren wurden in Schweden entwickelt und erprobt (RYTTER 2006). Dabei wird eine frühzeitige Ernte von Biomasse mit konventioneller Bewirtschaftung zur Stammholzproduktion kombiniert.

Fazit und Ausblick

Die bisher gewonnenen Ergebnisse belegen, dass Hybridaspfen über ein hohes Ertragspotenzial verfügen und sich aufgrund ihres schnellen Jugendwachstums für den Anbau in kurzen und mittleren Umtriebszeiten eignen. Ihre gute Wuchsleistung tritt auch auf trockenen, armen und kontinental beeinflussten Standorten zutage. Sie sind wenig anfällig gegenüber *Melampsora*-Blattrost. Durch Ihre einfache Kreuzbarkeit bestehen gute Möglichkeiten für weitere Ertragssteigerungen durch Züchtung.

Die im Rahmen der FastWOOD-Projekte angelegten Nachkommenschaftsprüfungen bieten gute Voraussetzungen für die Zulassung weiterer Familieneltern entsprechend den Regelungen des Forstvermehrungsgutgesetzes. Ebenfalls können in diesen Nachkommenschaftsprüfungen neue Klone selektiert werden. Um die Vorteile der Klonselktion optimal nutzen zu können, ist eine Verbesserung der Möglichkeiten der vegetativen Vermehrung der Hybridaspe erforderlich. Als Grundlage für weitere Kreuzungsarbeiten ist der Aufbau von Zuchtpopulationen der Amerikanischen Aspe notwendig. Entsprechende Plusbäume können in einigen Jahren in den Nachkommenschaften der Amerikanischen

Aspen der Versuchsserie von 2010 selektiert werden. Denkbar ist es auch, Saatgut verschiedener Herkünfte aus dem großen nordamerikanischen Verbreitungsgebiet dieser Art für die Anlage eines Herkunftsversuchs zu beschaffen und später in diesem Versuch geeigneten Plusbäumen zu selektieren. Für die Europäische Aspe gilt, dass bestehende Zuchtpopulationen erhalten und durch neue Selektionen insbesondere in Nachkommenschaftsprüfungen und in Populationen auf trockenen und warmen Standorten erweitert werden.

Weiterhin muss daran gearbeitet werden, die Verfügbarkeit von hochwertigem Vermehrungsgut bei Aspe zu verbessern. Neben wiederholten gelenkten Kreuzungen zugelassener Familieneltern unter kontrollierten Bedingungen und der forcierten Klonvermehrung ist auch der Aufbau von Samenplantagen denkbar.

Literatur

- DOMKE GM, DAVID AJ, D'AMATO AW, EK AR, WYCOFF GW (2011) Hybrid aspen response to shearing in Minnesota: implications for biomass production. *Northern Journal Appl. Forestry* 28: 117-122.
- DUNGEY HS (2001) Pine hybrids — a review of their use performance and genetics. *Forest Ecology and Management* 148: 243-258.
- GRIMRATH A, MÜLLER-NAVARRA A, SCHNECK V, LIESEBACH M (2015) Vorkommen von Pappelrost an Aspen und Grau-Pappeln in Kurzumtriebsplantagen. *Forstarchiv* 86: 155-158.
- HART JF, DE ARAUJO F, THOMAS BR, MANSFIELD SD (2013) Wood Quality and Growth Characterization across Intra- and Inter-Specific Hybrid Aspen Clones. *Forestry* 2013/4: 786-807.
- JOACHIM H-F (1991) Hybridaspfen - schnellwüchsige, leistungsfähige und vielseitig einsetzbare Baumarten. IFE-Berichte aus Forschung und Entwicklung 22: 47 S.
- JOHANSSON H (1976) Das Produktionspotential der Hybridaspfe (*Populus tremula x Populus tremuloides*) in Südschweden. *Die Holzzucht* 3: 19-22.
- LANGHAMMER A (1976) Die Zukunft der Gattung *Populus* in Norwegen. *Die Holzzucht* 30: 22-24.
- LANGNER W, SCHNECK V (1998) Ein Beitrag zur Züchtung von Hybridlärchen (*Larix x eurolepis* Henry). J.D. Sauerländer's Verlag, Frankfurt am Main: 159 S.
- LI B, WYCKOFF GW, EINSPAHR DW (1993) Hybrid aspen performance and genetic gains. *Northern Journal Appl. Forestry* 10: 117-122.
- LIESEBACH M (ed) (2015) FastWOOD II: Züchtung schnellwachsender Baumarten für die Produktion nachwachsender Rohstoffe im Kurzumtrieb - Erkenntnisse aus 6 Jahren FastWOOD. Braunschweig: Johann Heinrich von Thünen-Institut, Thünen Rep 26: 210 S.
- LIESEBACH M, WÜHLISCH G v., MUHS H-J (1999) Aspen for short rotation coppice plantations on agricultural sites in Germany. Effects of spacing and rotation time on growth and biomass production of aspen progenies. *Forest Ecology and Management* 121: 25-39.
- LIESEBACH M, WÜHLISCH G v., MUHS H-J (2000) Überlegenheit von Aspen-Arthybriden bei der Biomasseproduktion im Kurzumtrieb. *Die Holzzucht* 53: 11-18.
- MELCHIOR GH (1985) Züchtung von Aspen und Hybridaspfen und ihre Perspektiven für die Praxis. *Allg. Forst- u. Jagdzeitung* 156: 112-122.
- MOHRDIEK O (1977) Hybridaspfen für forstliche Grenzertragsböden. *Forstarchiv* 48: 158-163.
- POTTS BM, DUNGEY HS (2004) Interspecific hybridization of Eucalyptus: key issues for breeders and geneticists. *New Forest* 27: 115-138.
- RYTTER L (2006) A management regime for hybrid aspen stands combining conventional forestry techniques with early biomass harvests to exploit their rapid early growth. *Forest Ecology and Management* 236: 422-426.
- TULLUS A, RYTTER L, TULLUS T, WEIH M, TULLUS H (2012): Short-rotation forestry with hybrid aspen (*Populus tremula* L. x *P. tremuloides* Michx.) in Northern Europe. *Scandinavian Journal of Forest Research* 27: 10-29.
- WEIßGERBER H (1983) Wuchsverhalten und Anbaumöglichkeiten einiger neu zum Handel zugelassener Balsampappeln und Aspen. *Die Holzzucht* 37: 2-10.

WETTSTEIN W v. (1933) Die Kreuzungsmethode und die Beschreibung von F₁-Bastarden bei *Populus*. Z. f. Pflanzenzüchtung, Reihe A: 597-626.

YU Q, TIGERSTEDT PMA, HAAPANEN M (2001) Growth and phenology of Hybrid aspen clones (*Populus tremula* L. x *Populus tremuloides* Michx.). *Silva Fennica* 35: 15-25.

Autoren

VOLKER SCHNECK

Thünen-Institut für Forstgenetik, Eberswalder Chaussee 3a, 15377 Waldsiedersdorf
volker.schneck@thuenen.de

Dr. MIRKO LIESEBACH

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

CHRISTIAN HEIMPOLD

Landesbetrieb Forst Brandenburg, Heinrich-Mann-Allee 103 - Haus 5, 14473 Potsdam

Anwendung des SINE-basierten Markersystems ISAP zur Identifizierung von Pappelklonen

BIRGIT REICHE, MARIE BRÜCKNER, ANJA KÖGLER, BEATRICE WEBER, KRISTIN MORGENSTERN, KATHRIN M. SEIBT, TONY HEITKAM, MATTHIAS MEYER, UTE TRÖBER, HEINO WOLF, THOMAS SCHMIDT und DORIS KRABEL

Zusammenfassung

Eine schnelle, einfache und zuverlässige Identifizierung von Genotypen ist die Grundvoraussetzung für eine erfolgreiche Züchtungsforschung. Insbesondere für Baumarten, die über Artgrenzen hinaus fertile Nachkommen zeugen können, ist die Differenzierung anhand morphologischer Merkmale häufig nur unzureichend möglich.

Die Gattung der Pappeln (*Populus spec.*) hat in den letzten Jahrzehnten zunehmend an Bedeutung gewonnen. Aufgrund ihres schnellen Wachstums und ihres hohen Ausschlagvermögens eignen sie sich besonders für die Biomasseproduktion auf landwirtschaftlichen Flächen. Aus diesem Grund sind Pappeln bereits seit über einem Jahrhundert Gegenstand von Kreuzungs- und Züchtungsarbeiten. Es stehen zahlreiche Pappelgenotypen (Klone) zur Verfügung, die aus intra- und interspezifischen Kreuzungen hervorgegangen sind. Eine Voraussetzung für einen erfolgreichen Züchtungsansatz ist dabei die eindeutige Genotypisierung des Ausgangsmaterials sowie der Züchtungsprodukte.

Unterschiede zwischen den Genotypen sind beispielsweise durch Insertions-Polymorphismen von Retrotransposons zu erwarten. Um diese für die Klon-Identifizierung zu nutzen, wurden aus dem Genom der Aspe (*Populus tremula*) Short Interspersed Nuclear Elements (SINEs) identifiziert. SINEs sind kurze, nicht-kodierende Retrotransposons, die sich unter anderem durch ihre disperse Genom-Verteilung auszeichnen. Auf der Grundlage dieser SINE-Sequenzen wurden molekulare Marker entwickelt, welche die DNA-Abschnitte zwischen zwei benachbarten SINEs amplifizieren. Die anschließende Auftrennung entsprechend ihrer Größe im Agarosegel oder in der Kapillarelektrophorese erzeugt dabei individuelle Bandenmuster, die eine Unterscheidung der entsprechenden Genotypen ermöglichen. Dieses *Inter-SINE Amplified Polymorphism* (ISAP)-Markersystem nutzt die Genotyp-spezifische Verteilung der SINEs auf allen Chromosomen. Dabei können mit Hilfe weniger Marker große Teile des Genoms erfasst werden.

Anhand von 16 kommerziell genutzten Klonsorten soll die Funktionsweise der ISAP-Marker vorgestellt werden. Es wird gezeigt, dass durch den Einsatz eines einzelnen Markers alle 16 untersuchten Genotypen eindeutig voneinander differenzierbar sind. Die Erweiterung um zwei weitere Primerkombinationen liefert zusätzliche Informationen und lässt Aussagen über den genetischen Hintergrund der Kreuzungen zu.

Schlüsselworte: *Populus*, Retrotransposon, repetitive DNA, molekulare Marker

Abstract

Application of SINE-based ISAP markers for the identification of poplar clones

The fast, simple and reliable identification of genotypes is the precondition for breeding research. Especially for tree species which can produce fertile offspring beyond species boundaries, the differentiation based on morphological characteristics is often insufficient.

The poplar genus (*Populus spec.*) has become increasingly important during the last decades. Due to the rapid growth and the high excursive capacity, poplars are particularly suitable for biomass production on

agricultural land. For this reason, poplars have been the subject of crossbreeding for more than a century. There are numerous poplar genotypes (clones) available, resulting from intra- and interspecific crossings. A precondition for a successful breeding approach is the unambiguous genotyping of the starting material and the breeding products.

Differences between genotypes can be expected, for example, from insertion polymorphisms of retrotransposons. In order to use these polymorphisms for the clone identification, *Short Interspersed Nuclear Elements* (SINEs) were identified in the genome of aspen (*Populus tremula*). SINEs are short, non-coding retrotransposons characterized by their disperse genome distribution. Based on these SINE sequences, molecular markers have been developed that amplify the DNA fragments between two adjacent SINEs. Amplicons are separated according to their size in an agarose gel or by capillary electrophoresis. This results in characteristic banding patterns, which allow the differentiation of the corresponding genotypes. These *Inter-SINE Amplified Polymorphism* (ISAP) markers use the genotype-specific distribution of SINEs on all chromosomes. Therefore, large parts of the genome can be detected with only a few markers.

The functionality of the ISAP markers will be presented using 16 commercial clone varieties. Our investigation shows that by using one single marker, all 16 genotypes examined can be clearly differentiated from each other. The application of two further primer combinations provides additional information and allows conclusions to be drawn about the genetic background of the crossings.

Keywords: Retrotransposon, *Populus*, repetitive DNA, molecular markers

Einleitung

Die Identifizierung von Pappelgenotypen spielt in der Züchtungsforschung und beim Anbau von Energieholz auf Kurzumtriebsflächen eine entscheidende Rolle. Eine einfache und schnelle Methode zur eindeutigen Identifizierung und Überprüfung von Pflanzenmaterial ist für die Produzenten und Verbraucher von Vermehrungsgut von größter Wichtigkeit. Morphologische Merkmale sind hierfür unzureichend, da sie auf Grund ihrer Variabilität subjektiv und fehlerbehaftet sind (LIESEBACH et al. 2010; LIU et al. 2016). Deshalb wird zur Differenzierung von Pappelklonen auf molekulare Marker zurückgegriffen. Beispielsweise bietet die Untersuchung der Chloroplasten-DNA eine einfache und schnelle Methode, um den mütterlichen Kreuzungseltern zu identifizieren. Jedoch können Genotypen, mit identischen maternalen Kreuzungspartnern, auf diese Weise nicht differenziert werden (KONNERT et al. 2006). Darum wurden in den vergangenen Jahrzehnten zahlreiche Ansätze zur Anwendung von Kernmarkern für die Genotypisierung von Pappel entwickelt und etabliert, so z.B. *Randomly Amplified Polymorphic DNA* (RAPDs; RAJORA und RAHMAN 2003), *Amplified Fragment Length Polymorphism* (AFLPs; FOSSATI et al. 2005), *Simple Sequence Repeat* (SSR-Marker, Mikrosatelliten; RAJORA & RAHMAN 2003; KONNERT et al. 2006; DE-LUCAS et al. 2008; LIESEBACH et al. 2010; DEWOODY et al. 2015) und *Single Nucleotide Polymorphisms* (SNPs; SCHRÖDER et al. 2017). Diese Verfahren sind jedoch mit einem erheblichen Arbeitsaufwand und/oder mit der Anschaffung einer kostenintensiven Laborausstattung verbunden.

Retrotransposons zählen zu den repetitiven DNA-Elementen und machen einen großen Anteil des Erbgutes in eukaryotischen Zellen aus. Ihre Kopien liegen dispers über das gesamte Genom verteilt vor (FINNEGAN 1989), was sie besonders interessant für die Ableitung molekularer Marker macht. Für die Identifizierung und Differenzierung von Kartoffelgenotypen wurde das auf *Short Interspersed Nuclear Elements* (SINEs) basierende Markersystem *Inter-SINE Amplified Polymorphism* (ISAP) etabliert und getestet (SEIBT et al. 2012). In der vorliegenden Untersuchung soll die Übertragbarkeit auf die Gattung *Populus* überprüft werden. Mit Hilfe der Anwendung des *SINE-Finders* (WENKE et al. 2011) können SINE-Kopien in den Genomsequenzen von Pflanzen an Hand ihrer Strukturmerkmale identifiziert werden. Für die ISAP werden auswärts gerichtete Primer abgeleitet, die in einer Standard-PCR an den SINE-Kopien binden und somit die DNA-Bereiche zwischen zwei benachbarten Kopien vervielfältigen. Die dadurch

entstehenden Fragmente bilden Genotypen-spezifische Bandenmuster, die gelelektrophoretisch aufgetrennt werden können. Die SINE-Struktur und das Prinzip der ISAP sind in Abbildung 1 schematisch dargestellt.

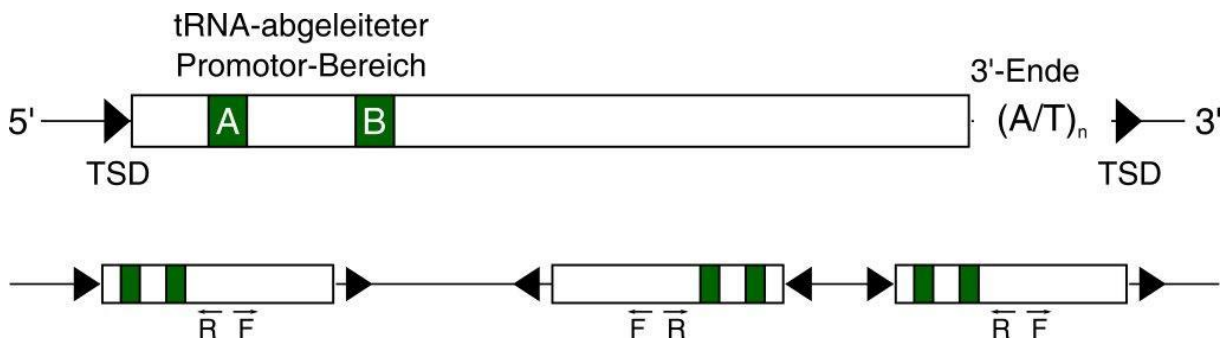


Abbildung 1: Strukturelle Merkmale von Short Interspersed Nuclear Elements (SINEs), sowie Funktionsweise der Inter-SINE Amplified Polymorphism (ISAP)-Marker. Oben: Aufbau des SINEs mit tRNA abgeleitete 5'-Region mit Promotormotiven (Box A und Box B, grün), variablem nicht- t-RNA bezogenem Bereich und einen Poly A/T-Schwanz am 3'-Ende. Flankiert werden SINEs durch die beidseits identischen Sequenzwiederholungen (target site duplications, TSD). Unten: Für die ISAP-Analysen werden an der Ziel-DNA die Bereiche zwischen benachbarten SINE-Kopien über PCR amplifiziert und die Amplikons durch Elektrophorese aufgetrennt. Die Lage der Vorwärts- (F) und Rückwärtsprimere (R) ist schematisch dargestellt (SEIBT et al. 2012).

Im Rahmen dieser Arbeiten wurde die SINE-Fraktion aus der Genom-Assemblierung der Zitterpappel (*Populus tremula*) bioinformatisch identifiziert und auf die Anwendbarkeit als molekulare Marker getestet werden. Dafür wurden von geeigneten SINE-Familien Primer abgeleitet und an 16 intra- und interspezifischen Pappelklonen getestet.

Material und Methoden

Pflanzenmaterial

Es wurde Pflanzenmaterial von 16 Pappelklonen untersucht, die in Deutschland zum Anbau auf Kurzumtriebsplantagen Verwendung finden. Die ausgewählten Klone, ihre Kreuzungseltern sowie die jeweiligen Zuchtnummern (falls vorhanden) sind in Tabelle 1 zusammengefasst. Somit standen Blätter oder Knospen von insgesamt zwei intraspezifischen, neun interspezifischen und fünf intersektionellen Kreuzungen zur Verfügung.

Entwicklung der ISAP-Marker

Die Genomsequenz der Zitterpappel (*Populus tremula*) wurde von der Datenbank PopGenIE.org (SJÖDIN et al. 2009) bezogen und diente als Grundlage für die Identifizierung von SINEs mit Hilfe der SINE-Finder Software (WENKE et al. 2011; KÖGLER et al. im Druck). Extrahierte Sequenzen wurden zu SINE-Familien (≥ 60 % Identität zum Konsensus) zusammengefasst (WENKE et al. 2011). Für jede SINE-Familie wurden mittels BLAST-Analyse (ALTSCHUL et al. 1990) die Gesamtkopienzahl im Genom abgeschätzt und die Identitätswerte berechnet. Diese Identitätswerte wurden durch paarweisen Sequenzabgleich aller Vollängen-Kopien mit der Konsensus-Sequenz bestimmt und spiegeln die genetische Vielfalt der einzelnen SINE-Familien wider. Zur Ableitung der auswärts gerichteten Primer wurden Familien mit hohen Kopienzahlen (> 200) und hohen Identitätswerten (≥ 70 %) ausgewählt. Die abgeleiteten Primer liegen im variablen 3' Bereich um eine Bindung an t-RNA-Gene zu vermeiden.

Tabelle 9: Untersuchungsmaterial für ISAP-Anwendung mit Zuchtnummer, Kreuzungseltern, Art der Kreuzung und Herkunft des Pflanzenmaterials (n.a.= keine Zuchtnummer vorhanden, TI= Thünen Institut, Großhansdorf, NWFVA= Nordwestdeutsche forstliche Versuchsanstalt, Hann. Münden)

Klon-bezeichnung	Zucht-nummer	Kreuzung	Art der Kreuzung	bereitgestellt von
960	n.a.	<i>P. deltooides</i> × <i>P. maximowiczii</i>	intersektionell	THÜNEN
AF2	n.a.	<i>P. nigra</i> × <i>P. deltooides</i>	interspezifisch	NW-FVA
Bakan	95309	<i>P. maximowiczii</i> × <i>P. trichocarpa</i>	interspezifisch	NW-FVA
Fastwood1	95307	<i>P. maximowiczii</i> × <i>P. trichocarpa</i>	interspezifisch	NW-FVA
Fastwood2	95308	<i>P. maximowiczii</i> × <i>P. trichocarpa</i>	interspezifisch	NW-FVA
Fritzi Pauley	95205	<i>P. × trichocarpa</i>	intraspezifisch	THÜNEN
H275	95302	<i>P. maximowiczii</i> × <i>P. trichocarpa</i>	interspezifisch	THÜNEN
Matrix11	95304	<i>P. maximowiczii</i> × <i>P. trichocarpa</i>	interspezifisch	NW-FVA
Matrix24	95305	<i>P. maximowiczii</i> × <i>P. trichocarpa</i>	interspezifisch	NW-FVA
Matrix49	95305	<i>P. maximowiczii</i> × <i>P. trichocarpa</i>	interspezifisch	NW-FVA
Max1	96102	<i>P. nigra</i> × <i>P. maximowiczii</i>	intersektionell	NW-FVA
Max2	n.a.	<i>P. nigra</i> × <i>P. maximowiczii</i>	intersektionell	NW-FVA
Max3	96103	<i>P. nigra</i> × <i>P. maximowiczii</i>	intersektionell	NW-FVA
MuhleLarsen	95203	<i>P. × trichocarpa</i>	intraspezifisch	NW-FVA
Rochester	96001	<i>P. nigra</i> × <i>P. maximowiczii</i>	intersektionell	THÜNEN
Skado	n.a.	<i>P. maximowiczii</i> × <i>P. trichocarpa</i>	interspezifisch	NW-FVA

DNA-Analysen

Die DNA wurde mit dem Qiagen DNeasy Plant Kit (Deutschland) aus Blättern oder Knospen entsprechend der Herstellerangaben extrahiert. Lediglich der Elutions-Schritt wurde wiederholt durchgeführt und auf 10 Minuten pro Durchgang verlängert. Nach der Extraktion wurde die DNA in einem zusätzlichen Reinigungsschritt mit Isopropanol (v/v 75 %) und 3 M Natriumacetat gefällt und durch zwei Waschschriffe mit Ethanol (v/v 75 %) aufgereinigt. Das entstandene Pellet wurde in 1 x TE (Tris und EDTA)-Puffer gelöst.

Die ISAP wurde nach SEIBT et al. (2012) und WENKE et al. (2015) durchgeführt und wie hier beschrieben für Pappel modifiziert. Die Auftrennung der amplifizierten DNA-Fragmente erfolgte in einem 2%-igen Gel aus Agarose (Electran® VWR, Germany) und wurde im Peqlab PerfectBlue™ Gelsystem (VWR, Germany) in TBE-Puffer bei 70 V für 2 Stunden durchgeführt. Die Gele wurden anschließend eine Stunde lang mit GelRed® (Biotium, USA) nachgefärbt. Die Bilder wurden mit dem Dokumentationssystem Biovision (Modell 1000/26MX; Viber Lourmant; Deutschland) aufgenommen.

Datenanalyse

Zur Analyse der Bandenmuster wurden die Gelbilder in die Datenbank *Bionumerics* (Applied Maths NV, Belgien) importiert, wobei jede Primerkombination ein Experiment darstellt. Die Bandenerkennung erfolgte automatisch durch die Software und wurde visuell überprüft und korrigiert. Die Bandenmuster

wurden an Hand der Standards normalisiert und den jeweiligen Individuen zugeordnet. Für die Erstellung der 0/1-Matrix wurden die Banden verschiedenen Bandenklassen zugeordnet. Mittels eines Composite Datasets konnte der Jaccard-Koeffizient berechnet werden. Zur Visualisierung der Ergebnisse wurde unter Anwendung der *Unweighted Pair Group Methode* mit *Arithmetic Mean* (UPGMA) ein Dendrogramm basierend auf den Dice-Indizes der Bandenmuster aller drei Primerkombinationen (Composite Dataset) erstellt.

Ergebnisse

Insgesamt wurden über 4400 SINE-Volllängenkopien im Genom von *Populus tremula* identifiziert und basierend auf ihren Sequenz-Identitäten in sieben Familien zusammengefasst (KÖGLER et al. im Druck). Besonders variable Familien wie SaliS-IV wurden in Subfamilien gegliedert. So wurden beispielsweise Kopien aus den Subfamilien SaliS-IV.1 sowie SaliS-IV.3 detektiert.

Von den drei Familien mit hohem Identitätswert (> 70 %) und hoher Kopienanzahl (> 200), SaliS-I, SaliS-III und SaliS-IV wurden auswärts gerichtete Primer abgeleitet. Dabei entstanden für die SaliS-I und SaliS-III-Familien je zwei Primer, während für die (Sub-)Familie SaliS-IV insgesamt fünf Primer abgeleitet wurden. Da die Primer unabhängig ihrer Familie und Ausrichtung kombiniert werden können, wurden 45 mögliche Primerkombinationen getestet. Für die weitere Untersuchung wurden die Primerkombinationen ausgewählt, die ein informatives Bandenmuster erzeugten. Auswahlkriterien waren eine hohe Bandenanzahl, ein großer Anteil polymorpher Banden, eine gleichmäßige Bandenverteilung über den gesamten Größenbereich sowie eine ausgewogene Bandenintensität.

In der vorliegenden Untersuchung sollen die Ergebnisse drei besonders informative Bandenmuster, SaS-I_for/SaS-III_rev, SaS-I_rev/SaS-IV_rev und SaS-III_rev/SaS-IV1b_for dargestellt werden. Kenngrößen zu den amplifizierten Fragmenten sowie den Jaccard-Ähnlichkeitsindizes sind in Tabelle 2 zusammengefasst.

Tabelle 2: Ergebnisse der ISAP-Analysen von 16 Pappelklonen

Primerkombination	Größenbereich	Anzahl Bandenklassen	Gesamtzahl Banden	Banden pro Probe			Jaccard-Index [%]		
				Min	Max	σ	Min	Max	σ
SaS-I_for/SaS-III_rev	142-2724	24	132	2	10	8,3	0	81,82	32,14
SaS-I_rev/SaS-IV_rev	216-2806	26	151	2	13	10,0	0	91,67	32,25
SaS-III_rev/SaS-IV1b_for	193-2699	25	138	4	15	8,9	0	75,00	26,90

Bereits durch den Einsatz einer einzelnen Primerkombinationen wird die Differenzierung der untersuchten Klone ermöglicht. In Abbildung 2 sind beispielsweise die Bandenmuster der Pappelgenotypen für die Primerkombination SaS-III_rev/SaS-IV1b_for nach gelelektrophoretischer Auftrennung dargestellt.

Für die dargestellte Primerkombination SaliS-III_rev/SaliS-IV1b_for wurden zwischen vier und zehn Banden pro Individuum in einem Größenbereich zwischen 190 bp und 2700 bp amplifiziert. Insgesamt wurden mit dieser Primerkombination 138 Banden in 25 Bandenklassen erfasst.

Der Klon 960 besitzt mit zwei bis vier Banden bei allen drei untersuchten Primerkombinationen die geringste Bandenanzahl. Die maximale Ähnlichkeit zwischen zwei Genotypen wurde mit 91,67 % für die Primerkombination SaS-I_rev/SaS-IV_rev zwischen den Klonen Matrix 11 und Bakan berechnet, welche beide aus einer Kreuzung von *Populus maximowiczii* × *Populus trichocarpa* stammen.

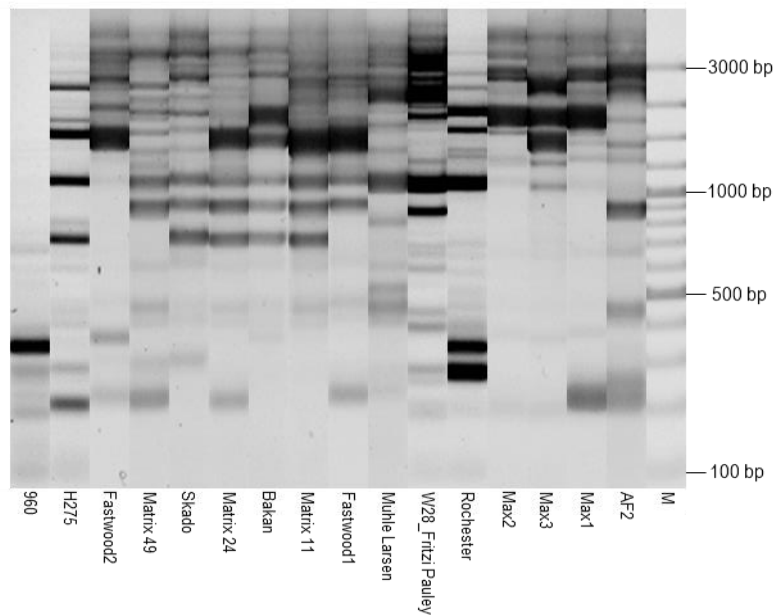


Abbildung 2: Bandenmuster von 16 Pappelklonen, die mit der Primerkombination SaS-III_rev/SaS-IV1b_for untersucht wurden, nach elektrophoretischer Auftrennung in 2%igem Agrarosegel. Jede Spur entspricht einem Genotyp, M= Größenstandard 100bp+

Die kombinierte Clusteranalyse basiert auf den Bandenmustern aller drei Primerkombinationen und wurde in einem Dendrogramm sowie einer Ähnlichkeitsmatrix visualisiert (Abbildung 3). Jeder Ast entspricht einem Genotyp. Mit der Anwendung von drei Markern sinkt die maximale Ähnlichkeit, welche erneut zwischen den Klonen Matrix 11 und Bakan beobachtet wird, auf 87 %. Es sind zwei Untergruppierungen innerhalb des Dendrogramms erkennbar, in denen jeweils Kreuzungen mit ähnlichem genetischem Hintergrund eingeordnet werden:

- (1) Die erste Gruppe beinhaltet alle Kreuzungen mit mindestens einem *P. trichocarpa*-Elter. Innerhalb dieses Sub-Clusters grenzen sich, mit Ausnahme von H275, die *P. maximowiczii* × *P. trichocarpa*-Kreuzungen von den *P.* × *trichocarpa*-Kreuzungen ab.
- (2) Die zweite Gruppe enthält alle Kreuzungen mit einem *P. nigra*-Elter, wobei sich die *P. nigra* × *P. maximowiczii*- Nachkommen (Max-Klone und Rochester) zueinander ähnlicher sind als zum *P. nigra* × *P. deltoides*- Klon AF2.

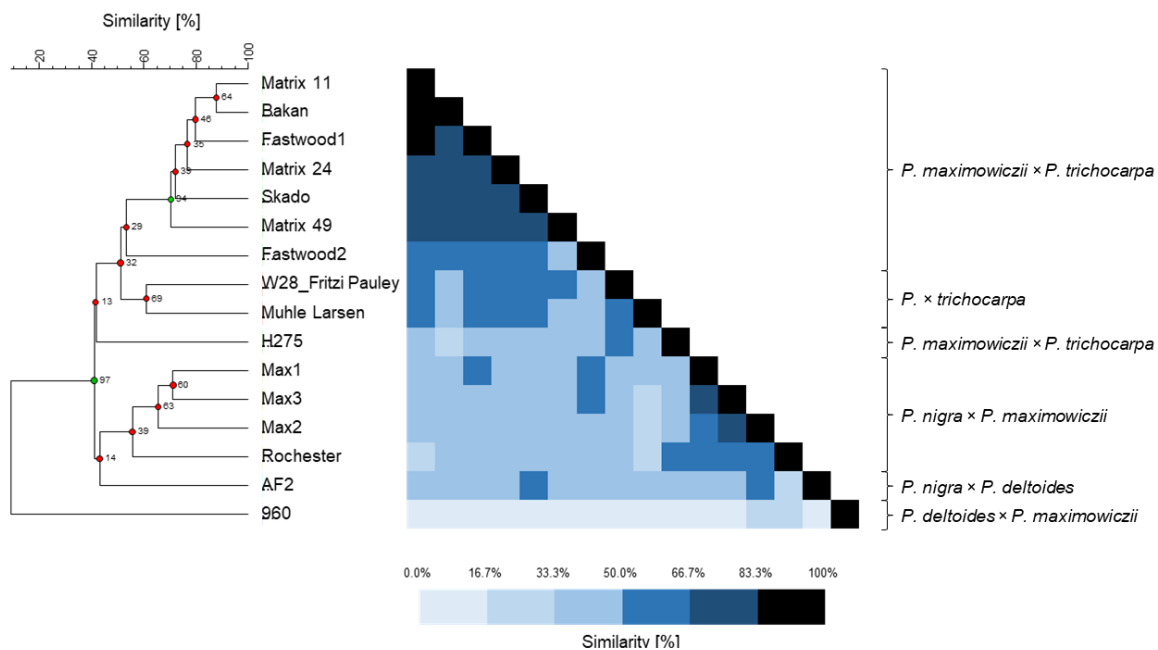


Abbildung 3: Dendrogramm und Ähnlichkeitsmatrix basierend auf den Dice-Ähnlichkeitskoeffizienten von drei ISAP-Primerkombinationen (SaS-I_for/SaS-III_rev, SaS-I_rev/SaS-IV_rev; SaS-III_rev/SaS-IV1b_for), berechnet mit der UPGMA-Methode. Jeder Zweig entspricht einem Genotyp. An den Verzweigungen sind Bootstrap-Informationen basierend auf 1000 Wiederholungen angeführt. Die Matrix visualisiert die paarweisen Ähnlichkeiten der Genotypen. Ähnlichkeitswerte sind der Skala entsprechend farblich abgestuft, dabei entspricht die Diagonale dem Selbstvergleich. Hinter den Klammern sind die jeweiligen Kreuzungseltern gelistet.

Diskussion

Als Voraussetzung für das *Inter-SINE Amplified Polymorphism* (ISAP)-Markersystem, wurden *Short interspersed nuclear elements* (SINEs) in der Genomsequenz der Aspe (*Populus tremula*) mit dem *SINE-Finder* Suchalgorithmus (WENKE et al. 2011) identifiziert. Es konnten dabei SINE-Kopien aus sieben verschiedenen Familien identifiziert werden (KÖGLER et al. im Druck).

Um die Eignung der SINE-Familien für die Erstellung von ISAP-Primern zu prüfen, wurde das molekulare Alter der Einzelkopien abgeschätzt. Dabei wird davon ausgegangen, dass sehr junge Elemente vor Kurzem aktiv waren und zu unikalere Insertionsereignissen beigetragen haben. Genau diese können durch die entsprechenden ISAP-Primer als polymorphe Banden abgebildet werden, so wie z.B. für Kartoffeln beschrieben (SEIBT et al. 2012, 2016). Als Basis für die Altersermittlung dient ein Konsensus-Element, ein „durchschnittliches“, künstliches SINE, welches die Familie widerspiegelt. Vorausgesetzt wird die Annahme, dass ein neu integriertes SINE kaum Abweichung vom Konsensus-Element besitzt. Nach der Integration werden in evolutionären Zeiträumen Mutationen angesammelt (PISKUREK et al. 2003). Die SINE-Sequenz weicht schließlich zunehmend vom Konsensus ab und der Identitätswert sinkt. Durch den paarweisen Vergleich der SINE-Kopien mit dem Konsensus konnte nun die Sequenzvariabilität innerhalb einer Familie ermittelt werden. Dabei zeugt eine hohe Abweichung vom Konsensus von einem hohen Alter der Einzelkopie. Ein hoher Identitätswert deutet demnach darauf hin, dass sie relativ junge Kopien besitzen, deren Transposition in jüngerer Vergangenheit stattgefunden hat (DERAGON & ZHANG 2006). Bei den Aspen sind dies vor allem die SINE-Familien SaliS-I, SaliS-III, SaliS-IV.1, SaliS-IV.3, SaliS-VI und SaliS-VII, die einen Identitätswert von über 70% aufweisen (KÖGLER et al. im Druck). Wenn mehrere auf Sequenzebene verschiedene Mitglieder einer Familie transponieren und aktiv neue Kopien erzeugen, kann dies dazu führen, dass eine Einteilung in Unterfamilien sinnvoll wird. Entsprechend lässt sich die SINE-Familie SaliS-IV in Unterfamilien einteilen, von denen zwei (SaliS-IV.1, SaliS-IV.3) in der Aspe vertreten

sind. Dieser Prozess der SINE-Diversifizierung wurde bereits in anderen Pflanzenfamilien wie den *Solanaceae*, den *Amaranthaceae* und den *Poaceae* (WENKE et al. 2011; SCHWICHTENBERG et al. 2016; SEIBT et al. 2016; KÖGLER et al. 2017; FAWCETT & INNAN 2016) beschrieben.

Da insbesondere ein Bedarf zur Unterscheidung und Identifikation von interspezifischen Kreuzungen besteht, ist die Abundanz der untersuchten SINE-Familien in den Genomen anderer Pappelarten eine wichtige Grundvoraussetzung. Studien von KÖGLER et al. (2018; im Druck) zeigten, dass die Familien SaliS-I, SaliS-II und SaliS-III auch in den Genomen von *P. tremuloides*, *P. deltoides*, *P. euphratica* sowie *Salix purpurea* verbreitet sind. Daraus kann geschlussfolgert werden, dass die SINE-Familien bereits vor mindestens 45 Millionen Jahren in den gemeinsamen Vorfahren der Gattungen *Salix* und *Populus* entstanden sind. Da nahezu ausgeschlossen werden kann, dass zufällige Insertionen in zwei verschiedenen Genomen exakt an der gleichen Stelle vorkommen (SHEDLOCK und OKADA 2000), deutet eine ähnliche oder identische SINE-Verteilung in verschiedenen Arten auf eine enge Verwandtschaftsbeziehung hin. Dies konnte in der vorliegenden Untersuchung bestätigt werden. Die inter- und intraspezifischen Pappelkreuzungen wurden mit drei ISAP-Primerkombinationen untersucht. Anschließend wurde eine kombinierte Clusteranalyse auf Grundlage der Bandenmuster durchgeführt. Dabei weisen Individuen mit ähnlichem genetischem Hintergrund eine ähnliche SINE-Ausstattung auf. Wie dem Dendrogramm entnommen werden kann, sind sich diejenigen Genotypen, die von den gleichen Elternarten abstammen, in ihrem Bandenmuster ähnlicher als Individuen, die aus der Kreuzung mit anderen Arten hervorgegangen sind. Für die hier analysierten 16 Genotypen bilden sich zwei Cluster: Gruppe (1) vereint alle Genotypen, die aus einer Kreuzung mit *P. trichocarpa* hervorgegangen sind, wobei sich die intraspezifischen Kreuzungen (Muhle Larsen und W28 Fritz Pauley) von den interspezifischen (mit *P. maximowiczii* als zweitem Elter) abgrenzen. Lediglich der Klon H275 ordnet sich nicht im *P. trichocarpa* × *P. maximowiczii*-Cluster ein. Im Gegensatz zur ersten Gruppe stammen alle Individuen der Gruppe (2) von *P. nigra* ab. Zudem sind die intersektionellen Kreuzungen (Max-Klone und Rochester) zueinander in ihrem Bandenmuster ähnlicher als zu AF2 (*P. nigra* × *P. deltoides*).

Der Klon 960 grenzt sich von den anderen Individuen ab, da sich das Bandenmuster deutlich von denen der anderen Kreuzungen unterscheidet. Zudem fällt auf, dass im Klon 960 bei allen drei Primerkombinationen die wenigsten Fragmente amplifiziert wurden. Dies deutet darauf hin, dass im Genom dieser Kreuzung weniger Kopien der untersuchten SINE-Familien vorhanden sind, bzw. die Abstände zwischen den Primerbindungsstellen sehr weit auseinander liegen. In Folge dessen findet entweder keine vollständige Amplifikation statt oder Fragmente werden gebildet, die außerhalb des auswertbaren Bereichs von 3000 bp (Agarosegel) bzw. 5000 bp (Kapillarelektrophorese) liegen. KÖGLER et al. (im Druck) geben einen guten Überblick der SaliS-Familien im Genom der elterlichen Pappelart *P. deltoides*, die sich durch zahlreiche Kopien von SaliS-I und SaliS-III auszeichnet. Die Kopienanzahl von *P. maximowiczii* und *P. nigra* wurde nicht untersucht.

Es war unser Ziel ein schnelles, robustes und einfaches Markersystem zu entwickeln, mit dem es möglich ist, Pappelgenotypen eindeutig zu differenzieren. Von den drei untersuchten ISAP-Primerkombinationen reicht bereits eine einzige aus, um die 16 Pappelklone an Hand ihres Fingerprints eindeutig zu identifizieren. Jede weitere Primerkombination stärkt den Datensatz und sichert die Zuordnung zusätzlich ab. Die ISAP bildet ein charakteristisches Bandenmuster für jeden untersuchten Genotyp, welches in einer Datenbank in der Software *Bionumerics* als Referenz hinterlegt wurde. Somit ist der Abgleich von unbekanntem oder zu überprüfendem Pflanzenmaterial stets schnell und problemlos möglich. Im Gegensatz zu anderen molekularen Markern ist das Verfahren einfach und mit herkömmlicher Laborausstattung durchzuführen. Die hoch variablen und häufig verwendeten Mikrosatellitenmarker (SSR-Marker) eignen sich ebenfalls zur Klonüberprüfung. Jedoch ist eine höhere Anzahl an SSR-Markern notwendig, um gesicherte Ergebnisse zu erzielen, wodurch der Arbeitsaufwand steigt und/oder eine entsprechende Laborausstattung (beispielsweise für die Multiplex-Auswertung) vorausgesetzt wird. So benötigen RAJORA und RAHMAN (2003) vier SSR-Loci zur Identifizierung von 17 Pappelklonen, FOSSATI et al. (2005) verwendeten sechs SSR-Loci für 66 Klone und LIESEBACH et al. (2010) zehn Loci für 180 Genotypen.

Obwohl eine große Auswahl an SSR-Markern identifiziert und etabliert wurde (GAUDET et al. 2007), ist die Übertragbarkeit zwischen verschiedenen Arten nicht immer möglich (SCHRÖDER et al. 2017). Im Vergleich dazu amplifizieren Multilocus-Marker wie RADPS, AFLPs und ISAPs mehrere DNA-Fragmente mit einem Marker, die in den typischen Fingerprint-Bandenmustern resultieren (RAJORA und RAHMAN 2003; WEISING et al. 2005). In der Studie von RAJORA und RAHMAN (2003) wurde mit RAPDs eine ähnliche Auflösung erreicht, wie wir sie in unserer Untersuchung erzielt haben. 16 von 17 Klonen zeigten einzigartige Bandenmuster mit nur einem Marker. Der Nachteil von RAPD-Markern ist jedoch, dass die Ergebnisse schwierig zu reproduzieren sind, insbesondere auch im Vergleich einer unterschiedlichen Laborinfrastruktur (PENNER et al. 1993; JONES et al. 1997). Im Gegensatz zu RAPD und AFLPs beruhen die Polymorphismen der ISAP-Marker auf struktureller Variation, welche deutlich robuster detektiert werden kann als Einzelbasenmutationen.

Die Entwicklung der ISAP-Marker setzt die Identifizierung von SINE-Kopien und deren Zuordnung zu SINE-Familien sowie eine Abschätzung der Kopienzahlen voraus. Auf dieser Basis können die artspezifischen Konsensus-Sequenzen erstellt und Primer abgeleitet werden. Der erhöhte Arbeitsaufwand bei der Entwicklung der Marker wird jedoch dadurch ausgeglichen, dass die abgeleiteten Primer unabhängig ihrer Familienzugehörigkeit oder Ausrichtung beliebig kombinierbar sind. Dies ist im Hinblick auf die Differenzierung einer höheren Individuenzahl vorteilhaft. Vor allem bei der Untersuchung von Pflanzenmaterial mit ähnlichem genetischem Hintergrund, ist es denkbar, dass bei der Anwendung eines Einzelmarkers identische Fingerprints auftreten könnten. Die Anwendung weiterer Marker bedarf dann lediglich zusätzlichen PCR-Analysen mit neuen Kombinationen der etablierten Primer. Die parallel erstellte Fingerprint-Datenbank ermöglicht ein einfaches Verwalten und Vergleichen von Ergebnissen, setzt aber die Anschaffung der *Bionumerics* Software voraus. Auf diese Weise kann ein Referenzkatalog aufgebaut werden, mit dessen Hilfe eine sichere und schnelle Identifizierung von Pflanzenmaterial möglich ist. Auf Grund der einfachen Handhabung der Software können Ergebnisse verschiedener genetischer Untersuchungen und Markersysteme hinzugefügt und den jeweiligen Genotypen zugeordnet werden. Die Etablierung einer umfassenden Datenbank ermöglicht es somit zukünftig verschiedenen Anwendern, je nach Fragestellung gezielt auf die jeweilige Referenz zurückzugreifen.

Danksagung

Unser besonderer Dank gilt dem Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft sowie der Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe für die finanzielle Förderung (Förderkennzeichen 22004012), dem Thünen Institut in Waldsiedersdorf und der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt in Hann. Münden für die Bereitstellung des Pflanzenmaterials sowie allen Personen in den Institutionen, die bei der Forschung und Umsetzung der Aufgaben mitgewirkt haben.

Literatur

- ALTSCHUL SF, GISH W, MILLER W, MYERS EW, LIPMAN DJ (1990) Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology* 215 (3), S. 403–410
- DE-LUCAS AI, SANTANA JC, RECIO P HIDALGO E (2008) SSR-based tool for identification and certification of commercial *Populus* clones in Spain. *Ann. For. Sci.* 65 (1), S. 107
- DERAGON J-M, ZHANG X (2006) Short interspersed elements (SINEs) in plants: Origin, classification, and use as phylogenetic markers. *Systematic Biology* 55 (6), S. 949–956
- DEWOODY J, TREWIN H, TAYLOR G (2015) Genetic and morphological differentiation in *Populus nigra* L.: isolation by colonization or isolation by adaptation? *Molecular ecology* 24 (11), S. 2641–2655
- FAWCETT JA, INNAN H (2016): High similarity between distantly related species of a plant SINE family is consistent with a scenario of vertical transmission without horizontal transfers. *Molecular biology and evolution* 33 (10), S. 2593–2604
- FINNEGAN DJ (1989) Eukaryotic transposable elements and genome evolution. *Trends in genetics: TIG* 5, S. 103–107

- FOSSATI T, ZAPPELLI I, BISOFFI S, MICHELETTI A, VIETTO L, SALA F, CASTIGLIONE S (2005) Genetic relationships and clonal identity in a collection of commercially relevant poplar cultivars assessed by AFLP and SSR. *Tree Genetics & Genomes* 1 (1), S. 11–20
- GAUDET M, JORGE V, PAOLUCCI I, BERITOGNOLO I, MUGNOZZA G, SABATTI M (2007) Genetic linkage maps of *Populus nigra* L. including AFLPs, SSRs, SNPs, and sex trait. *Tree Genetics & Genomes* 4 (1), S. 25–36
- JONES CJ, EDWARDS KJ, CASTAGLIONE S, WINFIELD MO, SALA F, VAN DE WIEL C, BREDEMEIJER G, VOSMAN B, MATTHES, M, DALY A, BRETTSCHEIDER R, BETTINI P, BUIATTI M, MAESTRI E, MALCEVSKI A, MARMIROLI N, AERT R, VOLCKAERT G, RUEDA J, LINACERO R, VAZQUEZ A, KARP A (1997) Reproducibility testing of RAPD, AFLP and SSR markers in plants by a network of European laboratories. *Molecular Breeding* 3 (5), S. 381–390
- KÖGLER A, HEITKAM T, WEBER B, MORGENSTERN K, REICHE B, BRÜCKNER M, TRÖBER U, SCHMIEDEL J, WOLF H, KRABEL D (2018) A retrotransposon-based marker system for identification of varieties, clones and accessions in Salicaceae. Posterbeitrag September 2018.
- KÖGLER A, SCHMIDT T, WENKE T (2017) Evolutionary modes of emergence of short interspersed nuclear element (SINE) families in grasses. *The Plant Journal* 92 (4), S. 676–695
- KÖGLER A, SEIBT K, HEITKAM T, MORGENSTERN K, REICHE B, BRÜCKNER M, WOLF H, KRABEL D, SCHMIDT T (in Druck): Comparative analysis of Short Interspersed Nuclear Elements (SINEs) in *Salicaceae* species reveals 3' end diversification in many families. *The Plant Journal*.
- KONNERT M, HUSSENDOERFER E, PELZER K (2006) Artbestimmung von Schwarzpappeln (*Populus nigra*) mit Hilfe von Isoenzym- und DNA-Analysen - erste Beispiele aus Bayern. *LWF Wissen* (52), S. 42–45.
- LIU H, YANG W, HOU J, HU N, YIN T, LI S (2016) Genetic identification of 43 elite clonal accessions of *Populus deltoides* by SSR fingerprinting. *Can. J. Plant Sci.* 96 (3), S. 494–502
- PENNER GA, BUSH A, WISE R, KIM W, DOMIER L, KASHA K, LAROCHE A, SCOLES G, MOLNAR SJ, FEDAK G (1993) Reproducibility of random amplified polymorphic DNA (RAPD) analysis among laboratories. *Genome Research* 2 (4), S. 341–345
- PISKUREK O, NIKAIKO M, BOEADI, BABA M, OKADA N (2003) Unique mammalian tRNA-derived repetitive elements in dermopterans: the t-SINE family and its retrotransposition through multiple sources. *Molecular biology and evolution* 20 (10), S. 1659–1668
- RAJORA OP, RAHMAN H (2003) Microsatellite DNA and RAPD fingerprinting, identification and genetic relationships of hybrid poplar (*Populus x canadensis*) cultivars. *Theoretical and applied genetics* 106 (3), S. 470–477
- SCHRÖDER H, KERSTEN B, FLADUNG M (2017) Development of multiplexed marker sets to identify the most relevant poplar species for breeding. *Forests* 8 (12), S. 492–507
- SCHWICHTENBERG K, WENKE T, ZAKRZEWSKI F, SEIBT KM, MINOCHE A, DOHM JC, WEISSHAAR B, HIMMELBAUER H, SCHMIDT T (2016) Diversification, evolution and methylation of short interspersed nuclear element families in sugar beet and related *Amaranthaceae* species. *The Plant Journal* 85 (2), S. 229–244
- SEIBT KM, SCHMIDT T, HEITKAM T (2019) The conserved 3' Angio-domain defines a superfamily of short interspersed nuclear elements (SINEs) in higher plants. *The Plant journal*, doi: 10.1111/TPJ.14567
- SEIBT KM, WENKE T, MUDERS K, TRUBERG B, SCHMIDT T (2016) Short interspersed nuclear elements (SINEs) are abundant in Solanaceae and have a family-specific impact on gene structure and genome organization. *The Plant Journal* 86 (3), S. 268–285
- SEIBT KM, 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. *Theoretical and applied genetics* 125 (1), S. 185–196
- SHEDLOCK AM, OKADA N (2000) SINE insertions: powerful tools for molecular systematics. *Bioessays* 22 (2), S. 148–160
- SJÖDIN A, STREET NR, SANDBERG G, GUSTAFSSON P, JANSSON S (2009) The *Populus* Genome Integrative Explorer (PopGenIE): a new resource for exploring the *Populus* genome. *The New phytologist* 182 (4), S. 1013–1025
- WEISING K, NYBOM H, WOLFF K, KAHL G (2005) DNA fingerprinting in plants. Principles, methods, and applications. 2nd ed. Boca Raton, FL: Taylor & Francis Group. Online verfügbar unter <http://site.ebrary.com/lib/alltitles/docDetail.action?docID=10160382>.
- WENKE T, DÖBEL T, SÖRENSEN T, ROSLEFF, JUNGHANS H, WEISSHAAR B, SCHMIDT T (2011) Targeted identification of short interspersed nuclear element families shows their widespread existence and extreme heterogeneity in plant genomes. *The Plant Cell* 23 (9), S. 3117–3128. DOI: 10.1105/tpc.111.088682.

WENKE T, SEIBT KM, DÖBEL T, MUDERS K, SCHMIDT T (2015) Inter-SINE Amplified Polymorphism (ISAP) for rapid and robust plant genotyping. In: BATLEY J (ed.): Plant Genotyping, Bd. 1245. New York, NY: Springer New York (Methods in Molecular Biology), S. 183–192.

Autoren

BIRGIT REICHE, KRISTIN MORGENSTERN, Dr. MATTHIAS MEYER, Prof. Dr. DORIS KRABEL
TU Dresden, Professur für Forstbotanik; Pienner Str. 19, 01737 Tharandt
birgit.reiche@tu-dresden.de

ANJA KÖGLER, Dr. BEATRICE WEBER, KATHRIN M. SEIBT, Dr. TONY HEITKAM, Prof. Dr. THOMAS SCHMIDT
TU Dresden; Professur für Zell- und Molekularbiologie der Pflanzen, Zellscher Weg 20b, 01062 Dresden

MARIE BRÜCKNER, UTE TRÖBER, Dr. HEINO WOLF
Staatsbetrieb Sachsenforst, Referat Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Bonnewitzer Str. 34, 01796 Graupa

Versuchsanlagen mit *in vitro* vermehrten Riegelahornpflanzen für die Zulassung von Wertholz-Klonen nach FoVG

CORNELIA BÄUCKER, VOLKER SCHNECK und HEIKE LIESEBACH

Zusammenfassung

Geriegelter Berg-Ahorn ist selten und zählt zu den kostspieligsten Laubhölzern in Mitteleuropa. Neben seiner traditionellen Verwendung im Musikinstrumentenbau wird Riegelahorn-Holz heutzutage auch häufig als Furnier verwendet. Um die Möglichkeiten biotechnologischer Methoden für die Vermehrung von wertvollem Riegelahorn-Material sowie die kommerzielle Produktion von geriegelten Berg-Ahorn Klonen zu erforschen, wurde das Verbundprojekt „Riegelahorn“ gefördert. Im Rahmen dieses Projekts entstanden insgesamt vier Versuchsflächen zur Klonprüfungen, auf denen 16 *in vitro* vermehrte Riegelahorn-Klone getestet werden. Des Weiteren wurde eine Fingerprint-Methode basierend auf Mikrosatelliten-Markern entwickelt, die eine sichere Identifizierung der Riegelahorn-Klone erlaubt. Die angelegten Versuchsflächen dienen der zeitnahen Prüfung von Riegelahorn-Klonen nach FoVG. Im Artikel wird auf die vom Thünen-Institut errichteten Klonprüfungen näher eingegangen.

Schlüsselworte: *Acer pseudoplatanus*, Berg-Ahorn, Klonprüfung, kommerzielle Verwendung, genetischer Fingerabdruck

Abstract

Clonal trails with *in vitro* produced plants of wavy grain maple for the official approval of high-quality timber clones according to the regulations on FRM

Sycamore Maple with wavy grain structure is rare and belongs to the most expensive hardwoods in Central Europe. Beside its traditional use in the musical-instrument making, the timber of wavy grain maple is also often used as veneer nowadays. The joint project “Wavy Grain Maple” was funded to explore the possibilities of biotechnological methods for the propagation of valuable wavy grain maple material as well as the commercial production of wavy grain maple clones. In the framework of this project, four clonal field tests with 16 *in vitro* propagated wavy grain maple clones were established. Moreover, a fingerprint method using microsatellite markers was developed, which allows a reliable identification of the wavy grain maple clones. With the clonal tests an official approval of high-quality timber clones according to the regulations on FRM will be achieved on a timely basis. This article reports on the clonal field tests established by the Thünen Institute in detail.

Keywords: *Acer pseudoplatanus*, Sycamore Maple, clonal test, commercial use, genetic fingerprint

Einleitung

Geriegelter Berg-Ahorn (*Acer pseudoplatanus* L.) erzielt auf Holzsubmissionen regelmäßig Höchstpreise, da die Stämme mit dem in sich gewelltem Holzfaserverlauf begehrt und selten sind (BÄUCKER & LIESEBACH 2018). Der Anteil geriegelter Exemplare in natürlichen Berg-Ahorn Populationen ist unterschiedlich und liegt zwischen 1–5% (CONRAD 1988). Die Faktoren, die zur Ausprägung der Riegelstruktur bei *A. pseudoplatanus* führen, sind bis dato noch ungeklärt, aber es steht ein genetischer Zusammenhang zu vermuten. Für verschiedene Formen der Maserung, wie beispielsweise bei Braunmasebirke (KÄRKKÄINEN

et al. 2017) oder gemasertem Pappel (FAN et al. 2013), konnte eine Vererbung des Holzmerkmals inzwischen belegt werden.

Verwendung findet der Riegelahorn traditionell im Musikinstrumentenbau, wo das helle, gestreifte Holz für die Fertigung von Böden und Zargen vieler Streichinstrumente, aber auch zum Bau von Saiteninstrumenten genutzt wird. Im Englischen führte der häufige Einsatz von Riegelahorn zur Herstellung von Geigenböden sogar zu einem eigenen Terminus, dem sog. „Fiddleback Maple“ (BEALS & DAVIS 1977). Heutzutage konkurriert die Musikinstrumentenbranche mit der Furnierindustrie um geriegelte Exemplare des Berg-Ahorns, da eine große Nachfrage nach Riegelahorn-Furnier besteht. So ersteigerte das deutsche Furnierwerk Fritz Kohl im Jahr 2012 den bis dato wahrscheinlich teuersten Riegelahorn für einen Gesamtpreis von 61.537,- € (dds online 2012). Daneben ist der exklusive Möbelbau ebenfalls an Riegelahorn-Holz interessiert, da hochpreisige Liebhaberstücke aus Riegelahorn kontinuierlich Absatz finden.

Trotz seiner großen Popularität war das Forschungsinteresse am Riegelahorn wie auch generell am Berg-Ahorn im 20. Jahrhundert eher zurückhaltend (KRABEL und WOLF 2013). Diese Art spielte als Nebenbaumart nur eine untergeordnete Rolle in der Forstwirtschaft. Außerdem hatte der Berg-Ahorn einen teils negativen Ruf erlangt, da er sich in anderen Länder mitunter invasiv ausbreitet (KRABEL et al. 2012). Dennoch gab es in Deutschland vereinzelt Forschungsaktivitäten zur züchterischen Verbesserung von Berg-Ahorn, wobei das Merkmal der Riegelung ebenfalls zur Plusbaumauslese herangezogen wurde. So errichtete die Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA) um 1960 eine Berg-Ahorn Samenplantage mit Klonen, die aufgrund von Masse und Form aber auch infolge seltener Holzstrukturen, u. a. Riegelung, selektiert waren. Ungefähr 30 Jahre später wurden mit freien Absaaten aus dieser Samenplantage, die im Forstamt Reinhardshagen liegt und Jungviehweide heißt, zwei Nachkommenschaftsprüfungen (NKPs) in Romrod und Schotten (beide in Hessen) angelegt. Zu nennen sei hier auch eine weitere Nachkommenschaftsprüfung mit windbestäubten Sämlingen von potentiellen Riegelahornbäumen, die im Jahr 1972 bei Radebrück (Brandenburg) entstand, aber heute nur noch rudimentär existiert.

Ende der 1990er Jahre begannen dann intensivere Forschungen zum Riegelahorn, die sowohl an der NW-FVA (GEBHARDT & BOHNENS 2006) als auch in Waldsiedersdorf (EWALD et al. 2006), einem Standort der ehemaligen Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft, jetzt Thünen-Institut für Forstgenetik stattfanden. Am Thünen-Institut wurde Material von hochpreisig verkauften Riegelahornen über das Verfahren der Pfropfung gesichert. Überdies erfolgten Forschungen auf dem Gebiet der Gewebekultivierung von Berg-Ahorn, wobei es gelang, Pflanzen von *in vitro* vermehrten Riegelahorn-Klonen zu erzeugen (EWALD & NAUJOKS 2015). Mit diesen Arbeiten zur Erhaltung und In-vitro-Kultivierung von wertvollem Riegelahorn waren die Grundlagen für die Durchführung eines Projekts, das die Möglichkeiten einer kommerziellen Produktion von geriegelten Berg-Ahorn Klonen untersucht, geschaffen.

Das Vorhaben *Riegelahorn* wurde als Verbundprojekt mit drei institutionellen Einrichtungen und zwei kommerziellen Firmen initiiert, um die verschiedenen Stärken von Forschungseinrichtungen und Praxispartner zu bündeln. Die Kooperationspartner waren das Thünen-Institut für Forstgenetik, die Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA), RLP AgroScience GmbH (AgroScience), das Institut für Pflanzenkultur e. K. (IFP) und die Reinhold Hummel GmbH + Co. KG (Hummel). Das Projekt wurde von der Landwirtschaftlichen Rentenbank von 2016 bis Juni 2019 gefördert.

Das Thünen-Institut verfolgte im Riegelahorn-Projekt zwei übergeordnete Zielsetzungen. So stand einerseits die züchterische Nutzung für eine spätere Vermarktung von Riegelahorn im Fokus und andererseits sollte ein Beitrag für die Erforschung der Ursachen der Riegelung bei *A. pseudoplatanus* geleistet werden. Das Gesamtziel auf züchterischem Gebiet umfasste hierbei ein System, welches erlaubt, adulte Riegelahorn-Klone über die Methode der Pfropfung zu erhalten, *in vitro* zu vermehren, genetisch zu charakterisieren und für eine spätere Nutzung den Praxispartnern zur Verfügung zu stellen. Das Thünen-

Institut hatte in diesem Zusammenhang auch eine Methode zur sicheren Klon-Identifizierung für die tetraploide Baumart Berg-Ahorn (TAYLOR 1920, FOSTER 1933) zu entwickeln. Dieses Arbeitspaket wurde unter Verwendung molekularer Mikrosatelliten-Marker im zweiten Projektjahr abgeschlossen (BÄUCKER & LIESEBACH 2018).

Da die Baumart Berg-Ahorn dem Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) unterliegt, ist eine kommerzielle Vermehrung von Riegelahorn-Klonen für den Anbau in der Praxis erst nach Zulassung der Wertholz-Klone als geprüftes Vermehrungsgut möglich. Um die Voraussetzungen für eine zeitnahe Prüfung und Zulassung von Riegelahorn-Klonen zu schaffen, wurden Versuchsflächen zur Riegelahorn-Klonprüfung im Riegelahorn-Projekt angestrebt. Dieser Artikel geht vornehmlich auf die vom Thünen-Institut im Projekt errichteten Versuchsflächen ein, die das Ergebnis der züchterischen Arbeiten der NW-FVA und des Thünen-Instituts darstellen.

Material und Methoden

Für die Suche nach wertvollem Riegelahorn-Material wurden Losverzeichnisse von Holzsubmissionen recherchiert und bei Ausrichtern von Submissionen direkt nach Riegelahorn nachgefragt. Falls geriegelter Berg-Ahorn zur Versteigerung im Angebot war, wurde versucht, seinen ursprünglichen Standort im Wald zu ermitteln. Gelingt dies, wurde überprüft, ob die in der Nähe des Hieborts verbliebene Krone eindeutig zuzuordnen ist. Konnten Stubben und Kronenrest zweifelsfrei ermittelt werden, wurden Kronenreiser geschnitten und dem Thünen-Institut per Post zugeschickt. Wenn möglich, erfolgte auch ein Einzäunen der Riegelahorn-Stubben, damit Stockausschläge vor Wildverbiss geschützt sind. Der Grund: Stockausschläge sind teilweise verjüngt, sodass deren Knospen als Startmaterial für die Gewebekultivierung besser geeignet sind im Vergleich zu Knospen aus der Baumkrone (BÄUCKER & LIESEBACH 2018).

Ausgehend von präparierten vegetativen Knospen, die zumeist aus dem Kronenbereich gefällt oder gepropfter Riegelahorn-Exemplare stammten, fand die In-vitro-Etablierung von Riegelahorn-Material statt. Für den Etablierungsstart eignet sich dabei das am Thünen-Institut im Vorfeld des Projekts entwickelte Nährmedium WTD4. Im späteren Verlauf der In-vitro-Kultivierung erfolgte dann ein kontinuierlicher Nährmedien-Wechsel zwischen WTD4 und WZ-Glukose in einem Abstand von vier Wochen (für Nährmedien-Rezepte vgl. EWALD & NAUJOKS 2015). Im späteren Projektverlauf wurde auch das an der NW-FVA im Projekt entwickelte Nährmedium 817/11 getestet und erfolgreich eingesetzt, wobei sich dieses Nährmedium besonders für die fortlaufende In-vitro-Vermehrung stabiler Berg-Ahorn Klone eignet. Wie bei der anderen Nährmedien-Variante ist auch bei 817/11 ein monatliches Umsetzen der In-vitro-Explantate auf frischen Nährboden zu empfehlen. Dabei hat 817/11 den großen Vorteil, dass durchgängig nur auf einem Medium kultiviert werden kann.

Die Erzeugung von *in vitro* vermehrten Riegelahorn-Pflanzen gelang nach Bewurzelung von In-vitro-Sprossen auf einem Nährmedium zusammengesetzt aus $\frac{1}{2}$ konzentriertem „Woody Plant Medium“(Duchefa Biochemie) mit Hormonzusatz von IBA (0,1 mg/l) und NAA (0,05 mg/l) innerhalb von drei bis vier Wochen. Die Anzucht der In-vitro-Pflanzen erfolgte von Anfang an direkt in 12er Pflanzcontainern unter Sprühnebel im Gewächshaus des Thünen-Instituts. Die Akklimatisierung fand zunächst im Gewächshaus und anschließend in der Baumschule statt (Abbildung 1). Neben In-vitro-Pflanzen wurden auch Sämlinge für die Versuchsflächen angezogen. Bei diesen Pflanzen handelte es sich um die Standards Wehretal und Schlüchtern. Die Anzucht erfolgte an der NW-FVA und die Pflanzen wurden per Post an das Thünen-Institut geliefert.

Für die genetische Charakterisierung von Berg-Ahorn respektive eine spätere sichere Identifizierung der Riegelahorn-Klone wurde eine Methode zur Erstellung eines genetischen Fingerabdrucks im Riegelahorn-Projekt erarbeitet (BÄUCKER & LIESEBACH 2018). Die am Thünen-Institut etablierte Methode verwendet aus der Literatur bekannte Mikrosatelliten-Marker des Kerngenoms. Dabei handelt es sich um die Marker

MAP2, MAP9, MAP12, MAP33 und MAP40, die speziell für Berg-Ahorn entwickelt wurden (PANDEY et al. 2004). Des Weiteren wurden auch Marker anderer Arten der Gattung *Acer* verwendet: Aop116, Aop122, Aop943 (SEGARRA-MORAGUES et al. 2008), AM118 (KIKUCHI & SHIBATA 2008) sowie SM21A, SM29, SM60 (GRAIGNIC et al. 2013). Als Basis für die DNA-Extraktion diente das Protokoll von DUMOLIN et al. (1995), das etwas angepasst wurde.

Die elektrophoretische Auftrennung der PCR-Produkte, die in einem Multiplex-System (PCR Kit der Firma Qiagen, Hilden, Germany) hergestellt wurden, erfolgte auf dem Kapillarsequenzier CEQ-8000 der Firma Beckman Coulter. Die Fragment-Analyse-Software CEQ 8000 diente zur Bestimmung der Fragmentlängen, wobei die Option, das Binning manuell zu korrigieren, genutzt wurde.



Abb. 1: Produktion von Riegelhorn-Versuchspflanzen im Jahr 2017. Links und Mitte: Pikieren und Pflanzenanzucht unter Sprühnebel im Gewächshaus. Rechts: Akklimatisierung in der Baumschule des Thünen-Instituts in Waldsiedersdorf. (Fotos: C. BÄUCKER)

Ergebnisse

Im Rahmen des Projekts wurde wertvolles Riegelhorn-Material gesammelt und mittels Pfropfung und/oder In-vitro-Kultivierung gesichert. Insgesamt konnte Material von sieben neuen Riegelhorn-Exemplaren, die auf Holzsubmissionen hochpreisig verkauft worden waren, akquiriert werden (Bäucker und Liesebach 2018). Bei fünf dieser wertvollen Exemplare gelang es, sie über Pfropfung und/oder In-vitro-Kultivierung zu erhalten. Darüber hinaus fand ein Austausch von In-vitro-Klonen mit der NW-FVA statt, sodass sich die Riegelhorn-Sammlung am Thünen-Institut beträchtlich vergrößerte. Von denen am Ende der Projektlaufzeit vorhandenen 23 In-vitro-Klonen waren ca. 13 Klone als stabil und wüchsig zu bewerten. Daneben existieren am Thünen-Institut Pfropfungen von 16 Riegelhorn-Klonen.

Generell ist die In-vitro-Vermehrbarkeit von Riegelhorn-Klonen unterschiedlich, wobei einige Gewebekulturen von Riegelhorn als äußerst schwierig einzuschätzen sind. Andere Klone wiederum zeigten sich gut *in vitro* vermehrbar, da das Ausgangsmaterial (Stockausschlag anstatt Kronenreiser) bessere Voraussetzungen für eine In-vitro-Etablierung mitbrachte. Daneben gab es am Thünen-Institut wie auch an der NW-FVA bereits ein paar stabile In-vitro-Kulturen von geriegeltem Berg-Ahorn zu Projektbeginn, da Riegelhorn-Material im Rahmen der Vorarbeiten zum Projekt etabliert wurde. Von diesen stabilen Klonen wurde bei Projektstart In-vitro-Material als vermehrbare Sprosskultur an die Praxispartner IfP und Hummel abgegeben, damit diese die In-vitro-Vermehrung unter kommerziellen Bedingungen testen konnten. Diese im kommerziellen Labor getesteten Klone sind auch auf den Riegelhorn-Versuchsflächen mit den Prüfgliednummern 1 – 8 vertreten (Tabelle 1).

Tabelle 1: Überblick zu den Prüfgliednummern (PG-Nr.) auf den Versuchsflächen zur Riegelahorn-Klonprüfung. Die PG-Nr. 1 bis 10 wurden in 2018 gepflanzt, die PG-Nr. 11 bis 20 im Jahr 2019.

PG-Nr.	Name des Prüfglieds	Charakterisierung Prüfglied, Ort der ersten In-vitro-Etablierung
1	Bov2	In-vitro-Klon von einem Riegelahorn, NW-FVA
2	Gö10	In-vitro-Klon von einem Riegelahorn, NW-FVA
3	Das7-1	In-vitro-Klon von einem Riegelahorn, NW-FVA
4	Gött47-38	In-vitro-Klon von einem Riegelahorn, NW-FVA
5	BMÜ76-1	In-vitro-Klon von einem Riegelahorn, NW-FVA
6	SFGö1	In-vitro-Klon von einem Riegelahorn, NW-FVA
7	Arni	In-vitro-Klon von einem Riegelahorn, Thünen-Institut
8	E87	schlichter In-vitro-Vergleichsklon als Kontrolle, Thünen-Institut
9	Standard Wehretal	Sämlingsstandard mit unbekannter Holzstruktur, Kontrolle, NW-FVA
10	Standard Schlüchtern	Sämlingsstandard mit unbekannter Holzstruktur, Kontrolle, NW-FVA
11	Lieb3-1	In-vitro-Klon von einem Riegelahorn, NW-FVA
12	Pauli	In-vitro-Klon von einem Riegelahorn, Thünen-Institut
13	Schussi	In-vitro-Klon von einem Riegelahorn, Thünen-Institut
14	Lieb1-1	In-vitro-Klon von einem Riegelahorn, NW-FVA
15	MühlWK 1	In-vitro-Klon von einem Riegelahorn, NW-FVA
16	CHRhein8-1	In-vitro-Klon von einem Riegelahorn, NW-FVA
17	SFHb1	In-vitro-Klon von einem Riegelahorn, NW-FVA
18	Ras30-1	In-vitro-Klon von einem Riegelahorn, NW-FVA
19	Ras30-2	In-vitro-Klon von einem Riegelahorn, NW-FVA
20	E87-Petiole	schlichter In-vitro-Vergleichsklon als Kontrolle, Thünen-Institut

Die Projektpartner verständigten sich zu Projektbeginn darauf, dass die an den Forschungsinstituten autovegetativ erzeugten In-vitro-Pflanzen von Riegelahorn-Klonen in einem Versuchsdesign zur Klonprüfung ausgepflanzt werden sollen. Um ausreichend Versuchsflächen für eine Riegelahorn-Klonprüfung nach FoVG zu schaffen, wurde abgesprochen, dass das Thünen-Institut wie auch die NW-FVA je zwei Versuchsflächen anlegt. Die Versuchspflanzen-Produktion sowie die Anlage der Versuchsflächen wurden dabei in zwei Etappen über einen Zeitraum von zwei Jahren geplant.

Die Anlage der Versuchsflächen zur Riegelahorn-Klonprüfung startete am Thünen-Institut im Frühjahr 2018 an den Standorten **Schlemmin** (Landesforst Mecklenburg-Vorpommern, Revier Schlemmin) und **Arnsdorf** (Staatsbetrieb Sachsenforst, Revier Großröhrsdorf). Im Frühjahr 2019 erfolgte dann eine Erweiterung der Versuchsflächen in unmittelbarer Nähe zu den bereits angelegten Flächen. Die Riegelahorn-Versuchsflächen der NW-FVA wurden parallel angelegt und befinden sich im Forstamt Münden (Revier Goseplack bei Harste, Gemeinde Bovenden) sowie im Forstamt Reinhardshagen auf der ehemaligen Eschensamenplantage Jungviehweide.

Bei den zwei Versuchsflächen zur Riegelahorn-Klonprüfung des Thünen-Instituts handelt es sich um Erstaufforstungsflächen, die deutliche Unterschiede hinsichtlich des Nährstoffgehalts aufweisen. So liegt die Versuchsfläche Schlemmin auf einem nährstoffreichen K-Standort, der für Berg-Ahorn die besten Voraussetzungen bietet und zuvor als Acker genutzt wurde (Abbildung 2).



Abbildung 2: Riegelahorn-Klonprüfung Schlemmin. Bepflanzung der Versuchsfäche am 5. April 2018. Die Erstaufforstungsfläche mit vorhergehender Ackernutzung liegt im Revier Schlemmin, Landesforst Mecklenburg-Vorpommern. (Fotos: C. BÄUCKER)

Im Gegensatz zu Schlemmin ist die sächsische Versuchsfäche bei Arnsdorf für Berg-Ahorn weniger optimal, da sie sich auf einem M-Standort befindet. Dieser nährstoffärmere Standort, der im Untergrund zudem gelegentlich wechselfeucht und durch den Bodentyp Pseudogley charakterisiert ist, hatte eine vorhergehende Grünlandnutzung (Abbildung 3). Es ist davon auszugehen, dass es für die Pflanzen des Berg-Ahorns schwierig sein wird, den Boden des Arnsdorfer Standorts mit den Wurzeln zu erschließen.



Abb. 3: Riegelahorn-Klonprüfung Arnsdorf. Die Erstaufforstungsfläche, die zuvor Grünland war, liegt im Revier Großröhrsdorf, Staatsbetrieb Sachsenforst. Links und Mitte: Bepflanzung des Versuchs am 19. April 2018. Rechts: Versuchspflanze des Klons Bov2 mit starken Anzeichen von Trockenstress nach einem Jahr des Wachstums. (Fotos: C. BÄUCKER)

Hinsichtlich des Versuchsflächendesigns einigten sich das Thünen-Institut und die NW-FVA auf ein identisches experimentelles Design, damit die Ergebnisse der Riegelahorn-Klonprüfungen vergleichbar sind. Das Versuchsflächendesign beinhaltet einen Pflanzverband von 2 x 2,5 m mit 4 (2 x 2) Pflanzen pro Parzelle und 6 Wiederholungen, die in Blöcken angelegt wurden. Innerhalb der Blöcke wurden die Parzellen vollständig randomisiert.

Insgesamt werden auf den angelegten Versuchsfächen 16 Riegelahorn-Klone getestet. Die Gesamtanzahl an Prüfgliedern ist jedoch höher, da Pflanzen der Berg-Ahorn Sämlingsstandards Wehretal und

Schlüchtern als Kontrollen mit auf die Flächen ausgebracht wurden (Tabelle 1). Überdies wurde der nicht geriegelte Klon E87, der am Thünen-Institut aus einem Experiment zur somatischen Embryogenese hervorging, als schlichter In-vitro-Vergleichsklon mit in die Klonprüfung aufgenommen. Bei der Flächenerweiterung in 2019 wurde dieser Klon wiederholt, jedoch in der Variante E87-Petiole. Dieser besonders schnellwüchsige Klon, der aus Zellen an der Blattstielbasis austreibender Blätter von *in vitro* vermehrten E87-Pflanzen regeneriert wurde, dient ebenfalls als In-vitro-Vergleich. Ferner fand im Rahmen der zweiten Etappe der Versuchsflächenbepflanzung eine Wiederholung einiger Klone aus dem Jahr 2018 statt, um die vorbereiteten Versuchsflächen vollständig zu bepflanzen (Klone: Arni, Gö10, E87).

Im Rahmen der ersten Etappe der Versuchsflächenbepflanzung im Frühjahr 2018 wurden die Prüfglieder 1 – 10 ausgebracht (Tabelle 1). Die Flächenaufnahme einige Monate später zeigte, dass die meisten Pflanzen angewachsen waren. So wurden auf der Versuchsfläche in Schlemmin im November 2018 lediglich ein Ausfall bei den Prüfgliedern E87 und Bov2 sowie zwei ausgefallene Versuchspflanzen beim Sämlingsstandard Schlüchtern (Prüfglied 10) dokumentiert.

Auf der in 2018 angelegten Fläche in Arnsdorf gab es ebenfalls wenige Ausfälle an Versuchspflanzen, wobei die Ausfallrate beim Sämlingsstandard Schlüchtern erneut leicht höher ausfiel als bei den übrigen Prüfgliedern. Hinsichtlich der Anzahl abgestorbener Pflanzen konnte jedoch kein statistisch signifikanter Unterschied zwischen den Prüfgliedern festgestellt werden. Alle toten Versuchspflanzen auf der Arnsdorfer Fläche wurden im Frühjahr 2019 mit Nachpflanzungen ersetzt. Dabei zeigten die Klone Bov2, Gö10 und der Sämlingsstandard Schlüchtern häufig Anzeichen von Trockenstress, d. h. bei mehreren Pflanzen dieser Prüfglieder war die Sprossspitze abgestorben, was einen Rückschnitt erforderlich machte (Abbildung 3, Foto rechts). Überdies fiel auf, dass der Sämlingsstandard Wehretal (Prüfglied 9) früh austreibend ist. Ferner zeigte sich auf beiden Versuchsflächen, dass die Pflanzen im heißen und trockenen Sommer 2018 oberirdisch nicht gewachsen waren.

Die Versuchsflächenerweiterungen erfolgten mit den Prüfgliednummern 11 – 20 im Jahr 2019 (Tabelle 1). Die Bepflanzung fand im identischen Versuchsflächendesign wie 2018 statt, wobei von jedem Prüfglied insgesamt 24 Pflanzen pro Versuchsfläche gepflanzt wurden (Ausnahme hier Klon Lieb3-1 aufgrund von Verlusten bei der Produktion von Versuchspflanzen am Thünen-Institut). Alle Versuchsanlagen zur Riegelahorn-Klonprüfung des Thünen-Instituts wie auch die parallel errichteten Versuchsflächen an der NW-FVA wurden in 2019 fertiggestellt.

Für alle auf den Versuchsflächen ausgepflanzten Klone existiert ein genetischer Fingerabdruck. Dieser Fingerabdruck wurde anhand der vom Thünen-Institut während der Projektlaufzeit erarbeiteten Methode unter Verwendung von zwölf nuklearen Mikrosatelliten-Markern erstellt (BÄUCKER und LIESEBACH 2018). Die Methode ermöglichte zudem ein Erkennen von durchgewachsenen Unterlagen sowie von Verwechslungen im Klon-Material. So stellte sich bei der Auswertung der Mikrosatelliten-Daten heraus, dass die zwei In-vitro-Klone Eppi und Kemp keine Riegelahorn-Klone sind, sondern Duplikate des schlichten Klons E87. Hier kam es vor Projektbeginn zu Vertauschungen im In-vitro-Labor des Thünen-Instituts. Entsprechend der genetischen Ergebnisse wurden die *in vitro* vermehrten Versuchspflanzen der Klone Eppi und Kemp in E87 umbenannt. Bei der anschließenden Suche nach dem richtigen Material dieser zwei Klone konnten einige Pflanzen des ursprünglichen Klons Eppi auf einer im Jahr 2013 angelegten Demonstrationsfläche im Forstamt Heldburg (Thüringen Forst) sicher nachgewiesen werden. Material des ursprünglichen Klons Kemp konnte ebenfalls eindeutig identifiziert werden und existiert in Form mehrerer Pfropfungen auf dem Gelände der Baumschule F.-O. Lürssen GmbH & Co. KG (Lürssen) am Standort Tempelberg (Brandenburg).

Insgesamt wurden am Thünen-Institut 1231 Berg-Ahorn Proben im Projektzeitraum genotypisiert und die Mikrosatelliten-Daten wie auch alle Informationen zu den Proben in einer Datenbank gespeichert. Die Auswertung der Elektropherogramme zeigte dabei deutlich die Tetraploidie von Berg-Ahorn durch ein Vorhandensein von maximal vier Allelen pro Locus (Abbildung 4).

MAP9Am118SM21ASM60SM29

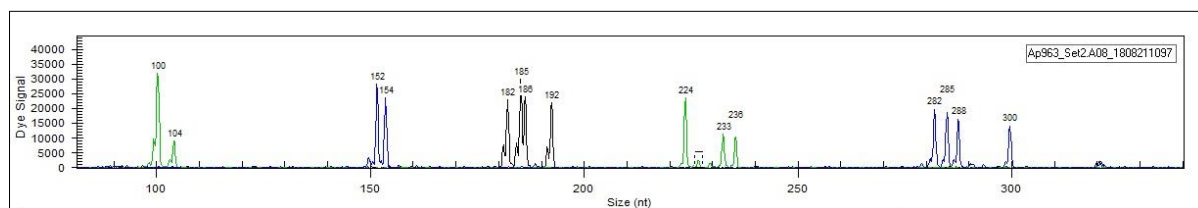


Abbildung 4: Beispiel eines Elektropherogramms von Berg-Ahorn. Die Tetraploidie dieser Baumart ist deutlich in Form von vier eigenständigen Peaks (= Allele) pro Locus zu erkennen, wie hier bei den Markern SM21A und SM29. Für den Marker Am118 wurde hingegen eine maximale Anzahl von nur zwei Allelen im gesamten Probenmaterial gefunden.

Im Rahmen der Genotypisierung fand auch eine genetische Analyse der Klone auf der Berg-Ahorn Samenplantage Jungviehweide, die der NW-FVA gehört, statt. Des Weiteren wurden die Nachkommen dieser Samenplantage, die auf den NKPs der NW-FVA in Romrod und Schotten wachsen (insgesamt 599 Individuen), genotypisiert. Außerdem erfolgte eine genetische Überprüfung der Pfropflinge in der Baumschule Lürssen. Diese Baumschule verfügt über ein Mutterquartier mit Pfropfungen von drei Riegelahorn-Klonen, die vor Projektstart vom Thünen-Institut in Kooperation mit der Baumschule dort gesichert wurden (Klone: Grimma, Kemp und Mühl). Bei der genetischen Überprüfung stellten sich von den insgesamt 248 existierenden Pfropflingen 65 als durchgewachsene Unterlagen heraus. Zusätzlich wurde auch die Identität der Riegelahorn-Pfropfungen auf dem Baumschulgelände wie im Arboretum des Thünen-Instituts in Waldsiedersdorf kontrolliert. Hier konnten acht der insgesamt 32 Pfropfungen als durchgewachsene Unterlage identifiziert werden. Ferner wurde im Jahr 2018 Probenmaterial von einem riesigen Berg-Ahorn aus dem Hamburger Hirschpark analysiert, bei dem die Frage geklärt werden sollte, ob es sich um ein Individuum oder eine Bündelpflanzung handelt. Anhand des genetischen Fingerabdrucks konnte eindeutig der Nachweis für ein Individuum erbracht werden (BÄUCKER und LIESEBACH 2019).

Diskussion

Das angestrebte züchterische Gesamtziel im Verbundprojekt „Riegelahorn“ wurde komplett erreicht, wobei einige Projektaufgaben vom Thünen-Institut und der NW-FVA gemeinsam zu erfüllen waren. So wurde von beiden Forschungsinstituten wertvolles Material von hochpreisig verkauften Riegelahorn-Stämmen über Holzsubmissionen akquiriert und durch die Methode der Pfropfung gesichert. Zudem gelang an beiden Instituten sowohl die In-vitro-Etablierung von Riegelahorn-Material als auch die erfolgreiche Vermehrung zu stabilen In-vitro-Klonen. Infolge der neu etablierten In-vitro-Kulturen von Riegelahorn wie auch durch den Austausch von Klon-Material zwischen den Projektpartnern Thünen-Institut und NW-FVA, vergrößerte sich die Riegelahorn-Sammlung an beiden Instituten. Dabei umfasste die Riegelahorn-Sammlung am Thünen-Institut am Ende der Projektzeit insgesamt 23 Riegelahorn-Klone, wovon 13 Klone als stabil und wüchsig einzuschätzen waren. Die Praxispartner IfP und Hummel erhielten ebenfalls In-vitro-Material von verschiedenen Riegelahorn-Klonen und konnten damit die kommerzielle Produktion von In-vitro-Pflanzen ausgehend von Riegelahorn-Sprosskulturen im Projektzeitraum erfolgreich testen.

Für eine zeitnahe Prüfung und Zulassung von Riegelahorn-Klonen nach FoVG wurden am Thünen-Institut wie an der NW-FVA je zwei Versuchsflächen zur Riegelahorn-Klonprüfung errichtet. Diese Flächen, die in zwei Etappen (2018 und 2019) bepflanzt wurden, dienen neben der Klonprüfung auch dem Erhalt und der Sicherung des genetischen Materials der mikrovermehrten Riegelahorn-Klone. Im Vorfeld der Versuchsflächenanlage einigten sich das Thünen-Institut und die NW-FVA auf ein identisches Versuchsflächendesign, sodass die Ergebnisse der vier Versuchsflächen vergleichbar sind. Auf den

angelegten Klonprüfungen wachsen derzeit Versuchspflanzen von insgesamt 20 Prüfgliedern, wovon 16 Prüfglieder auf *in vitro* etabliertes Riegelahorn-Material zurückgehen. Die restlichen vier Prüfglieder stellen Kontrollen in Form von zwei Berg-Ahorn Sämlingsstandards sowie zwei Klon-Varianten des nicht geriegelten In-vitro-Vergleichsklons E87 dar.

Die zwei Versuchsflächen des Thünen-Instituts wurden bei Schlemmin (Revier Schlemmin, Landesforst Mecklenburg-Vorpommern) und Arnsdorf (Revier Großröhrsdorf, Staatsbetrieb Sachsenforst) angelegt. Da die Versuchsstandorte starke Unterschiede im Nährstoffgehalt des Bodens aufweisen, wird es anhand der Klonprüfungen möglich sein, die Entwicklung der Riegelahorn-Klone auf für Berg-Ahorn optimalen und weniger guten Standorten einzuschätzen. Bei der ersten Flächenaufnahme in Schlemmin und Arnsdorf waren nur wenige Ausfälle an Versuchspflanzen zu verzeichnen und es gab keine signifikanten Unterschiede zwischen den Prüfgliedern hinsichtlich der Anzahl abgestorbener Pflanzen, die ersetzt wurden.

Für alle auf den Versuchsflächen wachsenden Klone wurde ein genetischer Fingerabdruck mittels der im Projekt entwickelten Mikrosatelliten-Methode (BÄUCKER & LIESEBACH 2018) erstellt, sodass eine spätere Klonidentifizierung im Rahmen der Klonzulassung respektive kommerziellen Produktion jederzeit möglich ist. Eine genetische Überprüfung im Vorfeld des Klonzulassungsverfahrens und der kommerziellen Erzeugung wäre aufgrund der Erfahrungen im Riegelahorn-Projekt dringend zu empfehlen, da Verwechslungen im Klon-Material nicht auszuschließen sind. Überdies sollten auch Riegelahorn-Pfropfungen überprüft werden, da es bei Pfropflingen doch häufiger zum Absterben des Edelreises kommt. So konnten im Rahmen der Genotypisierung von Pfropfungen einige durchgewachsene Unterlagen im Riegelahorn-Mutterquartier der Baumschule Lürssen sowie im Thünen-Arboretum in Waldsiedersdorf festgestellt werden. Durch die genetischen Analysen gelang zudem eine Rückverfolgung von Klon-Material, das heute nicht mehr am Thünen-Institut existiert, wie z. B. der Riegelahorn-Klon Eppi. Dieser Klon konnte in Thüringen auf einer Demonstrationsfläche im Forstamt Heldburg sicher identifiziert werden, sodass hier Material für eine erneute In-vitro-Etablierung des Klons Eppi vorhanden ist. Ebenso wäre auch Material des ursprünglichen Klons Kemp verfügbar, der in Form mehrerer Pfropfungen auf dem Gelände der Baumschule Lürssen wächst.

Die im Rahmen des Riegelahorn-Projekts vom Thünen-Institut entwickelte Mikrosatelliten-Methode zur genetischen Charakterisierung und Identifizierung von Berg-Ahorn mittels zwölf Mikrosatelliten-Markern des Kerngenoms hat sich im Projekt durchaus bewährt und kann als leistungsstark angesehen werden. Im Zuge der Genotypisierung von insgesamt 1.231 Berg-Ahorn Proben wurde eine Datenbank am Thünen-Institut aufgebaut, in der die Mikrosatelliten-Daten der gesicherten Riegelahorn-Klone sowie Daten von weiterem Proben- und Referenzmaterial von Berg-Ahorn gespeichert sind. Diese Datenbank stellt ein wertvoller Datensatz für zukünftige Forschungen dar.

Trotz der guten Möglichkeiten der genetischen Identifizierung der Riegelahorn-Klone sowie der erfolgversprechenden kommerziellen Testproduktion von In-vitro-Pflanzen durch die Praxispartner wird es noch mehrere Jahre dauern, bis eine Zulassung von Riegelahorn-Klonen nach FoVG erfolgen kann. Denn die Anzeichen einer Riegelung beim Berg-Ahorn prägen sich erst in einem Baumalter von ca. 12 Jahren aus (EWALD & NAUJOKS 2014), sodass diese Wachstumszeit abgewartet werden muss, um das Merkmal der Riegelung zu untersuchen. Es ist also von einem Zeitraum von ca. 12 – 15 Jahren auszugehen, bevor Exemplare von Riegelahorn-Klonen auf den Klonprüfungen entnommen und ihr Holz begutachtet werden kann. Für die Begutachtung und Einschätzung der Riegelintensität wurde bereits im Rahmen des Projekts eine destruktive Methode durch den Kooperationspartner Thünen-Institut für Holzforschung entwickelt. Diese Methode beurteilt die Riegelung anhand der makroskopischen Analyse eines ca. 1 m langen Stammstücks. Nach Abschluss der Holzanalysen würden diejenigen Klone, die sich durch eine deutliche Riegelung sowie eine akzeptable Geradschaftigkeit auszeichnen, eine Zulassung nach FoVG erhalten. Im Anschluss daran könnte die kommerzielle Produktion von Riegelahorn-Pflanzen durch die Praxispartner starten, sodass dann nach FoVG zugelassene Riegelahorn-Klone von Waldbesitzern käuflich zu erwerben wären.

Perspektivisch würde sich nach dem kommerziellen Verkauf von Riegelahorn-Pflanzen ein längerer Zeitraum des Wachstums im Wald anschließen, da die Umtriebszeit bei Berg-Ahorn zwischen 120 bis 140 Jahren liegt. Daher muss mit einem Zeitraum von vielen Jahrzehnten gerechnet werden, bis das *in vitro* erzeugte Riegelahorn-Holz tatsächlich auf den Markt kommt, selbst wenn ein Fällen der Bäume bereits nach ca. 80 Jahren erfolgen würde. Da die Riegelung sich mit zunehmendem Baumalter stärker ausprägt, ist mit einem frühzeitigen Fällen aber eher weniger zu rechnen.

Das Pflanzen von Riegelahorn-Klonen ist also ein Projekt für die Zukunft, das die Waldbesitzer nach den Erfahrungen im Projekt sehr gerne eingehen wollen. Bereits während der Projektlaufzeit wurde Riegelahorn als Vermehrungsgut überaus stark nachgefragt. Dieser Nachfrage konnte jedoch nicht nachgekommen werden, da das Verfahren der Klonprüfung noch nicht abgeschlossen ist. Darüber hinaus hätte Vermehrungsgut gar nicht in dem Umfang zum Verkauf zur Verfügung gestanden, wie Interesse daran besteht. Es ist aber davon auszugehen, dass dem Bedarf an Riegelahorn-Pflanzen schnell entsprochen werden kann, sobald die Riegelahorn-Klone als geprüftes Vermehrungsgut entsprechend dem Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) zugelassen sind.

Die Aussichten für eine Verwendung und Nutzung des geriegelten Holzes von zugelassenen Riegelahorn-Klonen sind national wie international als hervorragend einzuschätzen, da das wertbestimmende Merkmal, die Riegelung, für den Möbel- und Musikinstrumentenbau von besonderem Interesse ist (CONRAD 1988, PREROW 2009). Es ist sogar anzunehmen, dass sich der Bedarf an Riegelahorn-Holz in der Musikinstrumentenbranche noch ausweiten wird, da alle Palisander-Arten (*Dalbergia* spp.) und andere Tropenhölzer seit Herbst 2016 Bestandteil des Washingtoner Artenschutzübereinkommens (CITES) sind und nicht mehr für den Bau von Musikinstrumenten verwendet werden dürfen. Somit wird die Nachfrage nach einheimischen Holz-Alternativen, wie z. B. dem Berg-Ahorn steigen, wobei natürlich geriegelte Unikate aufgrund ihrer Einzigartigkeit stets sehr begehrt sein dürften und Absatz finden werden.

Die Forschungen im Riegelahorn-Projekt sind auch international auf Interesse gestoßen. So besuchte die US-amerikanische Sägewerksfirma „Pacific Rim Tonewoods“ (PRT) aus Concrete (Washington) das Thünen-Institut in Waldsiedersdorf. Diese Firma arbeitet eng mit dem Gitarrenhersteller „Taylor Guitars“ zusammen, wobei PRT auf die Herstellung von Gitarrenhölzern spezialisiert ist und jährlich Holz für ca. 300.000 Gitarren an „Taylor Guitars“ liefert. Die Firma PRT testet daher seit einigen Jahren die Möglichkeiten des kommerziellen Anbaus von geriegeltem Oregon-Ahorn (*Acer macrophyllum*) sowie geriegelter Koa-Akazie (*Acacia koa*). Inzwischen verfügt PRT über eine umfangreiche Klon-Sammlung an stecklingsvermehrten Exemplaren von Oregon-Ahorn mit Riegelung. Daneben gelang es PRT, eine eigene In-vitro-Sammlung geriegelter Klone von Oregon-Ahorn aufzubauen. Die „Simon Fraser University“ wirkte bei der Erforschung der Nährmedien-Rezeptur entscheidend mit (ZHOU 2018), wobei die Forschungen des Thünen-Instituts (EWALD & NAUJOKS 2015) eine wichtige Basis bildeten.

Bis dato sind die Fortschritte auf dem Gebiet der In-vitro-Pflanzenproduktion von geriegelten Ahorn-Klonen in Deutschland am weitesten vorangeschritten. Die im Riegelahorn-Projekt erzielten Erkenntnisse sollten genutzt werden, um das Produkt „Riegelahorn-Klon“ weiterzuentwickeln und hinsichtlich einer schnelleren Wüchsigkeit oder einer Toleranz gegenüber der Rußrindenkrankheit noch zu verbessern. Die sich seit 2005 in Deutschland ausbreitende Rußrindenkrankheit an Ahorn, die von dem Pilz *Cryptostroma corticale* verursacht wird (METZLER 2006), könnte eventuell die Erfolgsaussichten des Anbaus von geriegelten Berg-Ahorn Klonen negativ beeinflussen. Momentan kommt die Krankheit vornehmlich im urbanen Bereich, also im Kontext von großem Salz- wie Hitzestress und Wassermangel vor. Daneben wird ein Auftreten der Krankheit in kleineren Waldbeständen beobachtet, wobei Ahornreinbestände bzw. Mischbestände mit sehr hohen Ahornanteilen betroffen sind (BURGDORF & STRABER 2019).

Vor dem Hintergrund der Klimaveränderungen wie dem Auftreten neuer Baumkrankheiten sollte die Produktpalette an Klonen mit Riegelstruktur auf andere einheimische Baumarten, wie z. B. Erle, Elsbeere oder Birnbaum ausgeweitet werden. So forscht z. B. die Arbeitsgruppe von Prof. Dr. PFRIEM an der Universität Eberswalde zur Verwendung einheimischer Hölzern im Gitarren-, Geigen und

Blasinstrumentenbau. Diese für die Musikinstrumentenbranche absolut zukunftsweisenden Forschungsaktivitäten beinhalten auch eine Verbesserung des Holzes durch thermische Behandlung (Thermoholz), sodass sich hier auch neue Forschungsfelder zum Riegelahorn-Holz ergeben könnten.

Schlussfolgerung

Im Rahmen des Riegelahorn-Projekts wurden alle Voraussetzungen für eine zeitnahe Prüfung und Zulassung von Riegelahorn-Klonen nach FoVG sowie den anschließenden kommerziellen Verkauf geschaffen. So wurden vom Thünen-Institut und der NW-FVA insgesamt vier Klonprüfungen (je zwei Versuchsflächen pro Institut) mit 16 *in vitro* vermehrten Riegelahorn-Klonen im identischen Versuchsdesign angelegt. Da erste, sichere Anzeichen einer Riegelstruktur bei Berg-Ahorn in einem Baumalter von zwölf Jahren auftreten, ist mit einem Zeithorizont von ca. 15 Jahren zu rechnen bis geradschaftige und deutlich geriegelte Riegelahorn-Klone eine Zulassung nach FoVG erhalten. Erst danach könnten In-vitro-Pflanzen von Riegelahorn-Klone durch die kommerziellen Praxispartner produziert werden. Hierbei ist eine sichere Identifizierung der Klone gewährleistet, da eine leistungsstarke Mikrosatelliten-Methode, die einen genetischen Fingerabdruck erlaubt, im Riegelahorn-Projekt erarbeitet wurde. Im Zuge der Genotypisierungsarbeiten im Projekt entstand zudem ein wertvoller Datensatz, der 1.231 Berg-Ahorn Proben umfasst.

Zukünftige Forschungen zum Riegelahorn sollten eine Verbesserung des Produkts „Riegelahorn-Klon“, z. B. hinsichtlich einer Toleranz gegenüber der Rußrindenkrankheit, zum Ziel haben. Daneben wäre anzustreben, die Produktpalette an geriegelten Klonen auf andere einheimische Baumarten, wie z. B. Erle, Elsbeere, Birnbaum auszuweiten. Der Bedarf an geriegeltem Berg-Ahorn und anderen einheimischen Hölzern in geriegelter Ausprägung wird sich im Musikinstrumentenbau zukünftig steigern angesichts der neuen Bestimmungen des Washingtoner Artenschutzübereinkommens.

Darüber hinaus wäre es wünschenswert, die im Riegelahorn-Projekt gewonnen Erkenntnisse zu nutzen und weiter an den Ursachen, die das Merkmal Riegelung hervorbringen, zu forschen. Die Ursachenforschung sollte hierbei vergleichend mit anderen Baumarten erfolgen, um das Phänomen der Riegelung in seiner Komplexität zu erfassen. Ferner ist die Entwicklung eines kostengünstigen Nachweistests für die Riegelung am lebenden Baum als ein durchaus wichtiges Forschungsdesiderat anzusehen.

Danksagung

Für die finanzielle Förderung des Verbundprojekts „Riegelahorn“ danken wir der Landwirtschaftlichen Rentenbank (LR-Förderkennzeichen 776393). Bei P. KNAUER vom Thünen-Institut (Waldsiefersdorf) bedanken wir uns sehr für die sorgfältige Durchführung der Laborarbeiten zur genetischen Analyse sowie für die Arbeiten in der In-vitro-Vermehrung. Für den Austausch mit wertvollem Riegelahorn-Material sowie die Unterstützung bei der Produktion von Riegelahorn-Pflanzen danken wir herzlich M. QUAMBUSCH, T. WETZEL und A. MEIER-DINKEL von der NW-FVA, einem Kooperationspartner im Projekt „Riegelahorn“. Großer Dank geht zudem an den Staatsbetrieb Sachsenforst, Revier Großröhrsdorf und die Landesforst Mecklenburg-Vorpommern, Forstamt Schlemmin für die Bereitstellung der Versuchsflächen zur Riegelahorn-Klonprüfung. Ferner danken wir M. PÖGE von der Baumschule Lürssen für die Möglichkeit, die Riegelahorn-Pfropfungen zu überprüfen und folgenden Personen für die Zusendung von Riegelahorn-Reisern: C. ZAISER, L. KLÖFFER, R. WARMUTH, D. FRITZLAR und R. HABERLAND.

Literatur

- BÄUCKER C, LIESEBACH H (2018) From *in vitro* clones to high-quality timber production: the project “Wavy Grain Maple”. In: DEGEN B, KRUTOVSKY KV, LIESEBACH M (Eds) German Russian Conference on Forest Genetics - Proceedings - Ahrensburg, 2017 November 21-23, Thünen Rep 62, Johann Heinrich von Thünen-Institut, Braunschweig, DE, pp 49–54
- BÄUCKER C, LIESEBACH H (2019) Weiterer DNA-Nachweis für einen monumentalen Solitär: Der Berg-Ahorn (*Acer pseudoplatanus* L.) im Hamburger Hirschpark. Mitt Deutsch Dendrol Ges 104:122–126. (ISBN 3-978-494-01794-5)
- BEALS HO, DAVIS TC (1977) Figure in wood: an illustrated review. Alabama Agricultural Experiment Station, Bulletin 486, Auburn University, Auburn, United States of America, 79 pp (ASIN B0006WK30Y)
- BURGDORF N, STRÄßER L (2019) Rußrindenkrankheit an Ahorn in Bayern. AFZ-DerWald 20:36–39.
- CONRAD J (1988) Seltene, abnorme Holzstrukturen und -farben bei Laubhölzern. Die Holzzucht 42:1–9.
- DUMOLIN S, DEMESURE B, PETIT RJ (1995) Inheritance of chloroplast and mitochondrial genomes in pedunculate oak investigated with an efficient PCR method. Theor Appl Genet 91:1253–1256.
<https://doi.org/10.1007/BF00220937>
- dds online (2012) unter: <https://www.dds-online.de/gestaltung/werkstoffe/unterm-moos-viel-los/> (abgerufen am 10.11.2019)
- EWALD D, SCHNECK V, LIESEBACH H (2006) Wavy grain sycamore – propagation and field trial. In: Bohnens J (Ed) Forstliche Genressourcen als Produktionsfaktor. Hessen-Forst Forsteinrichtung, Information, Versuchswesen, Hann.-Münden, DE, p 131
- 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.
<https://doi.org/10.12657/denbio.074.013>
- EWALD D, NAUJOKS G (2014) Bildung und Erkennung der Riegelung bei vegetativ vermehrtem Riegelahorn. AFZ-Der Wald 5:17–19.
- FAN Y, RUPERT K, WIEDENHOEFT AC, WOESTE K, LEXER C, MEILAN R (2013): Figured grain in aspen is heritable and not affected by graft-transmissible signals. Trees 27:973–983. <https://doi.org/10.1007/s00468-013-0849-1>
- FOSTER RC (1933) Chromosome number in *Acer* and *Staphylea*. Journal of the Arnold Arboretum 14 (4):386–393
- GEBHARDT K, BOHNENS J (2006) Mikrovermehrung und Klonprüfung bei Berg-/Riegelahorn. (Micropropagation and clonal tests of wavy grain sycamore maple). In: Bohnens J (Ed) Forstliche Genressourcen als Produktionsfaktor. Hessen-Forst Forsteinrichtung, Information, Versuchswesen, Hann.-Münden, DE, pp 146–153
- GRAIGNIC N, TREMBLAY F, BERGERON Y (2013) Development of polymorphic nuclear microsatellite markers in sugar maple (*Acer saccharum* Marsh.) using cross-species transfer and SSR-enriched shotgun pyrosequencing. Conservation Genet Resour 5:845–848. <https://doi.org/10.1007/s12686-013-9923-7>
- 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. <https://doi.org/10.1139/cjfr-2017-0007>
- KIKUCHI S, SHIBATA M (2008) Development of polymorphic microsatellite markers in *Acer mono* Maxim. Mol Ecol Resour 8:339–341. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01948.x>
- KRABEL D, WOLF H, KONNERT M, LIESEBACH M, SCHNECK V (2012) Bergahorn. Eine Baumart mit Züchtungspotential. AFZ-Der Wald 5:10–12.
- KRABEL D, WOLF H (2013) Sycamore Maple (*Acer pseudoplatanus* L.). In: Pâques LE (Ed.), Forest Tree Breeding in Europe: Managing Forest Ecosystems, Chap. 8, Springer, Dordrecht, DE, pp 373–402 (ISBN 978-94-007-6145-2)
- METZLER B (2006) *Cryptostroma corticale* an Bergahorn nach dem Trockenjahr 2003. Mitteilungen der Biologischen Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft 400:161–162.
- PACIFIC RIM TONEWOODS (2019) unter: <http://pacificrimtonewoods.com/research/> (abgerufen am 10.11.2019)
- PANDEY M, GAILING O, FISCHER D, HATTEMER HH, FINKELDEY R (2004) Characterization of microsatellite markers in sycamore (*Acer pseudoplatanus* L.). Mol Ecol Notes 4:253–255. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00633.x>
- PREROW H (2009) Der Berg-Ahorn: *Acer pseudoplatanus*. Charakteristika – Ökologie – Krankheiten und Schädlinge – Nutzung. Studienarbeit, 1. Auflage, GRIN Verlag, 24 pp (ISBN 978-3640554812)

SEGARRA-MORAGUES JG, GLEISER G, GONZÁLEZ-CANDELAS F (2008) Isolation and characterization of microsatellite loci in *Acer opalus* (Aceraceae), a sexually-polymorphic tree, through an enriched genomic library. *Conserv Genet* 9:1059–1062. <https://doi.org/10.1007/s10592-007-9451-7>

TAYLOR WR 1920. A morphological and cytological study of reproduction in the genus *Acer*. *Contrib Bot Lab Univ Pennsylvania* 5:111–138.

ZHOU C (2018) Development of micro-propagation in bigleaf maple (*Acer macrophyllum*) and screening for early markers preceding figured wood formation. Thesis for the Degree of Master of Science, Department of Biological Sciences, Faculty of Science, Simon Fraser University, Canada, 102 pp

Autoren

Dr. CORNELIA BÄUCKER, VOLKER SCHNECK

Thünen-Institut für Forstgenetik, Eberswalder Chaussee 3a, 15377 Waldsiedersdorf
cornelia.baeucker@thuenen.de

Dr. HEIKE LIESEBACH

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

Umwandlung einer Nachkommenschaftsprüfung in eine Samenplantage am Beispiel der Vogel-Kirsche

HELMUT GROTEHUSMANN

Zusammenfassung

Nachkommenschaftsprüfungen von Einzelbaumabsaaten bei Vogel-Kirsche sollten Auskunft über Phänologie, Wuchsleistung und Wuchsform der unterschiedlichen Erntevorkommen liefern. Weiterhin sollten in Familien mit guten Ergebnissen in einer Versuchsserie ausgewählt werden. In einem geeigneten Einzelversuch werden aus diesen Familien Elitebäume für spätere Beerntungen selektiert. In einer abgeschlossenen Versuchsserie mit Vogel-Kirsche werden die Ergebnisse der letzten Aufnahme im Alter 22 dazu verwendet, um eine Fläche aus dieser Serie in eine Samenplantage zu überführen.

Schlüsselworte: Samenplantage, Nachkommenschaftsprüfung, Sämlingssamenplantage, Selektion, *Prunus avium*

Abstract

Conversion of a progeny test into a seedling seed orchard exemplified on wild cherry

Progeny tests of individual tree seedlings in wild cherry trees should provide information about the phenology, growth performance and growth form of the different crops. Furthermore, families with good results are selected in a test series. In a suitable single site experiment, elite trees are selected from these families for later harvesting. In a terminated progeny test series with wild cherry, the results of the last assessment at age 22 are used to convert one trial in this series to a seed orchard.

Keywords: seed orchard, progeny test, seedling seed orchard, selection, *Prunus avium*

Einleitung

Vogel-Kirsche ist eine der wirtschaftlich sehr interessanten, selteneren Laubbaumarten. Der Anbau ist in den letzten eineinhalb Jahrzehnten kontinuierlich gestiegen, denn die Vogel-Kirsche erfüllt durch ihre Blüte im Frühjahr sowie durch die Früchte im Herbst auch vielfältige ökologische Funktionen. Darüber hinaus sollte die Vogel-Kirsche als wärmeliebende Art von der prognostizierten Klimaerwärmung profitieren. Sie liebt tiefgründige, mäßig frische bis frische Standorte. Durch den hohen Holzpreis, der Eichenfurnierholz vergleichbar ist, und die relativ kurze Umtriebszeit ist auf Standorten mit guter bis sehr guter Nährstoffversorgung eine hohe Wertholzerwartung gegeben. Von einem Anbau auf landwirtschaftlichen Grenzertragsböden ist eher abzusehen.

Herkunftsversuche und Nachkommenschaftsprüfungen von Vogel-Kirsche gab es anfangs der 1990er Jahre nur in begrenztem Umfang. Zur Erweiterung der Kenntnis über die Variabilität von Vogel-Kirsche wurden Ende der 1980er Jahre Einzelbaumabsaaten von verschiedenen deutschen Vogel-Kirschenvorkommen eingesammelt. Nachkommenschaftsprüfungen dieser Einzelbaumabsaaten sollten Auskunft über Phänologie, Wuchsleistung und Wuchsform der unterschiedlichen Erntevorkommen liefern und gleichzeitig Aufschluss über die Variabilität innerhalb von Herkünften geben. Wenn es die Ergebnisse gerechtfertigt erscheinen lassen, könnten einzelne diese Nachkommenschaftsprüfungen nach Ende der Versuchsdauer in „Sämlings-Samenplantagen“ umgewandelt werden. Die von definierten Plusbäumen

geernteten geernteten Nachkommenschaften sind Halbgeschwisterfamilien mit bekannter Mutter, die von unbekanntem Pollenspendern in freier Abblüte bestäubt wurden. In Halbgeschwisterfamilien mit guten Ergebnissen im Versuch bzw. in der Versuchsserie könnten Einzelbäume zur späteren Beerntung selektiert werden.

Mit Einzelstammabsaaten wurden mehrere Versuche in einer Serie angelegt und mehrfach aufgenommen. Die gesamte Serie wurde zwischenzeitlich abgeschlossen. Am Beispiel der größten Fläche dieser Serie in Hochstift wird ein Weg vorgeschlagen, wie die Umwandlung in eine Saatgutquelle erfolgen könnte.

Material und Methode

Der Großteil der Einzelbaumabsaaten stammt aus Norddeutschland. In Niedersachsen wurden neun Vorkommen ausgewählt, drei in Schleswig-Holstein und fünf aus der übrigen Bundesrepublik. Daneben wurden noch je ein Vorkommen in Belgien, Ungarn und in Italien beerntet. Innerhalb dieser Vorkommen wurde eine unterschiedliche Anzahl an Einzelbäumen beerntet. Die Auswahl der Einzelbäume geschah unter Berücksichtigung von Vitalität, Leistung und Qualität, d. h. es wurden Plusbaumkriterien zugrunde gelegt.

Tabelle 1: Standortbeschreibung der Versuchsflächen und Versuchsdesign

Forstamt	Hochstift	Kusel	Münden	Nienburg	Ankum
Revier	Mindenerwald	Glan	Goseplack	Erdmannshausen	Helfern
Abt.	118	49 2a	2095 j 3	2027	2050 j 2
Wuchsgebiet	Mittelwestnieder-sächsisches Tiefland	Saar-Nahe Bergland	Mitteldeutsches Trias-Berg- und Hügelland	Mittelwestnieder-sächsisches Tiefland	Weserbergland
Wuchsbezirk	Geest-Mitte	Westricher Bergland	Solling-Vorland	Geest-Mitte	Osnabrück-Ravensberger Berg- und Hügelland
Größe (ha)	2.4	1.2	0.7	0.7	0.5
Höhe ü.NN	56	360	220	60	160
Niederschlag (mm)					
Jahr	600	769	677	700	800
Vegetationszeit	300	325	340	331	350
Temperatur (° C)					
Jahr	8.5	8.0	7.0	8.6	10.0
Vegetationszeit	14.5	14.1	13.0	14.7	14.7
Pflanzung	Frühj '91	Frühj '91	Frühj '91	Frühj '92	Frühj '92
Prüfglieder	160	100	100	52	23
Verband	2*2	2*2	2*2	2*2	2*2
Wiederholungen	3	3	3	3	3
Pflanzen/Parz	12	12	12	16	16

Im Frühjahr 1989 erfolgte die Aussaat von insgesamt 178 Einzelstammabsaaten. Im Frühjahr 1991 wurden 5 Versuchsflächen mit 1 + 1 jährigen Sämlingen in fünf Forstämtern angelegt. 160 Nachkommenschaften

wurden in Hochstift gepflanzt. Ein Teil des Saatgutes hat übergelegen, ist ein Jahr später aufgelaufen und wurde im Frühjahr 1992 zur Anlage von Versuche in drei weiteren Forstämtern verwendet. Drei Versuche wurden bereits 2006 abgeschlossen. Die Standortsangaben und das Versuchslayout der fünf verbliebenen Versuche ist in Tabelle 1 angegeben. Die Flächengröße variiert erheblich und dadurch wird auch die Anzahl der geprüften Nachkommenschaften je Fläche beeinflusst. In Hochstift werden auf 2,4 ha Fläche 160 Prüfglieder getestet, während in Ankum nur 23 Prüfglieder auf 0,5 ha Fläche untersucht werden.

In der Tabelle 2 werden Angaben zu den Erntequellen und der Anzahl der Einzelbaumnachkommenschaften je Vorkommen gegeben. Der überwiegende Teil der Nachkommenschaften wird nicht nur in Hochstift, sondern auch auf anderen Flächen geprüft. Es handelt sich überwiegend um Halbgeschwisterfamilien (Einzelstammabsaaten von Plusbäumen). Lediglich eine der beiden Absaaten aus Ungarn stammt von einem Bestand, ebenso wie das Prüfglied aus dem Odenwald und aus Breisach wurde eine Absaat der Samenplantage Liliental in den Versuch mit einbezogen. Die Verteilung der der Nachkommenschaften auf die fünf Versuche ist aus der Tabelle2 ersichtlich.

Tabelle 2: Beerntete Vorkommen; Bundesland / Herkunft (Einzelbaumabsaaten je Vorkommen, Prüfgliedbezeichnungen) und Verteilung auf fünf Versuche

Land / Bundesland	Herkunft	Fläche					
		Hochstift	Kusel	Münden	Nienburg	Ankum	
Deutschland	BW	<i>Breisach</i> (1, SP_Liliental)	1	1	1		
	HE	<i>Odenwald</i> (1, Bestand)	1				
	NI	<i>Ankum</i> (5, Pal_xx)	5	1	1	1	1
	NI	<i>Braunschweig</i> (3, Bschw_xx)	3				
	NI	<i>Dassel</i> (9, Ein_xx)	9	5	3	2	
	NI	<i>Grünenplan</i> (8, Stauff_xx)	8	3			
	NI	<i>Liebenburg</i> (21, Diek_xx, Lieb_xx)	20	14	8	3	3
	NI	<i>Osnabrück(LWK)</i> (4, OsnaSch_xx)	4	2	1	1	1
	NI	<i>Saupark</i> (7, Sau_xx)	6	2	1	1	
	NI	<i>Wolfenbüttel</i> (12, Schoe_xx)	12	7	6	9	4
	NW	<i>Hürtgenwald</i> (2, Huert_xx)	1			1	1
	NW	<i>Ville</i> (12, Vi_xx)	12	4			
	NW	<i>Wesel</i> (7, Wes_xx)	7	5	2		
	NW	<i>Xanten</i> (9, Xant_xx)	9	4		1	
	RP	<i>Zweibrücken</i> (8, Zwei_xx)	5				
	SH	<i>Farchau (LWK)</i> (2, Far_xx)	2	1		1	
	SH	<i>Lensahn</i> (29, Len_xx)	29	20	19	6	
	SH	<i>SHLF Süd</i> (24, Eut_xx, Reif_xx)	16	5		5	5
Belgien		<i>Bois d'Yves</i> (10, Bois_xx)	7	3	1	5	5
Ungarn		<i>Unbekannt</i> (1 Bestand, 1 NK, Ung_xx)	2	1			
Italien		<i>Unbekannt</i> (1, Ita_xx)	1				
<i>gesamt</i>			160	78	43	36	20

In 2010 erfolgte eine Läuterung auf den Flächen und in 2011 wurden die fünf verbliebenen Versuche

letztmalig aufgenommen. An sämtlichen noch lebenden Pflanzen wurde der BHD ermittelt. Die Höhe wurde an einem Drittel der zumindest mitherrschenden Pflanzen jeder Parzelle (max. 4 Pflanzen) gemessen. Fehlende Höhenwerte wurden über eine Höhenkurve nach (Rau et al. 2015) ermittelt. Die Stammzahl je Hektar wurde aus Parzellengröße, Verband und Anzahl voll vitalen Pflanzen separat für jede Parzelle ermittelt. Die Qualitätsmerkmale wurden nach den in Tabelle 3 wiedergegebenen Schemata bonitiert.

Tabelle 3: Boniturschemata für die Qualitätsmerkmale

Merkmal	Bonitur	Beschreibung
Status am Pflanzplatz	1	Baum vorhanden, voll vital
	2	Baum vorhanden, Überleben fraglich
	3	Baum tot oder fehlt
	4	Baum entnommen
	5	andere Baumart anstelle Versuchspflanze
Stammform	5	zweischnürig, ganz gerade
	4	einschnürig, geringe Bögen
	3	unschnürig, geringe bis mittlere Bögen
	2	unschnürig, mittlere bis starke Bögen
	1	Stamm krumm oder knickig
Wipfelschäftigkeit	5	durchgehend wipfelschäftig
	4	Stammauflösung in $\frac{3}{4}$ der Baumhöhe
	3	Stammauflösung in $\frac{1}{2}$ der Baumhöhe
	2	Stammauflösung in $\frac{1}{4}$ der Baumhöhe
	1	Stammauflösung von Basis her
Gesamtqualität (waldbauliche Eignung)	5	sehr gut
	4	gut
	3	bedingt
	2	weniger geeignet
	1	ungeeignet

Bei Bäumen, die angeschoben, unterständig oder einen Kronenbruch aufwiesen, wurde auf eine Bonitur der Qualitätsmerkmale verzichtet und nur eine BHD-Messung vorgenommen. Für die Datenanalyse wurden mit Einzelpflanzendaten die Parzellenmittelwerte für jedes Merkmal berechnet. Alle Versuche wurden als unvollständige Blockanlage mit 3 Wiederholungen (Dreisatzgitter) angelegt. Die varianzanalytische Auswertung für den Einzelversuch erfolgte zunächst prüfgliedweise auf Basis von Parzellenmittelwerten nach folgendem Modell:

$$x_{ijk} = \mu + \gamma_i + \beta_j + \rho_{jk} + \varepsilon_{ijk}$$

Dabei ist x_{ijk} der beobachtete phänotypische Wert von Prüfglied i in Wiederholung j im Block k , μ das Gesamtmittel, γ_i der Effekt von Prüfglied i , β_j der Effekt von Wiederholung j , ρ_{jk} der Effekt des Blocks k innerhalb Wiederholung j und ε_{ijk} der Versuchsfehler. Dabei wurde das gemischte Modell zugrunde gelegt und die Prüfglieder als fixe, Wiederholungen und Blöcke innerhalb Wiederholungen als zufällige Faktoren betrachtet. Die Verrechnung erfolgte mit der Prozedur Proc Mixed des Programmpaketes SAS.

Die fünf Flächen unterscheiden sich stark hinsichtlich Anzahl an Prüfgliedern und deren Aufteilung. Nur drei Prüfglieder sind auf allen fünf Flächen vertreten. Es handelt sich um zwei Absaaten aus Wolfenbüttel (Schoe_141-2 und Schoe_141-8) und die Nachkommenschaft OsnaSch-22 aus Osnabrück. Diese Nachkommenschaften werden als Vergleichsgruppe zur Bewertung der übrigen Prüfglieder herangezogen. Merkmalsweise wurde zunächst eine Varianzanalyse der Einzelversuche durchgeführt. Die um die Blockeffekte bereinigten Prüfgliedmittelwerte je Ort wurden danach in Relation zu dieser Vergleichsgruppe (=100 %) ausgedrückt. Dies ist eine leicht verständliche Maßzahl, da Werte über 100 % eine Überlegenheit gegenüber dem Vergleich ausdrücken.

Für eine zweite Maßzahl wurden die adjustierten Prüfgliedmittelwerte je Ort einer z-Transformation unterzogen. Die Differenz der einzelnen Prüfgliedwerte je Merkmal mit dem Vergleichsgruppenmittel dividiert durch die Standardabweichung ergibt einen maßstabsunabhängigen Wert je Prüfglied, den z-score.

Zur Beurteilung der Nachkommenschaften wurden die Merkmale Höhe (gewichtet mit 0.15), BHD (0.15), Anzahl Pflanzen (0.1), Gesamtqualität (0.3), Stammform (0.1), Kronenform/Wipfelschäftigkeit (0.1) und Anteil Steilläste (0.1) und zu einem Bewertungsindex zusammengefasst. Die stärkere Betonung der Qualitätsmerkmale mit 60 % im Index erscheint bei Vogel-Kirsche im Hinblick auf die Verwendung zur Wertholzproduktion gerechtfertigt.

Für die beiden Maßzahlen „Relativwerte“ und „z-score“ wurden Indizes berechnet, wobei im ersten Fall die Versuchsgenauigkeit unberücksichtigt bleibt, während der aus den z-transformierten Prüfgliedwerten berechnete Index diese beachtet. Die Indexwerte je Prüfglied und Versuch wurden gemittelt und die Indizes für die Einzelversuche ermittelt. Aus den Einzelversuchsindizes resultieren die Serienindizes je Prüfglied. Diese wurden nach ihrem Rang sortiert und in Quartile (Gruppen, die jeweils 25 % der Prüfglieder mit absteigenden Rängen enthalten) unterteilt.

Ergebnisse

Die an den einzelnen Versuchen ermittelten Merkmalsausprägungen sind in Abbildung 1 abgebildet. Ein blauer Punkt innerhalb der Boxen symbolisiert das Versuchsmittel, ein rotes Dreieck das Mittel der Vergleichsgruppe. Bei den drei Qualitätsmerkmalen handelt es sich um durchschnittliche Boniturnoten, bei denen hohe Werte eine bessere Qualität verschlüsseln.

Bei vier der dargestellten Merkmale stimmen das Serienmittel und das Versuchsmittel in Hochstift fast überein. In Hochstift gibt es deutlich weniger Pflanzen je Hektar und die Kronenform (Wipfelschäftigkeit) ist schlechter als in der Serie. Die Mittelwerte der übrigen Versuche weichen mehr oder weniger stark vom Serienmittel ab.

Die zur Prüfgliedbewertung herangezogene Vergleichsgruppe unterscheidet sich je nach Versuch und Prüfgliedaufteilung (Abbildung 1). In Hochstift, wo 160 von 178 Nachkommenschaften geprüft werden, ist deren Leistung bei Höhe, BHD und Stammzahl/ha besser als die mittlere Leistung aller Prüfglieder dieses Versuchs, bei den Qualitätsmerkmalen reagiert die Vergleichsgruppe in Hochstift vergleichbar dem Versuchsmittel.

Abbildung 1: Merkmalsausprägung an einzelnen Orten ; Mittelwerte (●) und Spannweiten sowie Vergleichsgruppe (▼) und Serienmittel (---)

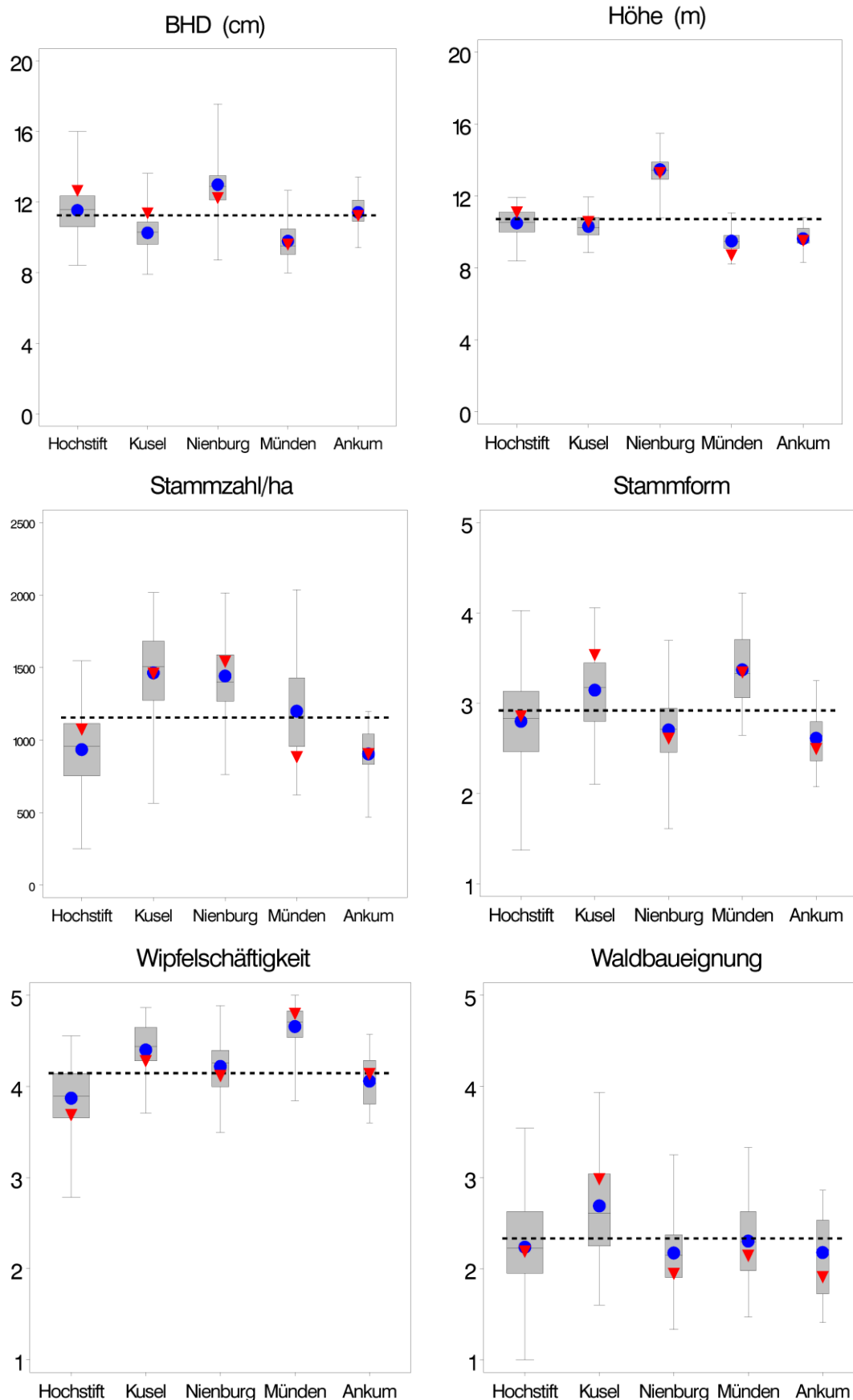
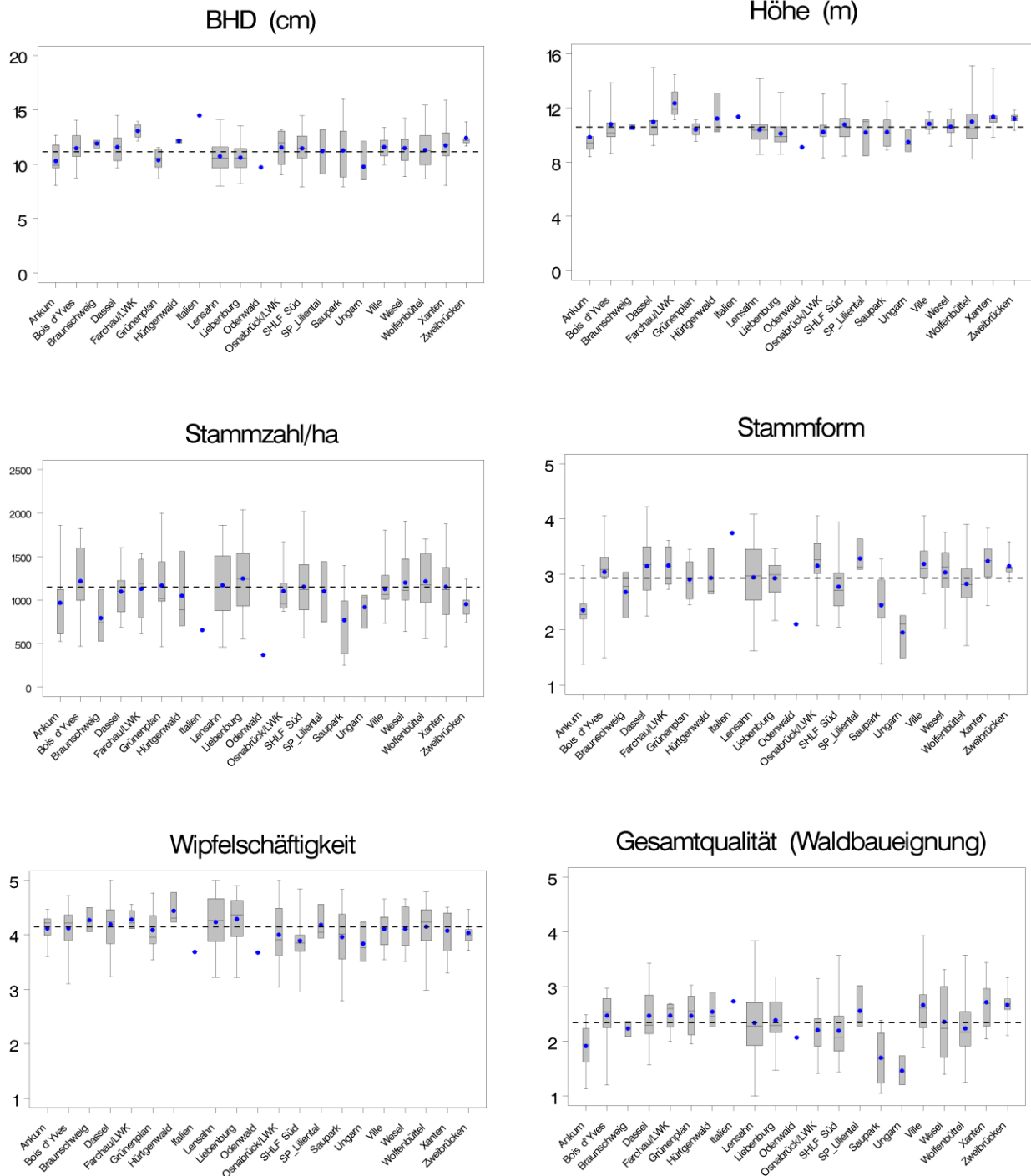


Abbildung 2: Merkmalsausprägung bei Saatgutquellen in Serie; Mittelwerte (●) und Spannweiten (--- : Serienmittel)

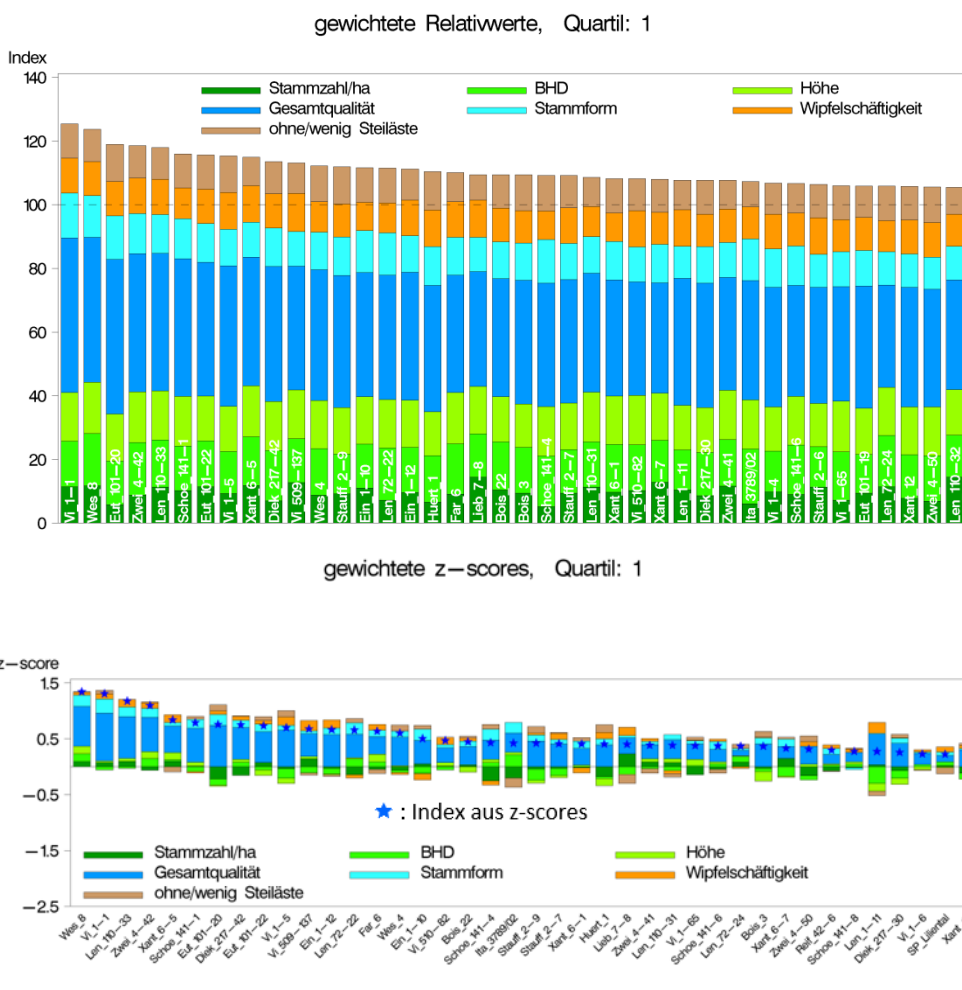


Die Merkmalsausprägungen der verschiedenen Nachkommenschaften in der Serie sind in Abbildung 2 dargestellt. Wegen der Vielzahl an Prüfgliedern sind deren Ergebnisse zu Herkünften bzw. Ernteorten (Saatgutquellen) zusammengefasst. Die Breite der Boxen schwankt in Abhängigkeit von der Anzahl Einzelstammabsaaten einer Saatgutquelle. Die beiden Herkünfte Odenwald und Italien sind nur mit einer Nachkommenschaft in der gesamten Serie vertreten (Tabelle 2) und weisen daher keine Boxen sondern nur einen durch den Punkt dargestellten (Mittel)wert auf. Die gestrichelte waagerechte Linie repräsentiert

das Serienmittel und dient als Anhalt zur Beurteilung der Herkünfte. Weniger geeignete Herkünfte, wie z.B. Ankum weisen Mittelwerte auf, die bei allen Merkmalen unterhalb des Serienmittels liegen. Auf der anderen Seite stehen Herkünfte wie Xanten und besonders Zweibrücken mit Merkmalswerten oberhalb des Serienmittels.

Herkünfte mit einer größeren Zahl an Nachkommenschaften (Lensahn, Liebenburg, SHLF Süd) besitzen Mittelwerte nahe dem Serienmittel, verbunden mit einer hohen Spannweite bei den Einzelwerten. Herkünfte aus Schleswig-Holstein (Lensahn, SHLF Süd) zeigen eine hohe Variation, während beispielsweise Nachkommenschaften aus Liebenburg (Niedersachsen) zumindest bei den Qualitätsmerkmalen deutlich stabiler sind. Die beiden ungarischen Nachkommenschaften sind an den geprüften Standorten ungeeignet, die Absaat aus Italien ist in allen Fällen besser als das Serienmittel.

Abbildung 3: Einzelstammsabsaaten in Hochstift; Rangfolge der geprüften Familien im besten Viertel bei zwei Indizes



Zur Bewertung der Prüfglieder in Einzelversuchen und in der Serie werden die Merkmale zu einem Bewertungsmaßstab zusammengefasst. Dazu werden bei sieben Merkmalen die relativen Abweichungen der Prüfglieder von der Kontrollgruppe ermittelt, gewichtet und zu einem Index kombiniert. Für den Versuch in Hochstift ist das Ergebnis dieser Indexberechnung aus den Relativabweichungen in Abbildung 3 dargestellt. Daneben wird auch aus den Werten nach z-Transformation (z-scores) ein Index gebildet, der die unterschiedliche Genauigkeit der bei der Merkmalserfassung berücksichtigt. Beide Indizes wurden gewichtet, wobei die Merkmale Höhe, BHD und Anzahl Pflanzen zu 40 %, die Qualitätsmerkmale zu 60 %

im Index Berücksichtigung fanden. Von den insgesamt 160 Nachkommenschaften an diesem Standort ist in beiden Fällen nur das beste Viertel (Quartil) aufgeführt.

Zwischen beiden Indizes variiert die Rangfolge der Familien geringfügig und 35 von 40 Nachkommenschaften des 1. Quartils sind gemeinsam in beiden Indizes enthalten. Unter den nur im z-score Index enthaltenen Nachkommenschaften des 1. Quartils ist auch die Plantagenabsaat Liliental.

Wenn der Versuch in Hochstift in eine Saatgutquelle umgewandelt werden soll, ist die Leistung der Saateltern auch an anderen Standorten interessant und sollte zur Auswahl der Plusbäume herangezogen werden. Hierfür wurde der aus den z-scores ermittelte gewichtete Index verwendet. Für die in Hochstift vorhandenen Nachkommenschaften wurden, wenn deren Prüfung auch an anderen Standorten erfolgte, auch die dortigen z-score Indizes berechnet. Aus dem Mittel der Einzelversuchsindizes ergibt sich der Serienindex je Nachkommenschaft. Die Ergebnisse dieser Berechnungen sind in Abbildung 4 dargestellt. Die Standortsindizes werden durch blaue Sternchen dargestellt, in deren Mitte der Anfangsbuchstabe des betreffenden Versuchs steht. Die einzelnen Standortsindizes werden gemittelt und symbolisieren als rote Punkte den Serienindex der einzelnen Prüfglieder. Die Absaaten wurden anhand des Serienindex in 4 Quartile unterteilt.

In 1. Quartil gibt es einige wenige herausragende Familien, denn am Anfang dieser Gruppe unterscheiden sich die einzelnen Indizes deutlicher als an deren Ende. Umgekehrt gibt es am Ende des letzten Viertels Familien mit stark abfallenden Indexwerten. Die Unterteilung in 4 Quartile erleichtert die Auswahl der Familien mit Eltern, die zur Saatgutproduktion auf der Fläche verbleiben sollen. Die besten Bäume aus Nachkommenschaften des 1. Quartils gehören dazu, während Familien aus dem 4. Quartil unerwünschte Saateelterne sind und komplett entfernt werden sollten. Bäume von Nachkommenschaften aus den beiden anderen Quartilen können zum Plantagenaufbau herangezogen werden und je nach Verteilung auf der Fläche verbleiben bzw. entnommen werden.

Die Zuordnung der einzelnen Bäume zu den Parzellen ist sehr gut möglich. Die Fläche in Hochstift entstand nach einer Ackeraufforstung und der Verband konnte exakt eingehalten werden. Die Parzellenmarkierung ist ebenfalls noch intakt. In Abbildung 5 ist die Baumverteilung auf der Fläche in Hochstift vor der Umwandlung in eine Samenplantage zu sehen und die Situation nach der ersten Durchforstung. Die Parzellen mit Nachkommenschaften des 4. Quartils sind entnommen und in den verbleibenden Parzellen sollen die besten Bäume in den ersten beiden Quartilen nach und nach freigestellt werden.

Abbildung 4: Einzelstammabsaaten in Versuchsserie: Serienindex (●) und Merkmalsindizes in den Versuchflächen Hochstift, Ankom, Münden, Kusel und Niendorf

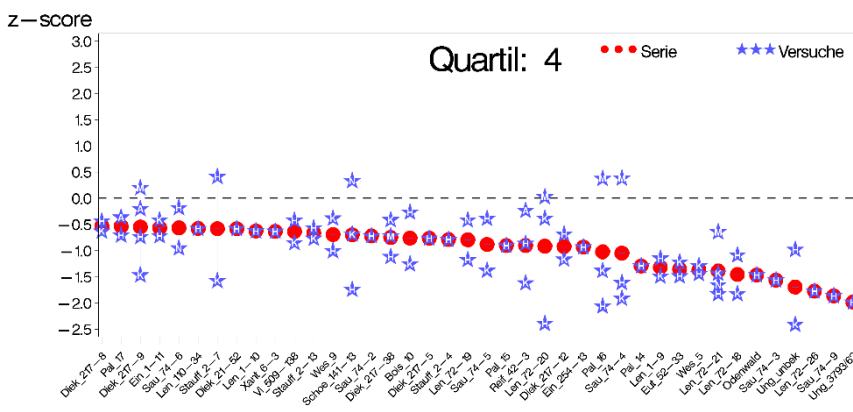
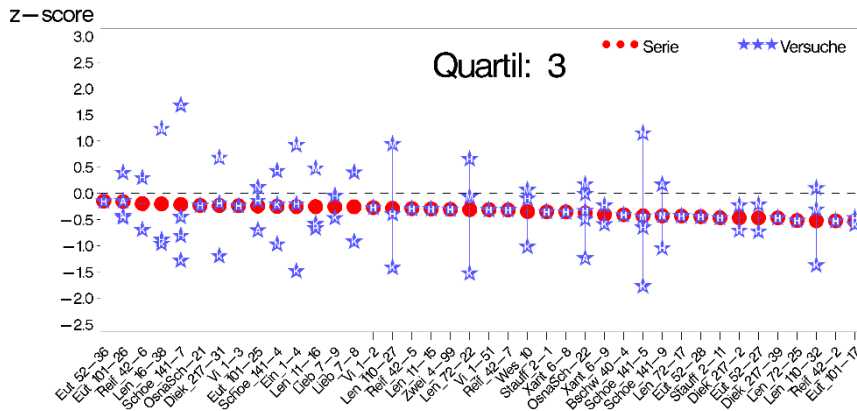
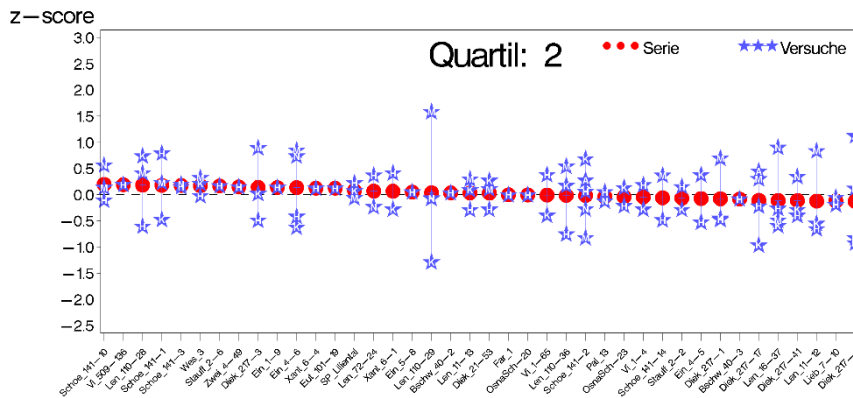
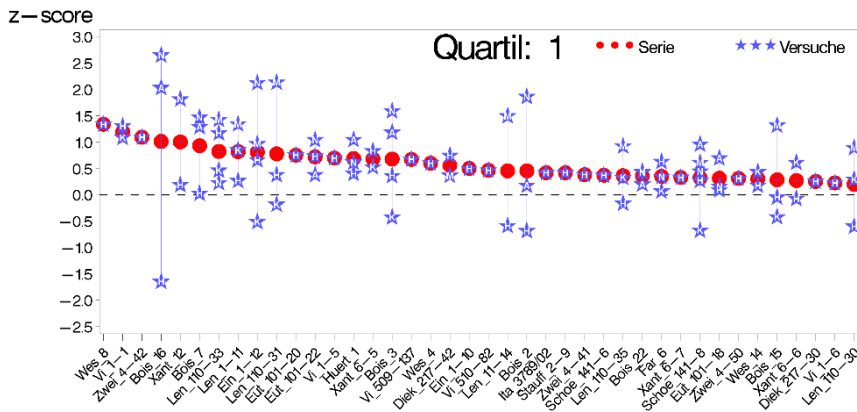


Abbildung 5: Versuchsplan mit Nachkommenschaften in 4 Quartilen und nach beginnender Durchforstung



Diskussion

Die Nutzung der in natürlichen Beständen vorkommenden Variabilität ist die Basis für Züchtungsarbeiten. Bäume mit erwünschten Eigenschaften (Plusbäume) werden selektiert, das von ihnen geerntete Saatgut wird gemischt und in der folgenden Generation als verbesserte Population angebaut. Diese als Massenauslese bezeichnete Vorgehensweise ist bei fremdbefruchtenden Arten die einfachste Zuchtmethod (BECKER 1993). Wenn die ausgewählten Plusbäumen zur Anlage einer Samenplantage verwendet werden, ist der genetische Gewinn doppelt so hoch, als wenn das von ihnen im Bestand geerntete Saatgut aus freier Abblüte verwendet würde (ERIKSSON et al. 2013).

FABRICIUS (1922) schlug vor, ausgewählte Plusbäume einer „Individualauslese mit Beurteilung der Nachkommenschaft“ zu unterziehen. Ein früher Hinweis auf eine Sämlingssamenplantage findet sich bei SCHRÖCK (1949). Plusbäume sollten nach Saat bereits im Dickungsalter ausgewählt und beerntet werden.

Ihre Nachkommenschaften werden nebeneinander angebaut und liefern das Saatgut für die Bestände zur Holzproduktion. Noch in die 1950er Jahren hinein wurden Samenplantagen überwiegend als Produktionsstätte für Saatgut zur normalen forstlichen Bewirtschaftung angesehen (GRANHOF 1991).

Werden Samenplantagen als Quelle für weiterführende Züchtungsprogramme verwendet, müssen sie sorgfältig geprüft werden, um die genetische Qualität der ausgewählte Plusbäume oder Plusbaumfamilien zu bestimmen (LIBBY 1964; KANG 2001). In einer derartigen Nachkommenschaftsprüfung werden zwar Nachkommen untersucht, geprüft wird jedoch der Genotyp der Eltern (KRAUS 1984, ERIKSSON et al. 2013) und ein Rückschluss auf die Eltern wird als „backward selection“ bezeichnet. Die Ergebnisse aus Nachkommenschaftsprüfungen nutzt man, um eine Samenplantage nach der genetischen Qualität der Plusbaumklone zu durchforsten und erhält als Ergebnis eine Samenplantage 1.5 (FUNDA & EL-KASSABY 2012; ERIKSSON et al. 2013). Die langwierige Neuanlage einer Plantage mit den genetisch geprüften Plusbäumen und ohne Durchforstungslücken wird als Hochzuchtsamenplantage bezeichnet und entspricht im Wesentlichen einer Samenplantage 1.5.

Der Wunsch nach schnellerem Züchtungsfortschritt führte zu Überlegungen, Nachkommenschaftsprüfungen in eine Sämlingssamenplantage umzuwandeln und als Quelle für weiterführende Züchtungsprogramme zu nutzen (KRAUS 1984). Die Ergebnisse der Prüfung sollten dazu benutzt werden, ungeeignete Familien komplett von der Fläche zu entfernen. Diese nach vorn gerichtete Selektion wird als „forward selection“ bezeichnet. Verschiedene Konzepte mit Sämlingssamenplantagen wurden experimentell getestet (HAMILTON 1984; WOODS et al. 1995; HANSEN et al. 2005; KANG et al. 2005; NA et al. 2015). Die vorwärts gerichtete Familienselektion beruhte dabei auf Ergebnissen aus einer Versuchsserie oder allein auf den auf der Sämlingsplantage gewonnenen Daten.

Je nachdem ob die Saatguterzeugung im Vordergrund steht, oder ob Samenplantagen Teil eines Züchtungsprogramms sind, werden Sämlingssamenplantagen in verschiedene Typen unterteilt (GRANHOF 1991; BARNES 1995). Bei vorwärts gerichteter Selektion ist die Identifizierung der besten Einzelbäume in den besten Familien das primäre Ziel (ERIKSSON et al. 2013). Die dazu erforderlichen Nachkommenschaftsprüfungen werden normalerweise im forstüblichen Verband angelegt, während die Saatgutproduktion einen Weitverband erfordert (SCHMIDT 1993). Der Konflikt kann durch unterschiedliche Versuchsdesigns gelöst werden (CANNON & SHELBORNE 1993).

Eine weitere Schwierigkeit bei der vorwärts gerichteten Selektion besteht darin, dass die Zuchtwertschätzung eines Plusbaums beträchtliche Variation aufweist, da die Auswahl des besten Baums innerhalb der besten Familie wegen der geringen Heritabilität (0.15 – 0.20) relativ unpräzise ist (Johnson und Jayawickrama 2003). Es besteht dann das Risiko, dass die Vorwärtsauswahl fehlerhaft ist und einzelne Prüfglieder mit Zuchtwerten weit unter dem erwarteten genetischen Niveau enthalten könnte (Burdon und Kumar 2004). Eine Selektion der besten Familien unter Berücksichtigung mehrerer Standorte wie in der vorliegenden Versuchsserie schränkt dieses Risiko jedoch ein.

Nicht alle in Hochstift geprüften Familien sind auf weiteren Standorten vertreten. Bei Nachkommenschaften, die nur in Hochstift geprüft werden, kann zwangsläufig nur der dort bestimmte Index zur Bewertung und Auswahl der Familien herangezogen werden. Beim überwiegenden Teil der in Hochstift geprüften Familien beruht die Familienselektion auf der verlässlicheren Serienleistung. In einigen Fällen unterscheiden sich Indexränge am Auswahlort Hochstift von denen der Serie. Im 1. Quartil haben die Familien Bois_16, Bois_2 und Len_11-14 die schlechtesten Bewertungen am Auswahlort und damit große Differenzen zum Serienindex. Umgekehrt haben im 3. und 4. Quartil drei Absaaten (Len_72-22, Len_110-32, Stauff_2-7) eine niedrige Serienbewertung aber einen hohen Standortindex in Hochstift. Da der Serienindex die Leistung an mehreren Standorten berücksichtigt, ist er das bessere Auswahlkriterium.

Die Vor- und Nachteile von Sämlingssamenplantagen im Vergleich zu Klonsamenplantagen wurden vielfach diskutiert (BARBER & DORMAN 1964; GODDARD 1964; JOHNSSON 1964; GRANHOF 1991; ERIKSSON et al. 2013). Hauptprobleme sind das spätere Blühverhalten, die schwierigere Einschätzung der genetischen Qualität, das für Nachkommenschaftsprüfungen nötige Versuchsdesign und das dem entgegenstehende

optimale Plantagendesign, sowie die Tatsache, dass ein zur Saatgutproduktion optimaler Standort - und damit ein optimaler Ort für eine Samenplantage - nicht zwangsläufig auch der typische Standort einer Population zur Holzproduktion ist.

Wegen der relativ kleinen Parzellen sind die in Hochstift entstandenen Lücken nach Entnahme von Parzellen des 4. Quartils nicht sehr groß. Um sie dennoch zu füllen, bietet sich eine Nachbesserung mit Pflanzlingen aus gut bewerteten Familien an. Dadurch wird zum einen die Dauer der Saatgutproduktion verlängert und andererseits auch die Stabilität des Bestandes erhöht. Bäume aus den besten Familien der Serienbewertung sollten zur Pflanzfreierwerbung auf der Sämlingssamenplantage herangezogen werden. Die Bäume auf der Fläche beginnen bereits zu fruktifizieren, so dass die Pflanzlinge ebenfalls bald zum Saatgutertrag beitragen können.

Mit dem hier vorgeschlagenen Verfahren wird die Verfügbarkeit von genetisch verbessertem Material beschleunigt. In Deutschland gibt es allenfalls bei Pappeln für Kurzumtriebsplantagen ein Züchtungsprogramm mit mehreren aufeinanderfolgenden Selektionsschritten (HOFMANN et al. 2019). Bei den übrigen Bauarten (ohne Hybridlärche) sind deutschlandweit in den beiden Kategorien „Qualifiziertes Ausgangsmaterial“ und „Geprüftes Ausgangsmaterial“ 301 Samenplantagen mit insgesamt 759 ha vorhanden (BLE 2019). Es handelt sich hier zum überwiegenden Teil um Samenplantagen der Generation 1.0. Lediglich drei der geprüften Plantagen sind nach Einzelklonselektion aufgrund von Nachkommenschaftsprüfungen (Generation 1.5) entstanden. Es gibt viele Versuche mit Plusbaumabsaaten aber nicht immer sind die Voraussetzungen für eine Umwandlung in Sämlingssamenplantagen so günstig wie in Hochstift. Die aus der Sämlingssamenplantage (und auch aus allen Klonsamenplantagen) entstehenden Bestände sollten dokumentiert werden, um aus ihnen Plusbäume für weitere Selektionszyklen auszuwählen.

Literatur

- BARBER JC, DORMAN KW (1964) Clonal or Seedling Seed Orchards? *Silvae Genet.* 13(1–2):11–17.
- BARNES RD (1995) The Breeding Seedling Orchard in the Multiple Population Breeding Strategy. *Silvae Genet.* 44(2–3): 81–88.
- BECKER H (1993) Pflanzenzüchtung. Stuttgart: Ulmer.
- BLE (2019) BLE - Forstliches Vermehrungsgut - Zusammenstellung über zugelassenes Ausgangsmaterial für forstliches Vermehrungsgut in der Bundesrepublik Deutschland (Stand: 01.07.2019) [Internet]. [accessed 2020 Feb 9]. http://www.ble.de/SharedDocs/Downloads/02_Kontrolle/07_SaatUndPflanzgut/Ausgangsmaterial_Zusfassg.html?nn=2307366
- BURDON RD, KUMAR S (2004) Forwards versus backwards selection: trade-offs between expected genetic gain and risk avoidance. *NZ J Sci.* 34 (1): 3–21.
- CANNON PG, SHELBOURNE CJA (1993) Forward selection plots in breeding programmes with insect-pollinated tree species. *N Z J For Sci.* 23 (1): 3–9.
- ERIKSSON G, EKBERG I, CLAPHAM D (2013) Genetics Applied to Forestry - An Introduction [Internet]. 3. [place unknown]; [accessed 2014 Jul 7]. http://forest-genetic-resources-training-guide.biodiversityinternational.org/fileadmin/biodiversityDocs/Training/FGR_TG/additional_materials/Forest_Genetics.pdf
- FABRICIUS L (1922) Holzartenzüchtung. *Forstwissenschaftliches Cent.* 44: 86–103.
- FUNDA T, EL-KASSABY YA (2012) Seed orchard genetics. *CAB Rev Perspect Agric Vet Sci Nutr Nat Resour* [Internet]. [accessed 2020 Jan 3] 7(013). <http://www.cabi.org/cabreviews/review/20123176284>
- GODDARD RE (1964) Tree Distribution in a Seedling Seed Orchard Following Between and Within Family Selection. *Silvae Genet* 13 (1–2): 17–21.
- GRANHOF J (1991) Mass production of improved material (2) Seed Orchards: Concepts, Design and Role in Tree Improvement. In: Lecture Note d-8: Danida Forest Seed Centre.
- HAMILTON RC (1984) Converting a progeny test to a seed orchard--An example to live by? In: Progeny Test. Charleston, SC.; 5-9. Dezember 1983; p. 177–185.

- HANSEN JK, WELLENDORF H, KJAER ED, KONGEVEJ H (2005) Low Cost Improvement of Coastal Douglas-fir (*Pseudotsuga menziesii* var. *menziesii* (Mirb.) Franco) by Application of the Breeding Seed Orchard Approach in Denmark. *Silvae Genet.* 54 (4–5): 218–227.
- HOFMANN M, STIEHM C, FEHRENS S, FEY C (2019) Aspekte der Sortenprüfung bei Pappeln mit unterschiedlichen Produktionszielen. In: *Schnellwachs Baumarten –Erntetechniken –verfahren Logist* [Internet]. Erfurt; [accessed 2020 Jan 6]; p. 79–86. https://www.nw-fva.de/fileadmin/user_upload/Verwaltung/Publikationen/2019/Hofmann_et_al_2019_Sortenpruefung_Seite79ff_in_TagungsbandSWB2019.pdf
- JOHNSON R, JAYAWICKRAMA K (2003) Forward vs. backwards selection for seed orchards and cooperative second-generation breeding in the US Pacific Northwest. In: *Northwest Tree Improv Coop Annu Rep Jan-Dec 2002* [Internet]. Corvallis, OR: Oregon State University; [accessed 2016 Nov 22]; p. 17–23. <http://www.treearch.fs.fed.us/pubs/6056>
- JOHNSON H (1964) Forest Tree Breeding by Selection. *Silvae Genet.* 13 (1–2): 41–49.
- KANG K-S (2001) Genetic gain and gene diversity of seed orchard crops. Uppsala: Acta Universitatis Agriculturae Sueciae.
- KANG K-S, EL-KASSABY YA, HAN S-U, KIM C-S (2005) Genetic gain and diversity under different thinning scenarios in a breeding seed orchard of *Quercus acutissima*. *For Ecol Manag.* 212 (1–3): 405–410.
- KRAUS JF (1984) The objective of progeny testing. In: *Progeny Test.* Charleston, SC.; 5-9. Dezember 1983; p. 99–102.
- LIBBY WJ (1964) Clonal Selection, and an Alternative Seed Orchard Scheme. *Silvae Genet.*: 32–40.
- NA S-J, WOO K-S, KANG K-S, PARK J-M, HAN S-U (2015) Estimation of genetic gain and diversity under various genetic thinning scenarios in a breeding seed orchard of *Quercus acutissima*. *Scand J For Res.* 30 (5): 377–381.
- RAU H-M, RUMPF H, SCHÖNFELDER E (2015) Neue Ergebnisse aus den Buchen-Herkunftsversuchen von Krahl-Urban. *Forstarchiv.* 86: 27–41.
- SCHMIDT L (1993) Guidelines on Establishment and Management Practices. *Seed Orchards* [Internet]. <http://www.fao.org/3/ad223e/AD223E05.htm>
- SCHRÖCK O (1949) Beitrag zur Forstpflanzenzüchtung. *Forstwissenschaftliches Cent.* 68:240–254.
- WOODS JH, KOLOTELO D, YANCHUK AD (1995) Early selection of Coastal Douglas-fir in a Farm-Field Test Experiment. *Silvae Genet.* 44 (4): 178–186.

Autor

Dr. HELMUT GROTEHUSMANN
Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Abteilung Waldgenressourcen, Prof. Ölkers Str. 6, 34346 Hann.
Münden
helmut.grotehusmann@nw-fva.de

Erste Experimente zum Einfluss von *Sphinx ligustri* L. auf das In-vitro-Wachstum und den Hormonhaushalt in den Blättern von *Fraxinus excelsior* L.

FRANZISKA PAST, BEN BUBNER UND INGA MEWIS

Zusammenfassung

Die Gemeine Esche (*Fraxinus excelsior* L.) ist durch das Eschentriebsterben, ausgelöst durch den Pilz *Hymenoscyphus fraxineus* (T. Kowalski) Baral, Queloz, Hosoya, in ihrem Bestand als Forstbaum bedroht. Eine Möglichkeit zu ihrer Erhaltung ist es, Genotypen mit Feldtoleranz gegenüber dem Triebsterben vegetativ durch In-vitro-Kultur zu vermehren. Problematisch erweist sich im Fall der Esche der Umstand, dass ein für die Vermehrung unzureichendes Streckungswachstum vorliegt.

Eine Zufallsbeobachtung ließ vermuten, dass das In-vitro-Streckungswachstum sich verbessert, wenn die Mutterpflanzen durch den Fraß des Ligusterschwärmers (*Sphinx ligustri* L.) entlaubt wurden.

Es wurde zunächst angenommen, dass durch den Fraß Veränderungen im Phytohormonhaushalt ausgelöst wurden, die sich eventuell positiv auf das spätere In-vitro-Wachstum auswirkten. Zur Ergründung des Effekts wurden zwei Versuchskomplexe konzipiert. Im ersten Versuchskomplex zum Streckungswachstum wurde ein Gewächshausexperiment angelegt, in dem die Auswirkung von drei Faktoren (Raupenfraß, mechanische Verletzung, Kontrolle) auf das Austriebsverhalten der Mutterpflanzen und Streckungswachstum der In-vitro-Stecklinge ermittelt wurde. Im zweiten Versuchskomplex wurde der Phytohormonhaushalt der Esche nach Raupenfraß näher betrachtet. In zwei Experimenten (Zeitpunkt/Zeitreihe) wurden Blattproben der Eschen entnommen und die Phytohormone mittels HPLC-MS analysiert.

Im Versuchskomplex zum Streckungswachstum zeigte sich, dass sich im Vergleich zur Kontrolle sowohl Raupenfraß und mechanische Verletzung bei den Mutterpflanzen im Gewächshaus als auch bei den In-vitro-Stecklingen positiv auf das Austriebsverhalten bzw. das Längenwachstum auswirkten. Dieser Umstand konnte aber durch die durchgeführten Experimente zum Phytohormonhaushalt, bei denen nur vereinzelt Signifikanzen auftraten, nicht erklärt werden. Im Zeitreihenexperiment konnte keine signifikante Erhöhung der Jasmonsäurekonzentration in Blättern innerhalb der ersten 240 min nach Verletzung nachgewiesen werden.

Schlüsselworte: HPLC, Jasmonsäure, Regurgitant, Salicylsäure, Zeitreihe

Abstract

Initial experiments on the effects of *Sphinx ligustri* L. on the in vitro growth and the hormone balance in the leaves of *Fraxinus excelsior* L.

The common ash (*Fraxinus excelsior* L.) is threatened as a forest tree by ash dieback caused by the fungus *Hymenoscyphus fraxineus* (T. Kowalski) Baral, Queloz, Hosoya. One way to preserve ash is to propagate genotypes with field tolerance to ash dieback vegetatively through in vitro culture. In vitro culture of ash is complicated by the restricted shoot elongation of explants which makes propagation difficult.

A chance observation suggested that shoot elongation of the explants is improved when the mother plants were defoliated by the feeding of the privet hawk moth (*Sphinx ligustri* L.).

It was initially assumed that the feeding triggered changes in the phytohormone balance, which might have had a positive effect on later in vitro growth of explants. Two experimental complexes were designed to investigate the effect. In the first experimental complex on growth, a greenhouse experiment was set up in which the effect of three factors (caterpillar feeding, mechanical injury, control) on the sprouting behaviour of the mother plants and elongation growth of the in vitro cuttings was determined. In the second experimental complex, the phytohormone balance of ash after caterpillar feeding was examined more closely. In two experiments (steady state/time series) leaf samples of ash were taken and the phytohormones were analysed by HPLC-MS.

In the experimental complex on elongation growth, it was shown that, compared to control, both caterpillar feeding and mechanical injury in the mother plants in the greenhouse and in vitro cuttings had a positive effect on sprouting behaviour and length growth. However, this fact could not be explained by the experiments carried out on the phytohormone balance, in which only sporadic significant changes occurred. Especially in the time series no jasmonate burst could be observed within 240 min after injury.

Keywords: HPLC, jasmonate burst, regurgitant, salicylic acid, time series

Einleitung

Die Gemeine Esche (*Fraxinus excelsior* L.) gehört zu den wichtigsten Laubbaumarten Europas. Sie nimmt nicht nur in der skandinavischen Mythologie eine wichtige Rolle ein, sondern ist auch eine nützliche Baumart für das Ökosystem Wald und aufgrund der Holzeigenschaften ein begehrter Rohstoff für die Möbelindustrie. (HEIZMANN 2002, MITCHELL et al. 2014, GROSSER 2002).

Der Eschenbestand aber ist gefährdet, besonders durch den Pilz *Hymenoscyphus fraxineus* (T. Kowalski) Baral, Queloz, Hosoya bzw. seiner Nebenfruchtform *Chalara fraxinea*. Dieser aus Asien stammende Schaderreger trat in Europa 1990 das erste Mal in Polen auf (KOWALSKI 2006). In den folgenden Jahren breitete sich dieser Erreger über das Baltikum, Skandinavien und Mitteleuropa weiter aus (SCHUMACHER et al. 2007). Untersuchungen zum Eschentriebsterben in Baden-Württemberg 2015 ergaben, dass nur 6,7 % des untersuchten Eschenvorrats potentiell langfristig überlebensfähig sind. 39,2 % der dort untersuchten Eschen wird vermutlich in den nächsten Jahren aufgrund mangelnder Vitalität genutzt werden müssen oder stehend absterben (ENDERLE et al. 2015).

In diesen Befallsgebieten finden sich jedoch immer wieder Einzelbäume, die scheinbar resistent gegen diesen Erreger sind und keinerlei Symptome zeigen (ENDERLE et al. 2015). Einige Forschungsprojekte, unter anderem das BMEL geförderte Projekt „ResEsche“, konzentrieren sich aus diesem Grund darauf, die Ursache für diese Resistenz zu finden und die entsprechenden Individuen gezielt vegetativ weiter zu vermehren. Eine moderne Methode, die vergleichsweise wenig Pflege bedarf, hohe Vermehrungsanzahlen ermöglicht und zudem auch gesundes Pflanzengut hervorbringt, ist die Vermehrung von Pflanzen in der In-vitro-Kultur (SCHWAIGER 2011).

Die Pflanzen werden unter sterilen Bedingungen im Glas auf einem Nährmedium etabliert, durch Achselschnitte vermehrt, bewurzelt und in vivo akklimatisiert. Die Steuerung der einzelnen Wachstumsabschnitte übernehmen die im Medium hinzugefügten Phytohormone. In der Zierpflanzen- und Baumschulproduktion, besonders in der Orchideenproduktion, wird das System schon lange erfolgreich angewendet (HEß 2008). Verfahren zur Produktion von Esche in vitro hingegen sind bisher kaum in der Praxis etabliert.

In den letzten Jahren gab es einige Versuche und Publikationen mit unterschiedlichen Ansätzen zur In-vitro-Vermehrung der Esche. Viele stützen sich auf die Bildung von Adventivsprossen aus somatischen Kallusgewebe. Das Problem bei der durch Kallus entstandenen neuen Sprossen ist die hohe Wahrscheinlichkeit von Mutationen, wie beispielsweise die Polyploidisierung im Chromosomensatz. Diese Pflanzen können dann veränderte Phänotypen mit anderen Eigenschaften aufweisen-(LEE et al. 2017).

Eine andere praktizierte Möglichkeit der In-vitro-Kultivierung von Jungpflanzen ist die Aussaat unter sterilen Bedingungen. Diese Variante hat den positiven Effekt, dass einzelne Nachkommen unter kontrollierten Laborbedingungen kultiviert und geprüft sowie später vegetativ vermehrt werden können. Der Nachteil dieser Methode ist der relativ hohe Aufwand bei geringer Ausbeute und genetisch unterschiedliche Individuen mit unterschiedlichen Eigenschaften (BEASLY 2013, SCHÖNWEIß 2005).

Die Vermehrung über Mikrostecklinge erbringt uniforme Pflanzen mit geringer Mutationswahrscheinlichkeit bei akzeptablem Arbeitsaufwand. Sie erweist sich im Falle der Esche aber ebenfalls als schwierig, da die Explantate ein sehr gedrungenes Wachstum mit nur kurzen Internodien aufweisen (SCHÖNWEIß 2005). Dies erschwert eine erfolgreiche Vermehrung der Pflanzen, die als Grundlage für die Resistenzforschung dringend benötigt werden. Durch entsprechende Anpassung der gängigen Etablierungsprotokolle konnte eine vergleichsweise effektive Methode zum Beispiel von SCHÖNWEIß (2005) entwickelt werden. Sie erlaubt dennoch keine mit anderen Kulturen vergleichbare, wirtschaftliche Produktion von Eschen.

Eine Einzelbeobachtung an *Fraxinus mandshurica* (Rupr.), die während der Etablierungsversuche im Jahr 2015 am Johann Heinrich von Thünen-Institut in Waldsiedersdorf gemacht wurde, ließ allerdings vermuten, dass die Explantate ein besseres Streckungswachstum zeigen, wenn die Mutterpflanzen vom Ligusterschwärmer (*Sphinx ligustri* L.), befallen wurden. Das Raupenstadium dieses Schädling besiedelt bevorzugt Liguster (*Ligustrum vulgare* L.), Esche (*F. excelsior*) und Spierstrauch (*Spiraea* L.) und ernährt sich hauptsächlich von den Blättern, so dass die Pflanzen nahezu komplett kahlgefressen werden (LEPIDOPTEROLOGEN ARBEITSGRUPPE 1997, FORSTER & WOHLFAHRT 1960). Je nach Befallszeitpunkt treiben die Pflanzen neu aus. Eben diese Neuaustriebe von *F. mandshurica* wurden als Explantate für die Etablierung genutzt und sie zeigen bis heute ein verbessertes In-vitro-Wachstum mit einer guten Internodialstreckung.

In der Folge wurde dieses Phänomen näher untersucht. Es sollte geklärt werden, ob die Raupen durch ihren Fraß und bestimmte Inhaltsstoffe reproduzierbar das In-vitro-Wachstum der Esche beeinflussen und ob man den Fraß mit selben Ergebnis auch mechanisch simulieren kann. Des Weiteren wurde zur Klärung der Ursache dieses Phänomens der Hormonhaushalt der Eschen näher analysiert.

Die Fragestellungen stützen sich auf ein bereits bekanntes Modellsystem, bei dem der spezielle Einfluss von Insektenfraß als Auslöser verschiedener Reaktion der Pflanze bereits beschrieben werden konnte: der Fraß von *Manduca sexta* (L.) an *Nicotiana attenuata* (Torr. ex. S. Watson). *Manduca sexta* ist wie *Sphinx ligustri* ein Vertreter der Schwärmer (Familie Sphingidae). Diese eignen sich für Experimente zur pflanzlichen Reaktion auf Insektenfraß, weil durch die Größe der Raupen das Regurgitant (Verdauungsekret) separat gewonnen und gelagert werden kann. Das lässt eine Durchführung von Experimenten unabhängig vom Lebenszyklus des Schwärmers zu. So kann durch eine mechanische Verletzung und die gleichzeitige Applikation von Regurgitant der Raupenfraß imitiert werden. Es ist aber auch möglich, die Wirkung der mechanischen Verletzung und des Regurgitants separat zu untersuchen. Experimente mit dem Modellsystem *Manduca sexta/Nicotiana attenuata* haben ergeben, dass durch Raupenfraß drei verschiedene Pflanzenreaktionen ausgelöst: Emission von verschiedenen Mono- und Sesquiterpenen, Veränderung der Aktivität der regurgitantabhängigen mRNA und Anstieg des Jasmonsäuregehaltes (HALITSCHKE et al. 2000, KAHL et al. 2000, HERMSMEIER et al. 2001, SCHITTKO et al. 2001, MCCLOUD & BALDWIN 1997, SCHITTKO et al. 2000).

Der Anstieg des Jasmonsäuregehaltes ist durch die Signalkaskaden bedingt (SCHRÖDER 1998, WASTERACK UND HAUSE 2014). Jedoch unterscheiden sich die Pflanzenreaktionen bei tatsächlichem Raupenfraß von der mechanischen Verwundung mit anschließender Applikation von Regurgitant. Beide Varianten führen innerhalb weniger Minuten zu einem erhöhten Jasmonsäuregehalt („jasmonate burst“) auf Grund der Verwundung (MCCLOUD & BALDWIN 1997, SCHITTKO et al. 2000). Die darauffolgende Nicotinansammlung, welche eng mit dem Jasmonsäuregehalt gekoppelt ist, wird hingegen bei der Insektenfraßvariante aufgrund von einem Ethylenburst durch den Fraß unterdrückt (BALDWIN 1988, BALDWIN et al. 1994, 1997; MCCLOUD & BALDWIN 1997, KAHL et al. 2000). Als obligater Auslöser all dieser Reaktionen werden von

HALITSCHKE et al. (2001) einige Fettsäure- Aminosäure-Konjugate im Regurgitant des Insekts verantwortlich gemacht.

Ausgehend von den Erkenntnissen bei der krautigen Pflanze *Nicotiana attenuata*, ergibt sich die Frage ob es auch bei Bäumen zu kurzfristigen Änderungen im Hormonhaushalt kommt (jasmonate burst). Es wäre möglich, dass dieser jasmonate burst nicht nur Abwehrmechanismen auslöst, sondern auch zu Wachstumsveränderungen führt (Sprossverlängerung), die bei der In-vitro-Kultur von Mikrostecklingen für ein verbessertes Streckungswachstum ausgenutzt werden können. In Bezug auf die Gemeine Esche werden in der vorliegenden Arbeit zwei Fragekomplexe untersucht.

1. Führt der Raupenfraß dazu, dass Explantate, die aus den Neuaustrieben gewonnen werden, ein verbessertes Streckungswachstum bei der In-vitro-Kultur zeigen?
2. Führt der Raupenfraß zu Veränderungen im Hormonhaushalt?

Dieser zweite Fragenkomplex wurde nochmal unterteilt in zwei Anliegen:

- a) Zeitpunktversuch: Wie hoch ist die Phytohormonkonzentration nach mehreren Tagen Raupenfraß?
- b) Zeitreihenversuch: Wie verändert sich die Phytohormonkonzentration innerhalb von 4 Stunden nach simulierten Raupenfraß.

Mit der Frage 2b soll geklärt werden, ob es analog zu den Verhältnissen bei *Nicotiana* auch einen jasmonate burst bei verholzenden Pflanzen nach Fraß durch Schwärmerraupen gibt.

Material und Methoden

Fragenkomplex 1 Neuaustriebe

Pflanzenbehandlung

Für diesen Versuch wurden ein *Fraxinus mandshurica* Genotyp (FM) und fünf *Fraxinus excelsior* Genotypen (P2, 358/3, 245/1, W3, P4) ausgewählt. Diese Genotypen wurden in Vorexperimenten über In-vitro-Kultur vermehrt und in Erde überführt. Für jeden Genotyp standen Pflanzen zur Verfügung, die für zwei bis drei Jahre im Freiland in Töpfen kultiviert wurden. Diese Pflanzen dienten als Quelle für Explantate zur In-vitro-Etablierung. Mit der Verwendung von klonierten Pflanzen sollte die Reproduzierbarkeit durch den gleichen genetischen Hintergrund der Behandlungsvarianten gewährleistet werden. Pro Genotyp wurden 12 Rameten ausgewählt, an denen in vier Wiederholungen drei Behandlungsvarianten durchgeführt wurden.

- Behandlung 1 – Blattverletzung durch Raupenfraß: Für die Raupenbehandlung standen *Sphinx ligustri*-Eier von zwei Firmen aus Großbritannien zur Verfügung (Devon Butterflies UK, Worldwide Butterflies UK). Sie wurden jeweils zu zehnt in Plastikgefäßen mit Zellstoff und jungen Eschenblättern aufgezogen. Im zweiten bis dritten Larvenstadium – etwa 10 Tage nach Schlupf – wurden die Raupen auf die vier für Behandlung 1 vorgesehen Pflanzen gesetzt, jeweils auf ein Fiederblatt des obersten vollausgebildeten Blattpaares.
- Behandlung 2 – Mechanische Blattverletzung: Es wurden ca. 2/3 der Blattflächen mittels Schere entfernt. Ein Blatt des obersten, vollständig ausgebildeten Blattpaares wurde nicht verletzt, da dieses als systemische Probe für die Phytohormonmessung unverletzt gebraucht wurde. Diese mechanische Verletzung wurde nach 4 Wochen nochmals verstärkt, in dem alle Fiederblättchen vollständig von Hand entfernt wurden, so dass nur die Mittelrippe noch vorhanden war.
- Behandlung 3 – Kontrolle: Die Pflanzen der Kontrollvariante wurden nicht weiter behandelt.

Bonitur *in vivo*

Jede Versuchspflanze im Gewächshaus wurde zu zwei Zeitpunkten bonitiert. Boniert wurde, ob ein Neuaustrieb stattgefunden hatte oder nicht. Die Pflanzen waren nach den Etablierungsschnitten erneut wieder ausgetrieben und wurden erneut auf Neutriebsbildung bonitiert. Hier wurde zusätzlich die Länge des neu ausgebildeten Triebes am einjährigen Holz von der Basis bis zur längsten Blattspitze gemessen.

Etablierungsmethode

Die Behandlungsvarianten 1 und 2 sollten einen Neuaustrieb induzieren, welcher später *in vitro* etabliert wurde. Bei den Pflanzen der Kontrollvarianten wurden diesjährige Triebe als Explantatquelle genutzt.

Pro Variante und Klon wurde versucht, 30 Explantate zu werben. Diese Anzahl konnte aufgrund des teilweise zu geringen Pflanzenausgangsmaterials nicht immer erreicht werden. Die geschnittenen Segmente wurden mit Aqua dest. vorgespült und die Desinfektion erfolgte mit einer Silbernitratlösung (0,05 %, 10 Minuten). Anschließend wurden die Explantate dreimal mit autoklavierten Aqua dest. gespült. Nach dem Neuanschnitt der Basis wurden die Explantate auf ein steriles Nährmedium Rug5 (Tabelle 1) im Glas aufgesetzt.

Tabelle 1: Nährmedium Rug5 (pH-Wert 5,7)

Quantität	Ingredienzien
4,032 g/l	Rugini Trockenpulver
0,02 g/l	Thidiazuron
0,5 mg/l	Zeatin
0,01 mg/l	IBA
30 g/l	Glucose
8 g/l	Phytoagar

Bonitur *in vitro*

Bonitiert wurden die Neuaustriebe der Explantate ca. 20 – 22 Tage nach der In-vitro-Überführung. Es wurde die Länge des Neuaustriebes von der Basis bis zur Blattspitze des längsten Blattes aufgenommen. Jeder Trieb am Explantat wurde einzeln erfasst und später ausgewertet.

Fragenkomplex 2 Phytohormone

Zeitpunkt-Versuch (Untersuchung des Hormongehalts zu einem definierten Zeitpunkt nach der Behandlung)

Die Pflanzen für die Phytohormonanalyse, waren dieselben wie für die Wachstumsversuche. Die Proben wurden am Tag 8 nach Besatz der Eschenpflanzen mit den Raupen entnommen, d.h. in der Behandlungsvariante 1 waren die Pflanzen bereits acht Tage mit Raupen besetzt. Die Behandlungsvariante 2 mit der mechanischen Verletzung wurde am Tag 8 durchgeführt und die Proben für die Phytohormonuntersuchung zwei Stunden nach der mechanischen Behandlung entnommen.

In der Behandlungsvariante 1 (Raupenfraß) wurde pro Pflanze ein Blättchen vom befreßenen Blatt entnommen (lokale Reaktion) und ein Blättchen von einem Blatt, das sich einen Knoten unterhalb der Behandlung befindet (systemische Reaktion, Abbildung 1).

In der Behandlungsvariante 2 (mechanische Verletzung) wurde ein Blättchen vom unverletzten Blatt des obersten Blattpaares als systemische Probe entnommen; ein Blättchen von einem der angeschnittenen Blätter darunter wurde als lokale Probe entnommen.

In der Behandlungsvariante 3 (Kontrolle) wurde nur ein Blättchen als Probe genommen, weil hier eine Unterscheidung zwischen lokaler und systemischer Reaktion nicht möglich war.

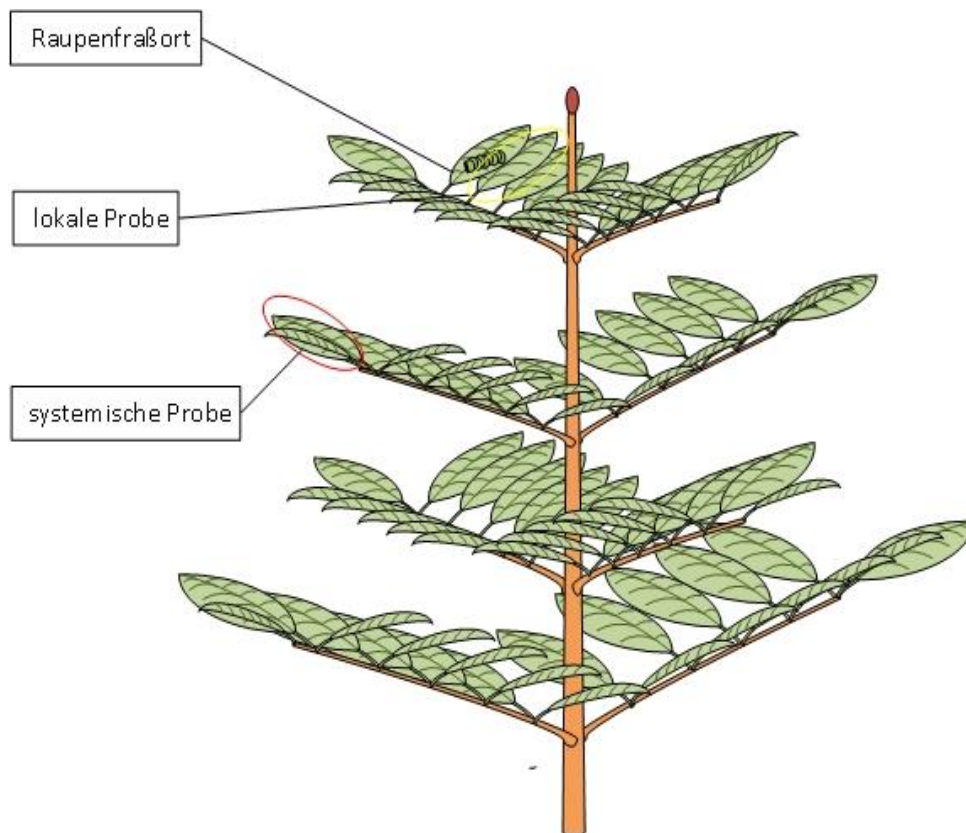


Abbildung 1: Schema zur Blattprobennahme der Raupenvariante

Zeitreihenversuch (Untersuchungen des Hormongehalts nach einer Behandlung über eine Zeitreihe hinweg)

Für diesen Versuch wurden acht Pflanzen desselben Genotyps (71/4, nicht Teil der zuvor beschriebenen Experimente) ausgewählt und am Tag vor dem Versuch im Foliengewächshaus untergestellt. Eventuelle mechanische Verletzungen durch das Umstellen und dadurch ausgelöste Veränderungen im Hormonhaushalt sollten durch das frühe Umstellen verhindert werden.

Für den Versuch musste zunächst Regurgitant von den Raupen gewonnen werden. Dazu wurden die Raupen im letzten Larvenstadium mittels 50 μ L Kapillarpipetten (Roth, Karlsruhe) gemolken. Für den Versuch wurde eine fünffache Verdünnungslösung des Regurgitants mit Reinstwasser hergestellt. Als Kontrolle diente Reinstwasser.

Für den Versuch wurden fünf Fiederblättchen der einen Blatthälfte des obersten vollständigen Blattpaares verletzt (Abbildung 2). Die Verletzung wurde punktförmig durch viermaliges Rollen (zwei Reihen pro Blättchenhälfte) mit einem Kopierädchen über das Blättchen mit Abstand von ca. 3 - 5 mm zwischen den Reihen vollzogen. Kopierädchen ist ein Werkzeug für Schneidereibedarf, dass in der Regel dazu benutzt wird um Schnittmuster auf Schnittbögen zu übertragen.

Dann wurde mit der Pipette 20 µl der Versuchslösung aufgenommen und auf das verletzte Blatt appliziert. Mit dem behandschuhten Finger wurde die Lösung über das gesamte Blättchen gleichmäßig verteilt. Als Probenmaterial wurden einzelne Blättchen 0, 30, 60, 90 und 240 Minuten nach der Behandlung entnommen (Abbildung 2). Der Versuch wurde mit vier Wiederholungen durchgeführt.

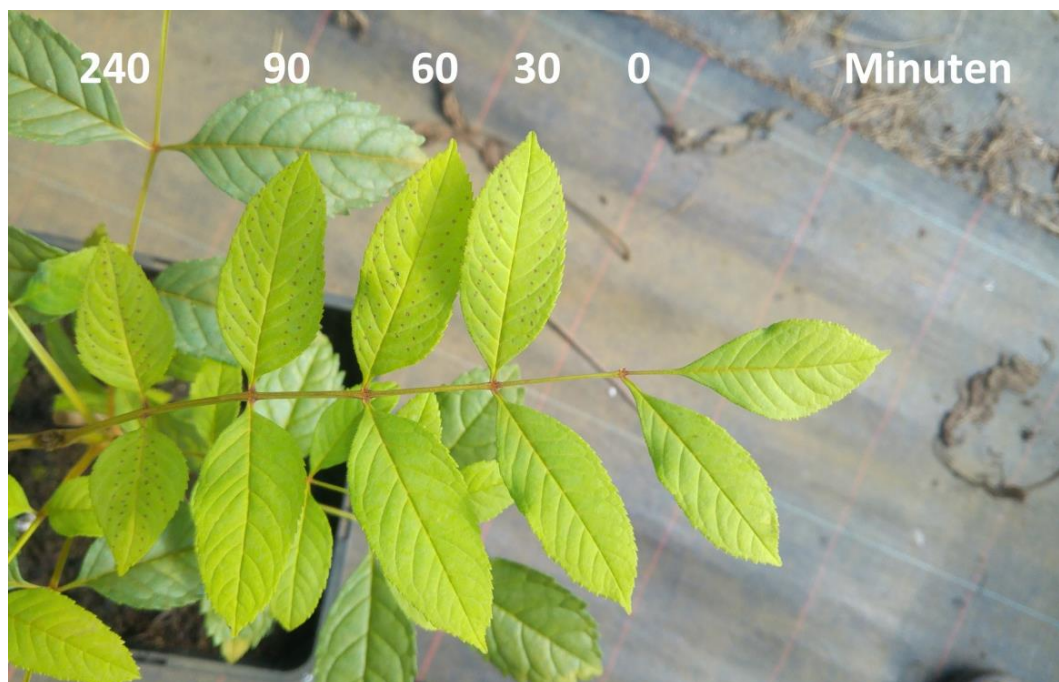


Abbildung 2: Verletztes Versuchsblatt mit Zeitmarkierung (Probe 0 schon entnommen)

Probenaufbereitung und Analyse

Im Experiment der Hormonmessung zu einem Zeitpunkt, wurden aus Kapazitätsgründen nur die Proben zweier Klone aufbereitet und näher untersucht. Die Proben des Zeitreihenversuchs wurden komplett aufbereitet. Alle Proben wurden zunächst gekühlt homogenisiert und 50 mg des Materials für die Extraktion und Analyse eingewogen. Die Extraktion der Phytohormone erfolgte weitestgehend nach dem Protokoll von PAN et al. (2010). Analysiert der Proben erfolgte mittels HPLC-MS. Es wurden externe Standardkurven für Salicylsäure, Indol-3-Essigsäure, Jasmonsäure und Zeatin angelegt.

Statistik

Neuaustriebe

Die Auswertung der Messergebnisse erfolgte mittels des Statistikprogramms SAS („Statistical Analysis System“) in der Version 9.3. Als Auswertungsmethode wurde je nach Datenlage die ANOVA-Typ Statistik oder der Kruskal Wallis-Test ausgewählt. Als signifikant wurden die Unterschiede betrachtet, deren Fehler, ggf. korrigiert nach Holm (multiple Mittelwertvergleiche), kleiner als 5 % war ($p < 0,05$).

Phytohormongehalte

Die Auswertung der Phytohormongehalte erfolgte ebenfalls mit dem Statistikprogramm SAS. Als Auswertungsmethode wurde bei dem Zeitreihenversuch und beim Zeitpunktversuch von Klon P2 eine Varianzanalyse durchgeführt. Da bei Klon 358/3 des Zeitpunktversuchs zum Teil keine Normalverteilung vorlag, wurden entsprechende nicht parametrische Tests bzw. paarweise parametrische Vergleiche

durchgeführt. Als signifikant wurden auch hier Unterschiede betrachtet, deren Fehler kleiner als 5 % ($p < 0,05$) waren.

Ergebnisse

Fragenkomplex 1 Neuaustrieb

Raupenfraß

Im Experiment zum Wachstum nach Raupenfraß zeigte sich, dass sich die Larven des Ligusterschwärmers leicht für Experimente aufziehen lassen. Die Schlupfrate in Plastikboxen mit Eschenblättern betrug 84 % und auch die weitere Aufzucht der Raupen auf Futterpflanzen war unproblematisch. Nach dem Umsetzen auf die Versuchspflanzen war der Blattverlust in den ersten Tagen gering. Im letzten Larvenstadium wurden die Versuchspflanzen der Behandlungsvariante 1 innerhalb weniger Tage von einer einzelnen Raupe pro Pflanzen komplett kahlgefressen, so dass nur die Blattstiele stehen blieben (Tabelle 2, Abbildung 3a, b).

Tabelle 2: Ablauf des Experiments zum Pflanzenwachstum nach Raupenfraß

Datum	Ereignis
22.06.17	<i>Sphinx ligustri</i> Eier gelegt beim Lieferanten Devon Butterflies (UK)
28.06.17	Eier (59) erhalten und in Plastikboxen mit Eschenblättern kultiviert
30.06.17	44/59 Larven geschlüpft, Transfer auf Zwischen-Futterpflanzen, Eschen-Genotyp 245/1
05.07.17	51/59 geschlüpft, finale Schlupfrate (84 %)
10.07.17	Umsetzen der Larven auf Versuchspflanzen der Behandlungsvariante 1
18.07.17	Blättchenkürzung für Behandlungsvariante 2, Probenahmen für Phytohormonmessung des Zeitpunktversuchs
21.07.17	Gewinnung von Regurgitant („Raupenmelken“)
03.-08.08.17	Kompletter Kahlfraß der Behandlungsvariante 1, Raupen im letzten Larvenstadium
14.08.17	Behandlungsvariante 2 wird verstärkt, Entfernung aller Blättchen
18.08.07	1. Bonitur des Neuaustriebs im Gewächshaus
21.-31.08.17	Explantatgewinnung für In-vitro-Etablierung
13.09.17	Bonitur des Neuaustriebs in der In-vitro-Kultur
20.09.17	2. Bonitur des Neuaustriebs im Gewächshaus

Neuaustrieblängen im Gewächshaus

Das Ergebnis der ersten Bonitur des Neuaustriebs (18.08.2017) war eindeutig. Alle Pflanzen der Raupenvariante hatten mindestens einen und bis zu vier Neuaustriebe gebildet bzw. erste juvenile Blätter traten aus den Knospen heraus (Abbildung 3). Sowohl die Pflanzen der Kontrollvariante als auch die mechanisch verletzten Pflanzen zeigten keinen Neuaustrieb.

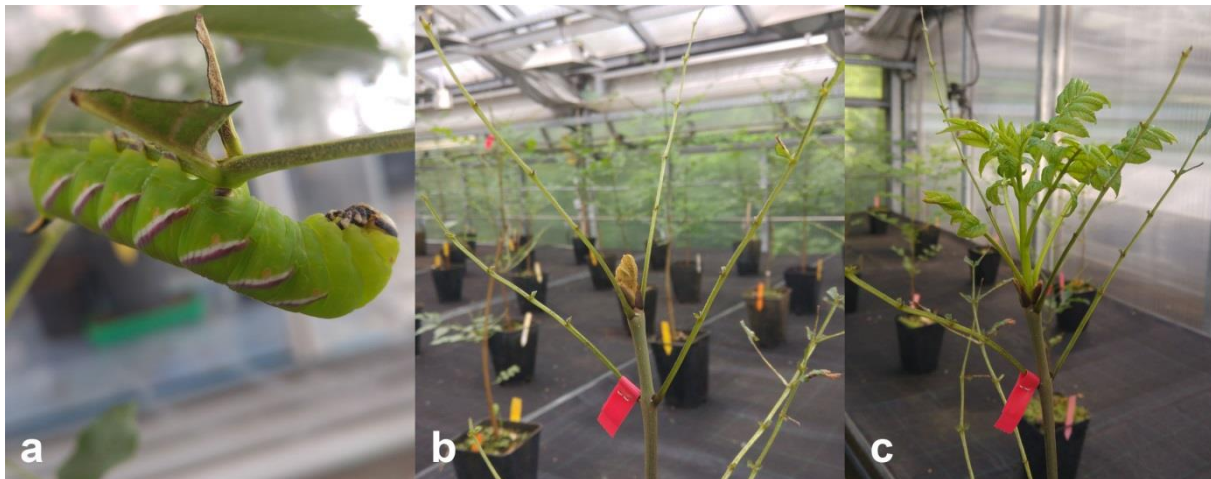


Abbildung 3: Raupenfraß und Neuaustrieb: a) Raupe im letzten Larvenstadium 02.08.17, b) Kahlgefressene Pflanze mit beginnendem Neuaustrieb 03.08.17, c) Neuaustrieb 07.08.17

Weniger eindeutig war die Verteilung des Neuaustriebes zum zweiten Boniturtermin (13.09.2017). Nach Schnitt der Explantate für die In-vitro-Kultur konnte beobachtet werden, dass der Neuaustrieb diverser verteilt war. Auch Pflanzen der Behandlungsvariante 2 und der Kontrollvariante bildeten neue Triebe. Bei der Betrachtung der Variantemittelwerte bei Klon W3, der als einziger Klon mehr als einen Neutrieb in der Kontrollvariante gebildet hat, fällt auf, dass durch Fraß oder mechanisch verletzte Pflanzen mit im Mittel mehr als 15 cm längere Neutriebe bildeten als die Kontrollpflanzen mit im Schnitt 5 cm. Die anderen *F. excelsior* zeigte eine ähnliche Verteilung der Messwerte, aber mit geringeren Wiederholungen (Daten nicht aufgeführt). Der *F. mandshurica*-Klon zeigte ein anderes Austriebsverhalten. Er bildete in der Kontrollvariante die längsten Neutriebe mit 18 cm, gefolgt von der mechanischen Variante. In der Raupenvariante wurden hier die kürzesten Triebe erfasst (Abbildung 4).

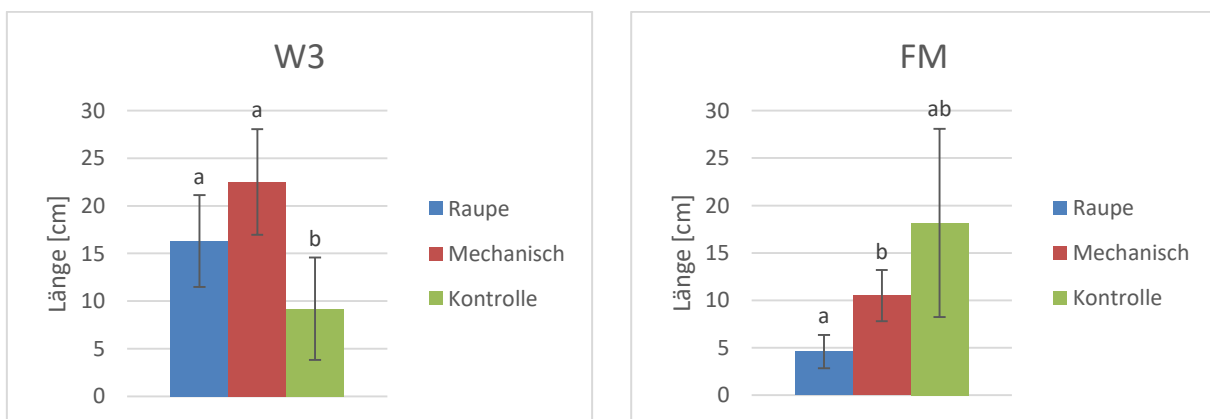


Abbildung 4: Mittlere Neutriebslänge ausgewählter Gewächshausgenotypen mit Standardabweichung, 20.09.2017 (n=4, Kruskal-Wallis-Test, $p < 0,05$)

Messungen der Neutriebslängen der In-vitro-Etablierung

Für die Etablierung konnten pro Genotyp und zwischen 20 und 30 Explantate in die Etablierungsphase gebracht werden. Fast alle Explantate, bis auf einzelne der Raupenbehandlung, trieben wieder aus (Abbildung 5). Zum Termin der Neutriebslängen-Messung am 13.09.2017 überlebte annähernd die Hälfte der Explantate. Der häufigste Grund für die Aussortierung der Explantate war eine Besiedelung mit Pilzen.

Besiedelungen mit Bakterien traten ebenfalls häufig auf, diese wurden aber im Bestand belassen auf Grund des möglichen harmlosen Charakters endophytischer Bakterien.

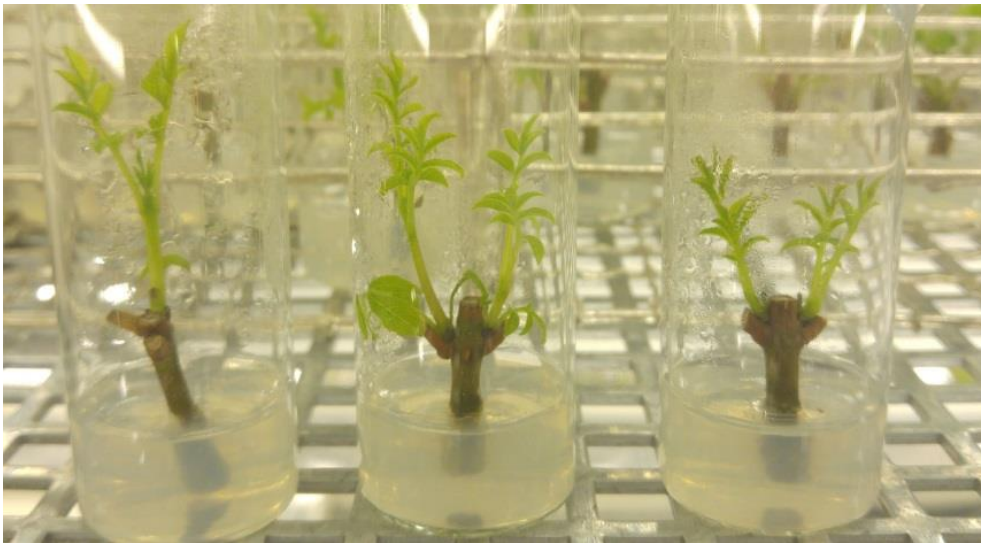


Abbildung 5: In vitro-Explantate mit Neutriebe der Behandlungsvariante 2 (mechanische Verletzung)

Es konnte keine signifikante Erhöhung der In-vitro-Trieblängen nach Raupenfraß im Vergleich zur mechanischen Verletzung festgestellt werden. Allerdings bringen Verletzungen durch Schnitt oder Raupenfraß im Schnitt bessere Trieblängen hervor im Vergleich zur Kontrollvariante. Statistisch signifikant sind diese Unterschiede jedoch nur bei den Klonen P2, 358/3 und 254/1. Bei W3 unterscheiden sich nur Raupenfraß (25,6 mm) und Kontrolle (20,3 mm) signifikant. Bei P4 gibt es keine signifikanten Unterschiede. Eine Ausnahme stellt der *F. mandshurica*-Klon (FM) dar. Hier zeigte sich, dass der Raupenfraß die Trieblänge signifikant verkürzt (21,2 mm). Es ist auch ein Unterschied in der mittleren Trieblänge zwischen der mechanischen Behandlung (33,6 mm) und der Kontrolle (40,6 mm) zu erkennen, dieser ist aber statistisch nicht signifikant (Abbildung 6).

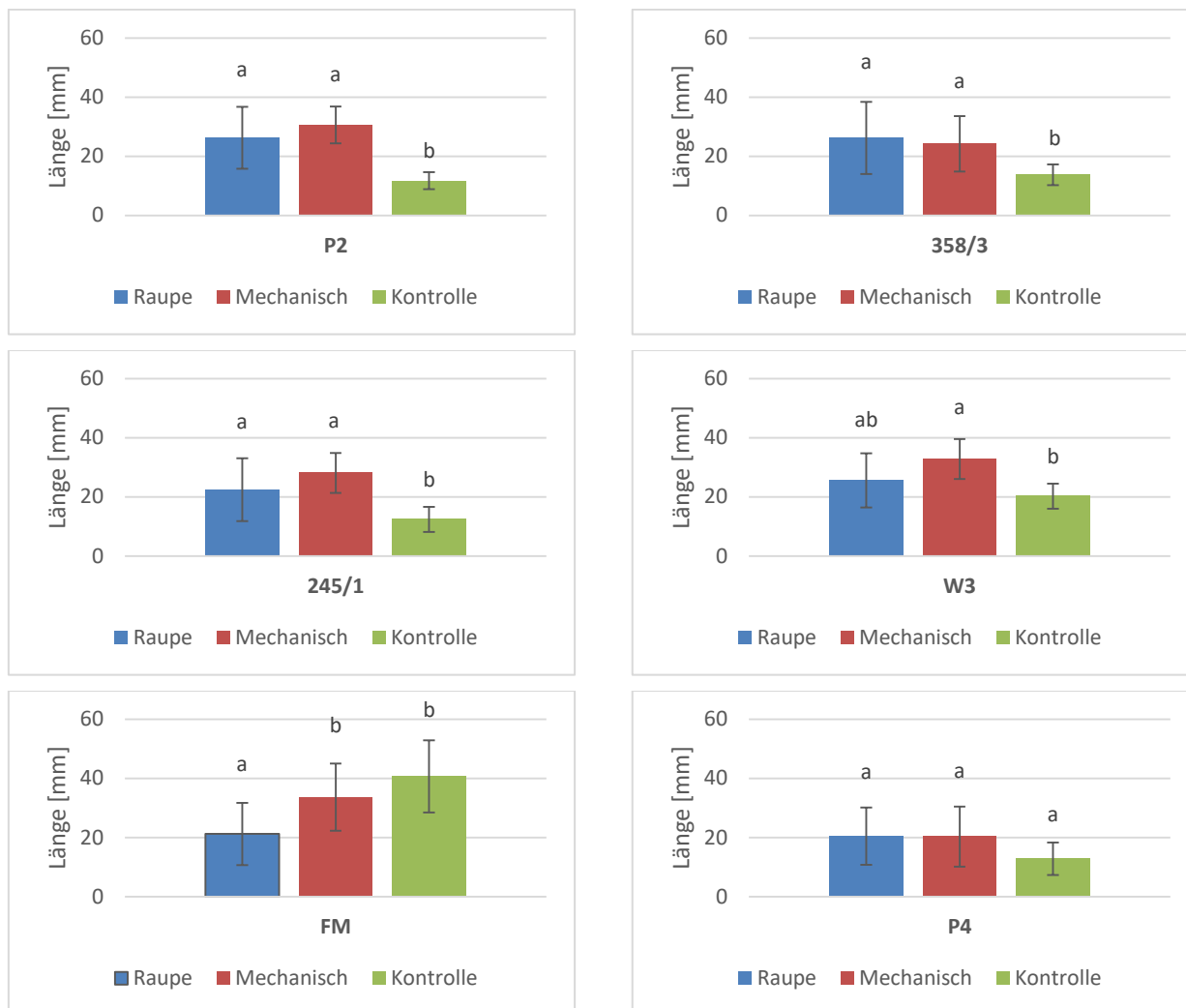


Abbildung 6: Mittlere Trieblänge und Standardabweichung der einzelnen In-vitro-Kulturen (Signifikanz nach Korrektur der P-Werte nach Holm bei $p < 0,05$)

Fragenkomplex 2 Phytohormone

Nach der Analyse mittels der HPLC-MS konnten im Spektrum in beiden Versuchen nur die Phytohormone Jasmonsäure und Salicylsäure nachgewiesen werden. Zeatin und Indol-3-Essigsäure konnten nicht beobachtet werden.

Zeitpunktversuch

Die Messung der Phytohormonkonzentration am 18.07.2017 wurde nur für die Genotypen P2 und 358/3 durchgeführt. Nach der Durchführung der Varianzanalyse konnten statistisch gesicherte, signifikante Unterschiede im Jasmonsäuregehalt des Eschengenotypen P2 zwischen der Raupenvariante (Mittelwert 195,7 ng/gFG) und der mechanischen Variante (Mittelwert 94,9 ng/gFG) bei den systemischen Proben festgestellt werden. Ebenfalls gab es einen signifikanten Unterschied zwischen dem Mittelwert der systemischen-mechanischen Probe (94,9 ng/gFG) und dem Mittelwert der lokalen Raupenprobe (154,5 ng/gFG). Tendenziell ist ein Unterschied zwischen der lokalen und der systemischen Raupenprobe erkennbar ($p < 0,0628$; Abbildung 7). Im Vergleich zur Kontrolle gibt es nur einen signifikanten Unterschied

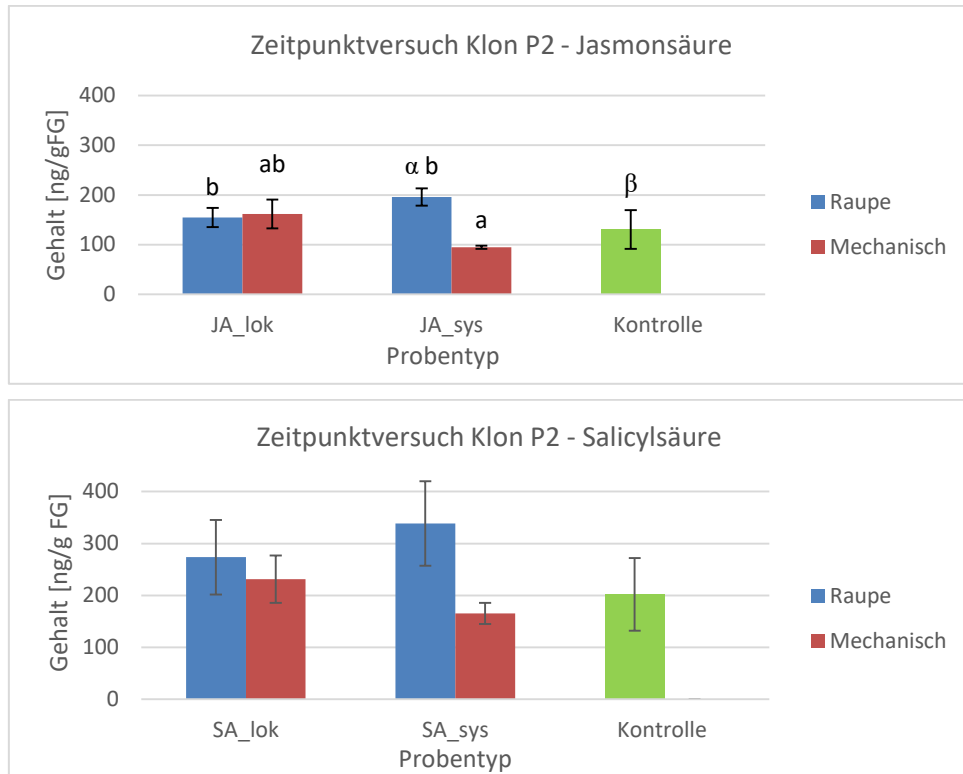


Abbildung 7: Mittlere Phytohormongehalte und Standardabweichung von Klon P2 (n=4, p < 0,05)

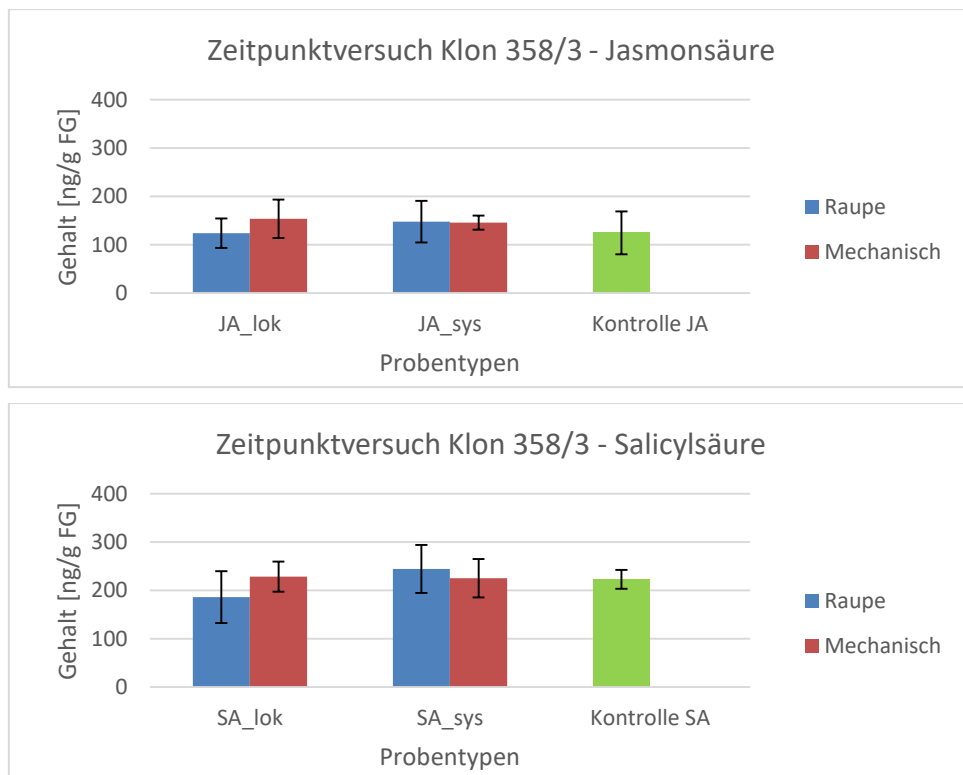


Abbildung 8: Mittlere Phytohormongehalte und Standardabweichung von Klon 358/3 (n=4, p < 0,05)

zwischen ihr und der systemischen Raupenprobe (mit griechischen Buchstaben gekennzeichnet). Alle anderen Probenvarianten unterscheiden sich nicht signifikant von der Kontrolle. Die Salicylsäuregehalte bei dem Eschenklon P2 unterschieden sich in allen Varianten nicht signifikant. Es sind lediglich Tendenzen eines Unterschiedes erkennbar. Die systemische Raupenprobe ist tendenziell zu der systemisch-mechanischen Probe und der Kontrolle verschieden.

Bei dem Klon 358/3 sind keine statistisch gesicherten Unterschiede zu finden sowohl zwischen den Varianten als auch im Vergleich zur Kontrolle (Abbildung 8).

Zeitreihenversuch

Im Falle des Verlaufs der Jasmonsäure über den Zeitraum von vier Stunden konnte nur ein einzelner signifikanter Unterschied in der Kontrollvariante festgestellt werden: zwischen t30 mit einem mittleren Gehalt von 163,42 ng/gFG und t60 mit einem mittleren Gehalt von 189,95 ng/gFG. Alle anderen Varianten unterschieden sich nicht (Abbildung 9).

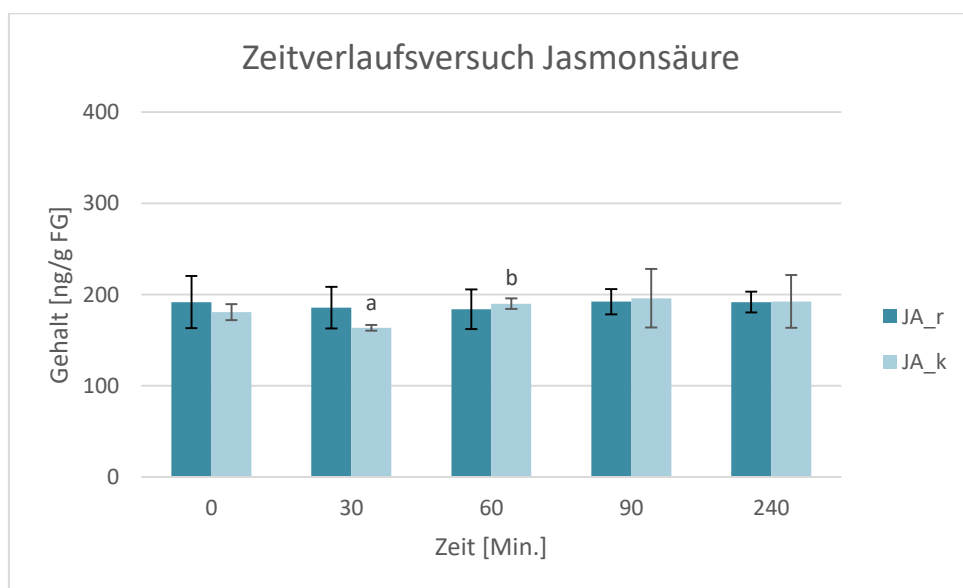


Abbildung 9: Mittlere Jasmonsäuregehalte für den Genotyp 71/4 über einen Zeitraum von vier Stunden (n=4 p < 0,05)

Die Ergebnisse der mittleren Salicylsäuregehalte ließen keine statistische Auswertung zu. Weder die Prüfsubstanz noch die Zeit bzw. eine Kombination der Effekte hatten einen Einfluss auf die Hormongehalte (Abbildung 10).

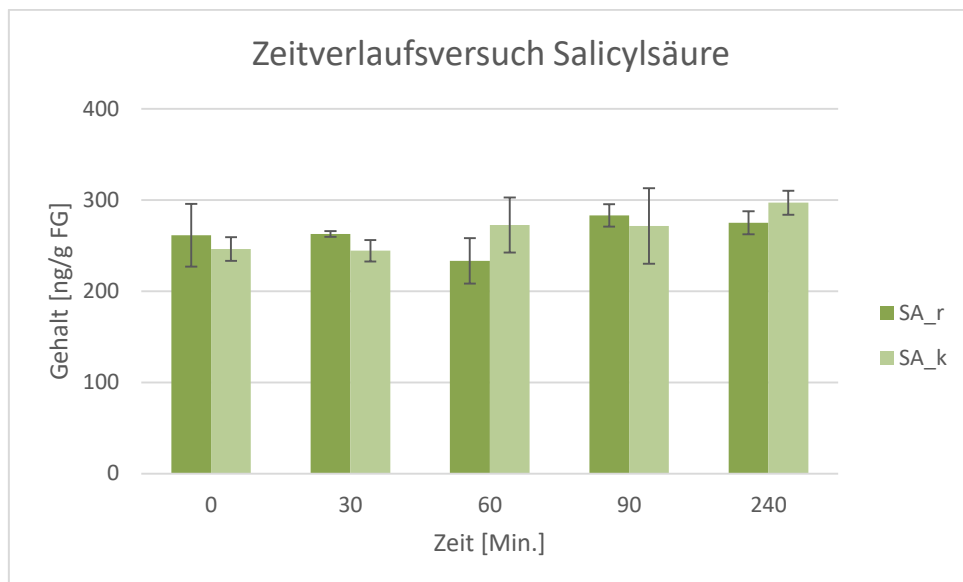


Abbildung 10: Mittlere Salicylsäuregehalte für den Genotyp 71/4 über einen Zeitraum von vier Stunden (n=4 p < 0,05)

Diskussion

Fragenkomplex 1 Neuaustrieb

Neuaustrieblängen im Gewächshaus

Die Bonitur der Versuchspflanzen im Gewächshaus zum ersten Boniturtermin scheint ein eindeutiges Ergebnis hervorzubringen: nur der Fraß durch die Raupen induzierte einen Neuaustrieb der Versuchspflanzen. Eine mögliche Erklärung dafür ist, dass bestimmte Inhaltstoffe im Regurgitant der Raupen die Pflanze zum Neuaustrieb animiert hatten. Die Interaktion zwischen dem Regurgitant von Herbivoren und einer spezifischen Pflanzenreaktion sind vielfältig beschrieben worden. Beispielsweise beginnt *Nicotiana attenuata* mit der Freisetzung von volatilen Blattduftstoffen, wenn *Manduca sexta*-Raupen mit ihrer Fraßaktivität beginnen. Diese volatilen Blattduftstoffe locken in der Folge Fraßfeinde an (HALITSCHKE et al. 2000, KAHL et al. 2000). Ein vergleichbarer Zusammenhang zwischen Kahlfraß und Neuaustrieb durch Regurgitant wäre im gegebenen Fall ebenfalls vermutbar.

Allerdings ist es auch möglich, dass das Signal zum Neuaustrieb doch hauptsächlich vom Blattverlust ausgeht. Nach Raupenfraß waren die Pflanzen komplett kahl, während in der Variante mit der mechanischen Verletzung nur zwei Drittel der Photosynthesefläche entfernt worden sind. Möglicherweise war der Blattverlust nicht stark genug um als Signal für einen Neuaustrieb zu dienen. Aus diesem Grunde wurde vier Tage vor dem ersten Boniturtermin noch einmal die mechanische Verletzung verstärkt, in dem alle Blättchen entfernt wurden und nur die Spindel stehen gelassen wurden. Dies hatte noch keinen messbaren Einfluss auf die erste Bonitur. Möglicherweise aber auf die zweite Bonitur, die fünf Wochen später stattfand. Zu diesem Zeitpunkt trieben auch die Ramets der mechanischen Behandlung aus. Ein kombinierter Effekt aus Blatt- und Triebverlust (durch Explantatwerbung) ist ebenfalls denkbar und eine mögliche Erklärung für die Neutriebsbildung in der Kontrollvariante, da diese Pflanzen ebenfalls austrieben, wenn auch vergleichsweise nicht so stark wie die Pflanzen der Behandlungsvarianten.

Statistisch konnte diese subjektive Einschätzung bei einigen Klonen verifiziert werden. Bei der Interpretation ist aber zu beachten, dass sehr unterschiedliche Wiederholungszahlen vorlagen. Beispielsweise waren für die Werte P4 nur drei Werte in der Raupenvariante vorhanden. Bei 358/3 in der Kontrollvariante ebenso wie bei 245/1 in beiden Behandlungsvarianten lag nur ein Wert vor, was eine statistische Auswertung nicht zuließ. Trotz dessen fällt bei der Betrachtung der Mittelwerte über alle

F. excelsior-Klone auf, dass durch Fraß oder mechanisch verletzte Pflanzen längere Neutriebe bildeten als die Kontrollpflanzen. Eine Ausnahme stellt der *F. mandshurica*-Klon dar. Dieser bildete in der Kontrollvariante die längsten Neutriebe, gefolgt von der mechanischen Variante. In der Raupenvariante wurden hier die kürzesten Triebe gebildet. Es kann also ein Artunterschied in der Neutriebsbildung nach Biomasseverlust vermutet werden.

Des Weiteren lassen die Ergebnisse den Schluss zu, dass ein erheblicher Biomasseverlust, sei es aufgrund von Kahlfraß durch Herbivoren oder durch Entfernen des kompletten Laubes per Hand, einen Neuaustrieb induziert. Der Austrieb der Kontrollpflanzen kann mit dem Schnitt für die Etablierung begründet werden, durch die ebenfalls ein Biomasseverlust verursacht wurde, aber nicht im dem signifikanten Maße wie bei den Pflanzen der Behandlungsvarianten. Dieser Effekt des-Neuaustriebes nach Blattschnitt wird besonders in der Pflege von Bonsais genutzt, um neue junge Triebe und kleine Blätter zu induzieren. Ein unvollständiges Entfernen der Blätter führt auch hier nicht zu einem ausreichenden Neuaustrieb (KASTNER 2013, KIPP 2013).

Neuaustriebe nach In-vitro-Etablierung

Die Ergebnisse der In-vitro-Etablierung lassen darauf schließen, dass eine mechanische bzw. Raupen-Behandlung der *F. excelsior*-Pflanzen im Gegensatz zur Kontrolle einen Effekt zu haben scheinen. Biochemisch könnte der Fraß bzw. Schnitt also einen Prozess in der Pflanze aktiviert haben, der das Längenwachstum in vitro verbessert. Bei *F. mandshurica* hatte die Behandlung einen gegenteiligen Effekt, der durch die andere Art bedingt sein könnte. Eventuell könnte die statistische Auswertung durch die recht unterschiedliche Anzahl an Individuen je Variante und Klon ein wenig verzerrt sein. Sie ist somit mit Vorsicht zu interpretieren.

Das trotzdem ein verhältnismäßig geringes Streckungswachstum und damit entsprechende geringe Vermehrungszahlen vorhanden waren, kann durch die jeweiligen Kulturmedien bedingt sein. In der Literatur sind viele verschiedene Varianten von Medien beschrieben, die entsprechend der Versuchsfrage entwickelt wurden, es gibt kein einheitliches Medium für die Esche. Selbst für die unterschiedlichen Explantatkünfte gibt es speziell zusammengestellte Medien (LEE et al. 2017). Der wichtigste Faktor sind die zugesetzten Phytohormone, deren Rollen und Funktionen bisher nicht komplett aufgeklärt werden konnten. Dementsprechend gibt es eine Vielzahl von getesteten Medien und Untersuchungen zu den Effekten einzelner Phytohormone und deren Kombinationen auf Pflanzen (LEE et al. 2017, BEASLY 2013, SCHÖNWEIß 2005, MITRAS et al. 2008, CHALUPA 1990). Des Weiteren kann bspw. der Anteil an Phytoagar und die Form des Kultivierungsgefäßes einen Einfluss auf das In-vitro-Wachstum der Pflanzen haben (SCHÖNWEIß 2005). So eben können auch bei den hier durchgeführten Versuchen all diese nicht detailliert beobachteten und bewerteten Effekte einen Einfluss auf das Wachstum gehabt haben, welche nicht durch die beschriebenen Versuchsvarianten bedingt sein müssen.

Fragenkomplex 2 Phytohormone

Einfluss der Gerätekonfiguration

Ein auffälliges Ergebnis der Phytohormon-Messung ist der fehlende Nachweis von Zeatin und Indol-3-Essigsäure in den Blattproben. Aufgrund der Neuinstallation der HPCL-MS-Kombination können Gerätefehler nicht ausgeschlossen werden. Aus diesem Grund mussten mehrere Testläufe gemacht werden, bis angemessene Ergebnisse vorhanden waren. Durch die begrenzte Zeit und die vorhandenen Probenvolumina war ein umfangreiches Testen und Optimieren der Läufe nicht vollständig möglich. Eventuell wären höhere Phytohormongehalte bzw. auch Zeatin oder Indol-3-Essigsäure bei einem optimalen abgestimmten Probendurchlauf nachzuweisen gewesen. Möglich wäre ebenfalls, dass die Mengen an Indol-3-Essigsäure bzw. Zeatin zu gering in den Blättern von Gehölzen sind, als dass sie mit der

verwendeten Methode detektiert werden konnten. In der Literatur konzentrieren sich die Untersuchungen zu diesen beiden Phytohormonen im Bereich der Gehölze bspw. auf deren Menge im Kambium und deren Einfluss auf die Holzbildung von *Cryptomeria japonica* (D. Don) (KIJIDANI et al. 2014; 2016).

Vergleich der Phytohormonkonzentration über alle Versuche

Die ausgewerteten und quantifizierten Phytohormongehalte über alle Versuche (Zeitpunkt und Zeitreihe) verglichen, lassen auf einen möglichen Kloneffekt bezüglich der Phytohormonmengen rückschließen. Bei Genotyp 71/4 des Zeitreihen-Versuchs konnte ein höherer Phytohormongehalt festgestellt werden als bei P2. Des Weiteren kennzeichnete P2 einen hohen Salicylsäuregehalt, der von keinem anderen Klon erreicht wurde. Klon 358/3 hatte im Vergleich dazu mittlere Phytohormongehalte.

Der Gehalt am Phytohormon Jasmonsäure ist bei anderen Pflanzenarten sehr unterschiedlich. In Sojabohne wurden in unverletzten Blättern zwischen 10 und 90 ng/gFG gemessen (CREELMAN und MULLET 1995). In *Nicotiana tabacum* wurden 10 ng/gFG in unverletzten Blättern gemessen (BALDWIN et al. 1997). Die gemessenen Mittelwerte für unbehandelte Esche waren 120 ng/FG für Genotyp 358/3, 130 ng/g FG für Genotyp P2 und 195 ng/gFG für 71/4. Diese im Vergleich zu den genannten krautigen Pflanzen hohen Werte sind möglicherweise typisch für Bäume. Bei der Messung des Jasmonsäuregehaltes in *Populus nigra* (L.) wurde bei unverletzten Pflanzen ein Wert von 90 ng/gTG (ULLAH et al. 2019).

Für den Salicylsäuregehalt sind die beobachteten Schwankungen noch größer. In Blättern verschiedener krautiger Pflanzen wurden Werte zwischen 37190 ng/gFG (*Oryza sativa* L.) und <10 ng/gFG (z.B. *Brassica napus* L., *Nicotiana tabacum* L. und *Cassia obtusifolia* L.) gemessen, wobei die niedrigen Werte weiter verbreitet sind (RASKIN et al. 1990). Die Salicylsäuregehalte unverletzter Eschenblätter schwankte zwischen 200 und 300 ng/g FG für die drei untersuchten Genotypen. Auch hier könnte die Diskrepanz zwischen den Messwerten und den älteren Literaturwerten den Unterschied zwischen krautigen Pflanzen und Gehölzen widerspiegeln. Bei der Messung von Salicylsäure an *Populus nigra* wurde an unverletzten Blätter Werte zwischen 325 und 600 ng/gTG gemessen (ULLAH et al. 2019).

Zeitpunktversuch

Bei den Phytohormonmessungen im Gewächshaus wurde zwischen lokalen und systemischen Proben unterschieden. Lokal bedeutet, dass die Pflanze direkt am Fraßort auf das Stresssignal antwortet. Es besteht aber auch die Möglichkeit, dass das Stresssignal an nicht betroffene Pflanzenteile weitergeleitet wird und dort systemisch zu einer Stressantwort kommt, die mit einer Veränderung der Hormonkonzentration verbunden ist (PEDRAZANI & VIGLIOCCO 2017). Für Jasmonsäure und Salicylsäure konnten kaum Unterschiede zwischen den Behandlungen und der Kontrolle nachgewiesen werden. Beim Genotyp P2 gab es einen Unterschied in der Jasmonsäurekonzentration bei der systemischen Reaktion auf Raupe oder mechanische Verletzung. Signifikant unterschiedlich zur Kontrolle war aber nur die Raupenbehandlung. Allerdings war die Jasmonsäurekonzentration nur etwa 50 % höher nach dem Raupenfraß mit einem durchschnittlichen Wert von 200 ng/gFG. Dies steht im Gegensatz zu einer Beobachtung bei Schwarzpappel für die Behandlung mit den Raupen des Schwammspinners (*Lymantria dispar* L.). Hier betrug die Jasmonatkonzentration nach 40 Stunden Raupenfraß 9000 ng/gTG (EBERL et al. 2018) was etwa einer 30-fachen Erhöhung im Vergleich zur Kontrolle entspricht. Eine mögliche Erklärung ist, dass in unserem Versuch nur Jasmonsäure gemessen wurde und bei dem Pappelversuch eine Summe für alle gemessenen Jasmonate, inklusive verschiedener Jasmonsäure-Isoleucine. Es ist also möglich, dass in dem gewählten Versuchsaufbau Jasmonsäure-Isoleucin die aktive Substanz ist und dementsprechend bei weiteren Untersuchungen an Esche auch Jasmonsäure-Isoleucin analysiert werden muss.

Zeitreihenversuch

Innerhalb des gemessenen Zeitraums von 240 Minuten konnte kein Anstieg der Jasmonsäure- und der Salicylsäurekonzentration in Eschenblättern nachgewiesen werden. Dies ist speziell bei der Jasmonsäure im Gegensatz zu den Erkenntnissen bei krautigen Pflanzen. Hier ist Jasmonsäure ein Stresshormon, dessen Produktion innerhalb weniger Minuten nach Stress induziert wird. Dies führt zu einer reversiblen Erhöhung der Jasmonsäurekonzentration. Bei Versuchen zu Wasserstress in Sojabohne kam es zu einem fünffachen Anstieg der Jasmonsäure nach zwei Stunden, der nach vier Stunden wieder auf das Niveau der Kontrolle sank (CREELMAN & MULLETT 1995). Die Verletzung von Tabakblättern führte innerhalb von 90 Minuten zu einer Verzehnfachung der Jasmonsäurekonzentration (99,1 ng/gFG verglichen zu 10 ng/gFG vor Verletzung, BALDWIN et al. 1997). Es bleibt festzuhalten, dass dieser als jasmonate burst bezeichnete reversible Anstieg bei der Esche nicht zu beobachten war. Dies lässt die Vermutung zu, dass es keinen kurzfristigen Jasmonsäureanstieg bei Gehölzen nach einer Verletzung gibt bzw. mit den hier verwendeten Methoden nicht nachgewiesen werden konnte.

Eine mögliche Erklärung für den methodischen Einfluss ist die Art und Weise der mechanischen Verletzung. Die bei der Esche verwendete Verletzung mittels Kopierädchen ist möglicherweise nicht ausreichend um einen Fraßschaden zu imitieren. Vor einem ähnlichen Problem standen MITHÖFER et al. (2005) bei Experimenten zum Fraß von *Spodoptera littoralis* (B.) an Limabohne. Sie vermuteten, dass eine flächenmäßig kleine Verletzung, die in der Natur beispielsweise durch einen Hagelschlag ausgelöst sein könnte, nicht den energetisch aufwändigen Prozess des Startens einer Stressantwort über eine Phytohormonsignalkette auslöst. Deshalb entwickelten sie eine mechanische Raupe die mit einem Metallstift (0,5 mm Durchmesser) bis zu 12000 Verletzungen pro Blatt durchführen kann (MITHÖFER et al. 2005). Dieser Aspekt sollte bei zukünftigen Versuchen zu Fraßschäden an Gehölzen Berücksichtigung finden.

Schlussfolgerung

Zusammenfassend lässt sich sagen, dass die Raupe mit ihrer Fraßaktivität und ihrem Regurgitant zwar einen signifikanten Einfluss auf das In-vitro-Wachstum im Vergleich zur Kontrolle hat, aber die mechanische Verletzung zu einer noch besseren Durchschnittslänge der In-vitro-Triebe führte. Der Umstand des Raupenfraßes führt zu einem Neuaustrieb der Pflanze im geschützten Raum, und sorgt für eine bessere In-vitro-Etablierung und bessere Überlebenschancen. Dieser Umstand ist bereits schon von SCHÖNWEIß (2005) publiziert worden.

Des Weiteren hat nicht das Regurgitant einen Effekt auf den Hormonhaushalt in den Gehölzen, sondern vermutlich nur die Verletzung. Ein Jasmonsäureanstieg konnte hier nicht nachgewiesen werden. Es kann also vermutet werden, dass es keinen Jasmonsäureanstieg bei Gehölzen gibt, der mit den krautigen Pflanzen vergleichbar wäre. Die genaueren Umstände und Ausmaße sollten für gesicherte Aussagen nochmals umfangreich untersucht werden.

Danksagung

Wir danken Paul Reim, Denise Mettke und Petra Knauer für die exzellente technische Unterstützung. Das Projekt „ResEsche“ in dessen Rahmen, die hier vorgestellten Arbeiten stattfanden, wurden durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft gefördert (FKZ: 22019915)

Literatur

BALDWIN IT (1988) The alkaloidal responses of wild tobacco to real and simulated herbivory. *Oecologia* 77: 378–381.

- BALDWIN IT (1994) Wound-induced changes in root and shoot jasmonic acid pools correlate with induced nicotine synthesis in *Nicotiana sylvestris*. *J Chem Ecol.* 20: 2139–2157.
- BALDWIN IT et al. (1997) Quantification, correlations and manipulations of wound-induced changes in jasmonic acid and nicotine in *Nicotiana sylvestris*. *Planta* 201: 397–404.
- BEASLY R et al. (2013) Regeneration of Plants from *Fraxinus nigra* Marsh. Hypocotyls. *HortScience* Vol. 48 (7): 887-890.
- CHALUPA V (1990) Micropropagation of Hornbeam (*Carpinus betulus* L.) and Ash (*Fraxinus excelsior* L.). *Biologia Plantarum* 32 (5): 332-338.
- CREELMAN R, MULLET J (1995) Jasmonic acid distribution and action in plants: Regulation during development and response to biotic and abiotic stress. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 92: 4114 – 4119.
- EBERL F et al. (2018) Leaf rust infection reduces herbivore-induced volatile emission in black poplar and attracts a generalist herbivore. *New Phytologist* 220: 760-772.
- ENDERLE R et al. (2015) Eschentriebsterben. In *Waldzustandsbericht 2015 für Baden-Württemberg; Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg, Ed.; Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg: Freiburg, Germany, pp. 46–54.*
- FORSTER W, WOHLFAHRT T (1960) Die Schmetterlinge Mitteleuropas, Band III Spinner und Schwärmer (*Bombyces und Sphinges*). Franck'sche Verlagshandlung W. Keller & Co, Stuttgart, S. 110.
- GROSSER D (2002) Das Holz der Esche – Eigenschaften und Verwendung. In: *Beiträge zur Esche – Fachtagung zum Baum des Jahres 2001, Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft.*
- HALITSCHKE R et al (2000) Eco-physiological comparison of direct and indirect defenses in *Nicotiana attenuata*. *Oecologia* 124: 408–417.
- HALITSCHKE R et al. (2001) Molecular Interactions between the Specialist Herbivore *Manduca sexta* (Lepidoptera, Sphingidae) and Its Natural Host *Nicotiana attenuata*. III. Fatty Acid-Amino Acid Conjugates in Herbivore Oral Secretions Are Necessary and Sufficient for Herbivore-Specific Plant Responses. *Plant Physiol.* 125 (2): 711–717.
- HEIZMANN W (2002) Die Esche als Weltenbaum in der mythischen Überlieferung der Nordgermanen. In: *Beiträge zur Esche – Fachtagung zum Baum des Jahres 2001, Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft.*
- HERMSMEIER D et al. (2001) Molecular interactions between the specialist herbivore *Manduca sexta* (Lepidoptera, Sphingidae) and its natural host *Nicotiana attenuata*: I. Large-scale changes in the accumulation of growth- and defense-related plant mRNAs. *Plant Physiol.* 125: 683–700.
- HEB D (2008) *Pflanzenphysiologie: Grundlagen der Physiologie und Biotechnologie der Pflanzen.* 11. Auflage, Ulmer, Stuttgart, S. 56.
- KAHL J et al. (2000) Herbivore-induced ethylene suppresses a direct defense but not a putative indirect defense against an adapted herbivore. *Planta* 210: 336–342.
- KASTNER J (2013) *Bonsai ziehen, gestalten und pflegen.* Gräfe und Unzer, München, S. 48- 49 ,78-79.
- KIJIDANI Y et al. (2014) Variation of indole acetic acid (IAA) amounts in cambial-region tissues in 7- and 24-old sugi (*Cryptomeria japonica*) trees. *J Wood Sci* 60: 177-185.
- KIJIDANI Y et al. (2016) Effects of applikation of *trans*-zeatin on trachid differentiation in mature sugi (*Cryptomeria japonica*) trees. *J Wood Sci* 62: 370-376.
- KIPP O (2013) *Asiatische Gärten gestalten.* Gräfe und Unzer, München, 130 S.
- KOWALSKI T (2006) *Chalara fraxinea* sp. nov. associated with dieback of ash (*Fraxinus excelsior*) in Poland. In: *Forest Pathology. Band 36, Nr. 4.* SKI, T. (2006) *Chalara fraxinea* sp. nov. associated with dieback of ash (*Fraxinus excelsior*) in Poland. *Forest Pathology. Band 36, Nr. 4.*
- LEE HJ et al. (2017) Adventitious shoot regeneration from in vitro leaf explants. *Plant Cell Tiss Organ Cult* 130: 335-345.
- LEPIDOPTEROLOGEN ARBEITSGRUPPE (1997) *Pro Natura – Schweizerische Bund für Naturschutz, Schmetterlinge und ihre Lebensräume, Band 2.* Verlag CH-8132 Egg, S. 525ff.
- MCCLOUD ES, BALDWIN IT (1997) Herbivory and caterpillar regurgitants amplify the wound-induced increases in jasmonic acid but not nicotine in *Nicotiana sylvestris*. *Planta* 203: 430–435.
- MIETHÖFER A et al. (2005) Effects of feeding *Spodoptera littoralis* on lima bean leaves. Continuous mechanical wounding resembling insect feeding is sufficient to elicit herbivory-related volatile emission. *Plant Physiology* 137.

- MITCHELL RJ et al. (2014): The Potential Ecological Impact of Ash Dieback in the UK. Joint Nature Conservation Committee Reports. Nr. 483.
- MITRAS D et al. (2009) *In vitro* propagation of *Fraxinus excelsior* L. by epicotyls. J. Biol. Res.-Thessalon 11: 37-48.
- PAN X et al. (2010) Quantitative analysis of major plant hormones in crude plant extracts by high-performance liquid chromatography-mass spectrometry. Nature Protocols Vol 5 No.6: 986-992.
- PEDRAZANI H, VIGLIOCCO A (2017) Evaluation of jasmonic acid and salicylic acid levels in abiotic stress tolerance: Past and present. Mechanisms Behind Phytohormonal Signalling and Crop Abiotic Stress Tolerance. Nova Science Publishers: 329-370.
- RASKIN I et al. (1990) Salicylic Acid Levels in Thermogenic and Non-Thermogenic Plants. Annals of Botany 66: 369-373.
- SCHITTKO U et al. (2000) Eating the evidence? *Manduca sexta* larvae can not disrupt specific jasmonate induction in *Nicotiana attenuata* by rapid consumption. Planta 210: 343–346.
- SCHITTKO U et al. (2001) Molecular interactions between the specialist herbivore *Manduca sexta* (Lepidoptera, Sphingidae) and its natural host *Nicotiana attenuata*: II. Accumulation of plant mRNAs responding to insect-derived cues. Plant Physiol. 125: 701–710.
- SCHÖNWEIß K (2005) Etablierung neuer Methoden zur *in vitro* Kultivierung der Baumart *Fraxinus excelsior* L. und Entwicklung von Verfahren zur Kryokonservierung von *in vitro* Sprossspitzen. Dissertation am Institut für Biologie, Kassel.
- SCHRÖDER F (1998) Induzierte chemische Abwehr bei Pflanzen. Angew. Chem. 110, Nr. 9: 1271-1274.
- SCHUMACHER J et al. (2007) Erster Nachweis von *Chalara fraxinea* T. Kowalski sp. nov. in Deutschland – ein Verursacher neuartiger Schäden an Eschen. Nachrichtenblatt des Deutschen Pflanzenschutzdienstes. Band 59, Nr. 6.
- SCHWAIGER M (2011) Einige Aspekte der *in-vitro* Vermehrung von Pflanzen. Unter: <https://bit.ly/2Ow6WTK> (aufgerufen am 18.09.2018)
- ULLAH C et al. (2019) Salicylic acid activates poplar defense against the biotrophic rust fungus *Melampsora larici-populina* via increased biosynthesis of catechin and proanthocyanidins. New Phytologist 221: 960-975. doi: 10.1111/nph.15396
- WASTERNAK C, HAUSE B (2014) Blütenduft, Abwehr, Entwicklung: Jasmonsäure – ein universelles Pflanzenhormon. Biologie Unserer Zeit 44: 165-171.

Autoren

FRANZISKA PAST, Dr. BEN BUBNER:
Thünen-Institut für Forstgenetik, Eberswalder Chaussee 3a, 15377 Waldsiedersdorf
franziska.past@thuenen.de

Dr. INGA MEWIS
Humboldt-Universität zu Berlin, Thaer-Institut für Agrar- und Gartenbauwissenschaften, Lentzeallee 55-57,
14195 Berlin

Phänotypische und genetische Reaktionen von *Sequoia sempervirens* Herkünften auf Frosttemperaturen

NATALIE BREIDENBACH, HENNING WILDHAGEN, CELIO BANDURSKI, LAYLA ENGELHARDT, MARLIES BÜTTNER, OLIVER GAILING und KONSTANTIN V. KRUTOVSKY

Zusammenfassung

Angesichts des Klimawandels und der daraus resultierenden Veränderungen in Niederschlag und Temperatur in Deutschland, stellt der kalifornische Küstenmammutbaum *Sequoia sempervirens* (D. Don) Endl., mit seinen exzellenten physikalischen Holzeigenschaften und seiner hohen Zuwachsrate, eine interessante Option für eine nachhaltige Waldbewirtschaftung dar.

Das natürliche Verbreitungsgebiet, umfasst einen Küstenstreifen in Kalifornien und Oregon und ist durch mediterranes Klima charakterisiert. Deutschland ist hauptsächlich durch ein kontinentaleres, kälteres Klima geprägt. Diese klimatischen Unterschiede stellen momentan ein Risiko für den Anbau von *S. sempervirens* in Deutschland dar. Jedoch weisen einige Genotypen eine hohe Frostresistenz auf. Diese Genotypen wurden in den letzten 50 Jahren durch Stecklinge vermehrt und hauptsächlich in botanischen Gärten und Arboreten in Deutschland angepflanzt.

Um die verfügbaren genetischen Ressourcen von frostresistenten *S. sempervirens* Genotypen zu optimieren, wurden 6 Herkünfte aus dem gesamten kalifornischen Verbreitungsgebiet in kontrollierten Klimakammerexperimenten mit Temperaturen bis zu -15 °C getestet. Weiterhin wurden die Herkünfte hinsichtlich Photosyntheserate, Chlorophyllgehalt und anhand von morphologischen Nadelmerkmalen verglichen. Klone, derselben Herkunft, wurden vor und nach den Frostereignissen für Genexpressionsanalysen beprobt. Die frostsensitiven und frostresistenten Pflanzen wurden in ihrer Genexpression miteinander verglichen. Unterschiedlich exprimierte Gene werden für die Entwicklung eines Selektionsverfahrens, basierend auf adaptiven genetischen Markern, SNPs, für die Identifizierung von frostresistenten Genotypen verwendet.

Schlüsselworte: Küstenmammutbaum, Froststress, photosynthetische Netto-CO₂-Assimilationsrate, Genexpression, SSRs

Abstract

Phenotypic and genetic response of *Sequoia sempervirens* origins to freezing temperatures

Considering climate change and expected changes in precipitation and temperature, the Californian coast redwood, *Sequoia sempervirens* (D. Don) Endl., characterized by excellent physical wood properties and high growth rate, presents an important introduced species prospective for growing in Germany to supply sustainable forestry.

The natural distribution of coast redwood ranges along the coast of Central and North California and partly South Oregon and is dominated by a relatively mild maritime climate, while Germany is currently characterized mostly by a more continental colder climate with occasional frosts. Due to these colder conditions planting coast redwood in Germany is very risky. However, frost resistant trees have been observed among the coast redwood introduced to Germany during the last 50 years. These individuals have been propagated via cuttings and planted in botanic gardens and arboreta all over Germany.

We collected several supposedly frost resistant coast redwood clones with both unknown and known origin representing six regions in the entire natural distribution range and tested them in climate chamber experiments with different freezing temperatures including temperatures as low as -15 °C. Further, photosynthesis rate, chlorophyll content, and morphological needle traits were compared between individuals of the six origins. Clones of the same origin were sampled before and after treatments to compare the gene expression at different temperature levels. Frost resistant and sensitive trees were compared to each other. Functional genetic markers, SNPs, in differentially expressed genes are used to develop a selection application to identify frost resistant genotypes.

Keywords: Coast redwood, frost stress, photosynthesis rate, gene expression, SSRs

Einleitung

In Anbetracht der vorausgesagten klimatischen Veränderungen in Deutschland und Europa und deren negativen Effekte auf heimische Baumarten, ist es sinnvoll Alternativbaumarten für die deutsche Forstwirtschaft zu etablieren (NEUNER und KNOKE 2017; POMPE et al. 2008). Durch die Verlagerung der Verbreitungsgebiete von Pflanzenarten in Richtung Norden, wird für Deutschland ein Klima prognostiziert, das dem heutigen mediterranen Klima ähnlich ist (LINDNER et al. 2014; URLI et al. 2014).

Eine für dieses Klima mögliche Werholzbaumart ist der Amerikanische Küstenmammutbaum, *Sequoia sempervirens* (D. Don) Endl. *Sequoia sempervirens* zeichnet sich durch sein wertvolles Holz und eine hohe Wachstumsrate aus (BUSING & FUJIMORI 2005; OLSON et al. 1990; ROY 1966). Natürlicherweise ist die Baumart endemisch entlang der amerikanischen Atlantikküste im südlichen Oregon und nördlichen Kalifornien (ROY 1966). Dort und in weiteren Ländern mit ähnlichen Klimabedingungen ist der Küstenmammutbaum ein wichtiger Nutzholzlieferant (ARNAUD et al. 1993; PALMER et al. 2012).

Die Atlantikküste in Kalifornien, das natürliche Verbreitungsgebiet des Küstenmammutbaums, ist durch ein mediterranes Klima charakterisiert (LORIMER et al., 2009), damit können maximal Tiefsttemperaturen im Winter von -4 °C beobachtet werden (USDA-Winterhärtezonen 9b - 10b, Abbildung). Deutschland ist deutlich kontinentaler mit Winterdurchschnittstemperaturen von -4 °C in den wärmsten Regionen (USDA-Winterhärtezonen 7a bis 9a, Abbildung 1). Aufgrund dieser klimatischen Diskrepanz ist der Küstenmammutbaum bisher nur als exotische Baumart angepflanzt (AHUJA 1991). Jedoch konnte bei einigen Individuen in Deutschland und in Frankreich aus unbekanntem Herkünften Frostresistenz beobachtet werden (*nicht veröffentlichte Daten*). Die ältesten deutschen frostresistenten Exemplare stehen in der Sequoiafarm in Kaldenkirchen (Abbildung 2). Diese Individuen wurden durch Stecklingsvermehrung propagiert und in botanischen Gärten und Arboreten, wie zum Beispiel in Burgholz (Abbildung 2), angepflanzt. Dadurch ist die genetische Diversität dieser Standorte gering (Breidenbach et al. *eingereicht*). Um die genetische Diversität der frostresistenten Individuen in Deutschland zu erhöhen, wurden fünf Herkünfte (Abbildung 8) und die Zuchtform ‚Filoli‘ in ihrer genetischen Struktur und in ihrer Reaktion auf Frosttemperaturen verglichen. Die Zuchtform Filoli zeichnet sich durch ihre bläuliche Färbung aus, die auch im natürlichen Verbreitungsgebiet gefunden werden kann. Aufgrund der hohen natürlichen Variabilität in Nadelformen und -färbungen des Küstenmammutbaums (Abbildung 3) wurden bei den Versuchspflanzen Blattmerkmale aufgenommen, die mit dem Wasserhaushalt und somit dem Antwortverhalten auf Frost in Verbindung stehen. Damit sollen mithilfe genetischer und phänotypischer Methoden frostresistente Herkünfte identifiziert werden.

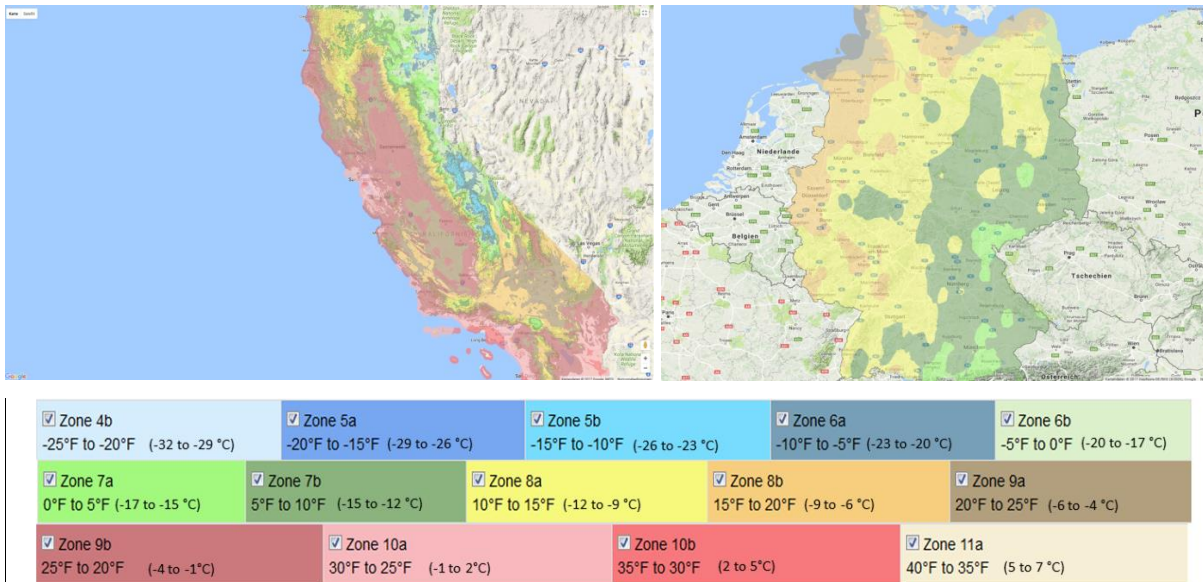


Abbildung 1: Farbliche Darstellung der USDA-Härtezonen im natürlichen Verbreitungsgebiet und in Deutschland.
Quelle: plantmaps.com



Abbildung 2: Küstenmammutbäume in der Sequoiafarm Kaldenkirchen (links) und in Burgholz (rechts)
(Fotos: N. BREIDENBACH)



Abbildung 3: Beispiele der unterschiedlichen Phänotypen von *Sequoia sempervirens* (Fotos: N. BREIDENBACH)

Material und Methoden

17 Klone, mit jeweils 2-3 Rameten, aus bekannten Herkünften und frostresistente deutsche Bäume, unbekannter Herkunft wurden in einem kontrollierten Klimakammerexperiment getestet (Tabelle 1, BREIDENBACH et al. *in review*). Nach einer mehrtägigen Härtingsphase bei 5 und 0 °C wurden die Klone abwechselnd für dreimal 12 Stunden mit jeweils den Temperaturen 0 °C und -10 °C behandelt. Die 0 °C Stufe simulierte den Wintertag mit angeschaltetem Licht. Nach der Beprobung wurde das Pflanzenmaterial in flüssigen Stickstoff gelagert und mithilfe der CTAB-Methode wurde die RNS aus Nadelproben extrahiert (CHANG et al. 1993). Die RNS von 11 Klonen wurden einzeln sequenziert und ein weiteres Mal gepoolt sequenziert. Mit der gepoolte Probe wurde eine Transkriptom *DeNovo* Assembly mit der Software Trinity (GRABHERR et al. 2013) erstellt (BREIDENBACH et al. *in review*). Diese De Novo Assembly wurde als Referenz für die Genexpressionsanalysen verwendet, die mit den beiden Programmen CLC Genomic Workbench (Qiagen, Hilden, Deutschland) und DeSEQ2 (LOVE et al. 2014) durchgeführt wurden. In den Genen, die von beiden Programmen als differentiell exprimiert identifiziert wurden, wurde mithilfe der Programme Samtools und Freebayes, SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) gesucht.

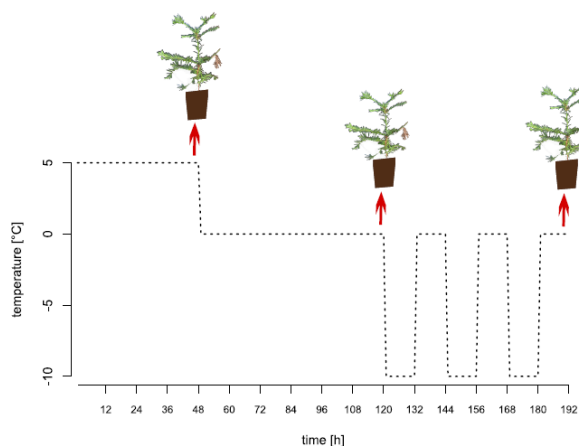


Abbildung 4: Temperaturverlauf des Klonexperimentes. Pfeile markieren die Entnahme der Rameten des jeweiligen Klons (BREIDENBACH et al. in review)

Ein weiteres Experiment mit modifiziertem Temperaturverlauf des beschriebenen Klonversuches (Abbildung 4) wurde mit mehrjährigen Sämlingen aus 5 Herkünften aus dem natürlichen Verbreitungsgebiet und die Zuchtform ‚Filoli‘ durchgeführt. Die Bäume wurden in ihrer phänotypischen Reaktion auf drei Minustemperaturstufen (-5 °C, -10 °C, -15 °C) beobachtet. Für jede Temperaturstufe wurden vier Individuen der jeweiligen Herkunft gleichzeitig getestet. Das Experiment wurde zweimal wiederholt und damit wurden insgesamt 288 Bäume getestet. Von allen Versuchspflanzen wurde Nadelmaterial beprobt und die DNS wurde unter der Verwendung des DNeasy Plant Kit (Qiagen, Hilden, Deutschland) extrahiert. Die Genotypen wurden mithilfe von 12 nuklearen Mikrosatellitenprimern bestimmt (BREIDENBACH et al. 2019; BRUNO & BRINEGAR 2004; DOUHOVNIKOFF & DODD 2011; NARAYAN et al. 2015). Die paarweise genetische Distanz, Bray-Curtis-Dissimilarity, basierend auf den 12 Mikrosatelliten, wurde mithilfe des R-Paketes ‚Polysat‘ (CLARK & JASIENIUK 2011) für alle Versuchspflanzen berechnet. Stomatadichte von Nadelober- und Unterseite, Stomatalänge und Höhe wurden für die Versuchsbäume an zwei Nadeln pro Pflanze erfasst. Während der Lichtphase wurden am Ende der jeweiligen Härtephasen und der Frosttemperatur die photosynthetische Netto-CO₂-Assimilationsrate bei drei Individuen pro Herkunft gemessen (WALZ GFS-3000 bei Bedingungen in der Küvette von 400 ppm CO₂ und 20 °C sowie 750 μmol m⁻² s⁻¹ PAR). Weiterhin wurden die Nadel- und Triebsschädigungen der Bäume nach dem jeweiligen Frostereignis für 12 Wochen beobachtet. Basierend auf den Mittelwerten jeder Herkunft und Parameter wurde eine „Principal Component Analysis“ (PCA) mithilfe des R-Paketes „vegan“ (OKSANEN et al. 2019) erstellt und mit „ggplot2“ () dargestellt.

Ergebnisse

Die mit Trinity erstellte Transkriptom *De Novo* Assembly hatte eine Gesamtgröße von n= 622955, L50 betrug 89696 bp. In Abbildung 5 sind die Ergebnisse der Genexpressionsanalysen für fünf Klone in einem Venn Diagramm dargestellt. 400 contigs waren bei dem Vergleich der Temperaturstufen 5 °C und -10 °C bei allen fünf Klonen differentiell exprimiert, diese repräsentieren 103 Gene. Für 28 dieser Gene ist bereits bekannt, dass sie in Reaktionen auf abiotischen Stress involviert sind. Die paarweise genetische Distanz, basierend auf 12 Mikrosatelliten, zeigte geringe Unterschiede zwischen Individuen innerhalb und zwischen unterschiedlichen Herkünften (Abbildung 6). Ausnahmen sind einige Individuen der Herkunft ANG (rot) und der Filoli Form (blau). Ein Zusammenhang zwischen genetischer Distanz basierend auf neutralen Markern und Frostresistenz der einzelnen Herkünfte, konnte nicht festgestellt werden (Abbildung 6). Weitere Details können in der Publikation BREIDENBACH et al. (*in Bearbeitung*) gefunden werden.

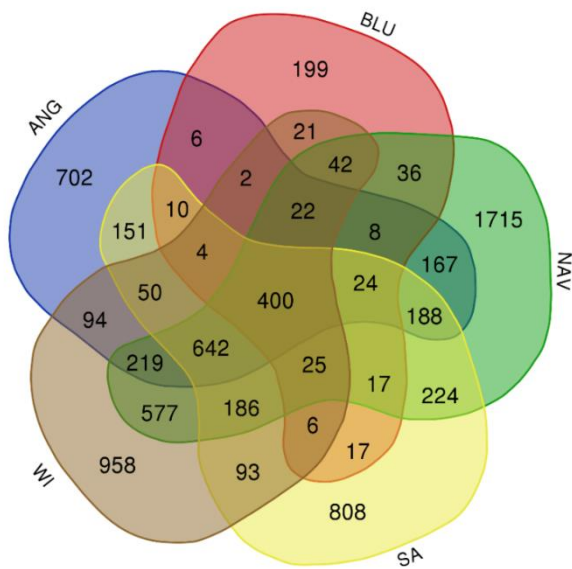


Abbildung 6: Venn Diagramm der unterschiedlich exprimierten Gene für fünf Klone, basierend auf den übereinstimmenden Ergebnisse der Programme DeSeq2 und CLC Genomic Workbench

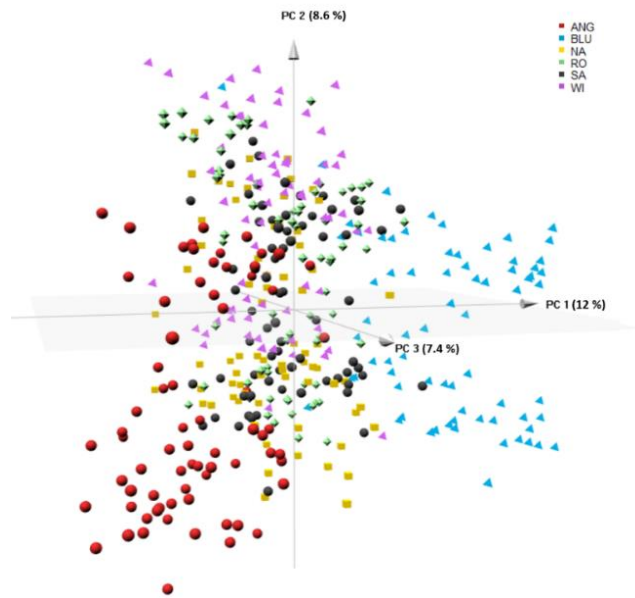


Abbildung 7: PCoA der sechs Herkünfte basierend auf Bray-Curtis-Dissimilarität und 12 Mikrosatellitengenorten

Die Herkünfte unterscheiden sich in ihrem Phänotyp nur geringfügig (Abbildung 8). Die Herkunft WI zeigte bereits bei geringen Frosttemperaturen (-5 °C) die meisten Schäden (*nicht gezeigte Daten*). Bei -10 °C Frosttemperaturen war der größte Gewebeschaden jedoch bei Herkunft BLU und NAV zu beobachten. Nach der -15 °C Behandlung zeigten durchschnittlich die Herkünfte WI und NAV die größten Schäden. Die Filoli Individuen zeigten bei den Temperaturbehandlungen -5 und -10 °C vergleichsweise nur geringere Schäden. Niedrigste durchschnittliche Photosyntheserate bei -15 °C wurde bei Herkunft RO mit $0.14 \mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$ beobachtet, gefolgt von SA mit $0.60 \mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$. Kombiniert zeigten die Herkünfte BLU (Filoli) und RO (Rockport) eine größere Distanz zu einander und zu den verbleibenden Herkünften. Wie auch bei der genetischen Distanz reflektiert die geographische Distanz zwischen Herkünften nicht die Unterschiede zwischen Phänotypen (Abbildung 7).

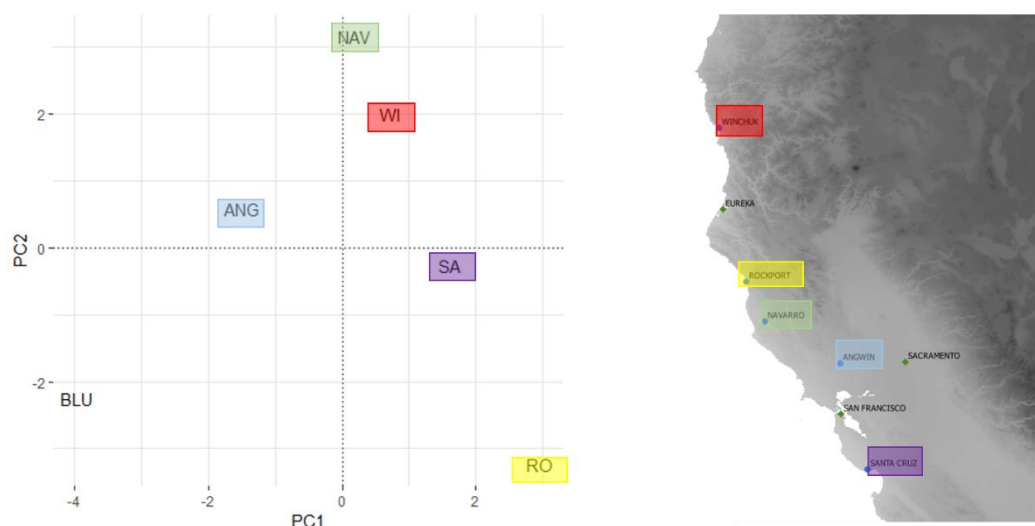


Abbildung 8. PCA basierend auf den durchschnittlichen Ergebnissen für jede Herkunft der phänotypischen Parameter: Höhe, Gewebeschaden nach Temperatur $-5\text{ }^{\circ}\text{C}$, $-10\text{ }^{\circ}\text{C}$ und $-15\text{ }^{\circ}\text{C}$, Stomatadichte der Nadeloberseite und Nadelunterseite, Stomatalänge und die CO_2 -Assimilation während den jeweiligen Temperaturen $5\text{ }^{\circ}\text{C}$, $0\text{ }^{\circ}\text{C}$, $-5\text{ }^{\circ}\text{C}$, $-10\text{ }^{\circ}\text{C}$ und $-15\text{ }^{\circ}\text{C}$. Die Herkünfte ANG (Angwin, blau), BLU (Filoli), NAV (Navarro, grün), RO (Rockport, gelb), SA (Santa Cruz, violett), WI (Winchuk, rot) sind auf der benachbarten Karte markiert, graustufen zeigen die mittlere Monatstemperatur in den Jahren 1979-2013 (KARGER et al. 2017, chelsea-climate.org).

Diskussion

Trotz der Schwierigkeit der Hexaploidie von *Sequoia sempervirens* konnte eine Transkriptom *De Novo* Assembly erstellt werden. Die Genexpressionsanalysen zeigen, dass der Küstenmammutbaum auf den Froststress reagiert. Die differentiell exprimierte Gene gehören, zum Beispiel, zu den „ethylen responsive factors“ (ERF) und „cold responsive binding factors“ (CBF) Genen und wurden bereits in anderen Pflanzen und Baumarten als typische Antwort auf abiotischen Stress identifiziert (BECK et al. 2007). Gene, die in metabolischen Wege mit Calcium als Frostsignal involviert sind (JANSKÁ et al. 2010), waren ebenfalls bei den getesteten Klonen hochreguliert.

Für andere Baumarten konnte ein Zusammenhang zwischen Photosyntheserate und Temperatur festgestellt werden (DE LUCIA & SMITH 1987; STRAND & ÖQUIST 1985). Die Photosyntheserate sinkt mit absinkenden Temperaturen, eine geringe Photosynthesekapazität bleibt aber erhalten. In anderen Koniferen konnte jedoch ein Stopp der CO_2 -Aufnahme bei Frosttemperaturen gemessen werden (ENSMINGER et al. 2006; STRAND & ÖQUIST 1985). Dies könnte eine Erklärung für die Frostsensitivität von *S. sempervirens* sein. Die Frostresistenz kann durch das Aufrechterhalten des osmotischen Potentials in den Zellen und Gewebe erhöht werden (BECK et al. 2007), natürlicherweise spielen morphologische Nadelmerkmale dabei eine adaptive Rolle (COOPMAN et al. 2010; HARFOUCHE et al. 2014). Für *S. sempervirens* konnten keine Unterschiede auf Herkunftsebene beobachtet werden, Herkünfte mit durchschnittlich höheren Frostschäden wie WI unterscheiden sich in den untersuchten Nadelmerkmalen nicht von BLU und RO mit durchschnittlich geringeren Frostschäden. Auch bei der Stomatadichte unterscheiden sich die Herkünfte kaum, eine Ausnahme ist hier die Herkunft Filoli, mit der Ausprägung einer deutlich höheren Stomatadichte auf der Nadeloberseite und einer etwas niedrigeren Stomatadichte auf der Nadelunterseite. Auch das Vorkommen von Stomata auf der Nadeloberseite scheint keine Verbindung oder die Veränderung der Photosyntheserate scheint bei *S. sempervirens* keine Rolle bei der Anpassung an tiefe Temperaturen zu spielen. Die fehlenden signifikanten Unterschiede zwischen Herkünften können an der Auswahl der Herkünfte an sich liegen, wenn die klimatischen Bedingungen der Herkunftsorte zu ähnlich sind oder die Variation zwischen den Individuen zu hoch ist, um Unterschiede zwischen Populationen festzustellen (SAKAI & LARCHER 1987).

Schlussfolgerung

Aufgrund der geringen Differenzierung an morphologischen und physiologischen Merkmalen konnte keine der getesteten Herkünfte als frostresistent identifiziert werden. Die Untersuchung von weiteren Herkünften aus unterschiedlichen Regionen, mit geringeren Wintertemperaturen und Luftfeuchtigkeit könnten Muster lokaler Anpassung zeigen. Weiterhin kann es durch die Analyse der Versuchspflanzen mit adaptiven Markern (SNPs) in bekannten Genen für abiotischen Stress, möglich werden, Herkünfte zu unterscheiden. Außerdem kann die Selektion von einzelnen frostresistenten Genotypen interessant sein. Weiter Untersuchungen sind für eine verlässliche Aussage notwendig.

Danksagung

Wir danken dem Gewächshaus für tropische Nutzpflanzen der Universität Kassel in Witzenhausen für die Bereitstellung der Klimakammern. Vielen Dank an das Transcriptome and Genome Analysis Laboratory (NIG) der UMG Göttingen für die Sequenzierung der RNS Proben. Wir bedanken uns bei Carolin Kroneberger und Patrick Nern der HAWK Göttingen, und den Kolleg_innen der Abteilung für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung Göttingen für die Unterstützung während den Klimakammerversuchen. Die Versuchsbäume wurden durch C. Niehues und D. Gockel der Baumschule Allerweltsgrün (Köln) bereitgestellt. Diese Studie wurde von der Fachagentur für nachwachsende Rohstoffe (FNR) des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL, Förderkennzeichen 22018614) und der HAWK finanziert.

Literatur

- AHUJA MR (1991) Woody Plant Biotechnology. (M. R. Ahuja, Ed.). Plenum Press, New York and London.
- ARNAUD Y, FRANCLLET A, TRANVAN H, JACQUES M (1993) Micropropagation and rejuvenation *Sequoia sempervirens* (Lamb) Endl: a Review. *Annals of Forest Science* 50: 273-295.
- BECK EH, FETTIG S, KNAKE C, HARTIG K, BHATTARAI T (2007) Specific and unspecific responses of plants to cold and drought stress. *Journal of Biosciences* 32 (3): 501-510. doi:10.1007/s12038-007-0049-5
- BREIDENBACH N, GAILING O, KRUTOVSKY KV (2018) Development of novel polymorphic nuclear and chloroplast microsatellite markers in coast redwood (*Sequoia sempervirens*). *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization*: 1–5. doi:10.1017/S147926211800045X
- BREIDENBACH N, SHAROV V, GAILING O, KRUTOVSKY KV (*in Review*) Transcriptome de novo assembly based on cold stressed clones of the hexaploid *Sequoia sempervirens* (D.Don) Endl.
- BREIDENBACH N, GAILING O, KRUTOVSKY KV (*Eingereicht*) Genetic structure of coast redwood populations in and outside of the natural distribution range, based on novel nuclear and chloroplast microsatellite marker sets
- BREIDENBACH N, GAILING O, KRUTOVSKY KV (*in Bearbeitung*) Genetic structure of coast redwood origins based on adaptive markers (SNPs) in cold stress genes
- BRUNO D, BRINEGAR C (2004) Microsatellite markers in coast redwood (*Sequoia sempervirens*). *Molecular Ecology Notes* 4 (3): 482–484. doi:10.1111/j.1471-8286.2004.00720.x
- BUSING RT, FUJIMORI T (2005) Biomass, production and woody detritus in an old coast redwood (*Sequoia sempervirens*) forest. *Plant Ecology* 177 (2): 177–188. doi:10.1007/s11258-005-2322-8
- CHANG S, PURYEAR J, CAIRNEY J (1993) A simple and efficient method for isolating RNA from pine trees. *Plant Molecular Biology Reporter* 11 (2): 113–116. doi:10.1007/BF02670468
- CLARK LV, JASIENIUK M (2011) polysat: An R package for polyploid microsatellite analysis. *Molecular Ecology Resources* 11 (3): 562–566. doi:10.1111/j.1755-0998.2011.02985.x
- COOPMAN RE, JARAJC, ESCOBAR R, CORCUERA LJ, BRAVO LA (2010) Genotypic variation in morphology and freezing resistance of *Eucalyptus globulus* seedlings subjected to drought hardening in nursery. *Electronic Journal of Biotechnology* 13 (1): 1–9. doi:10.2225/vol13-issue1-fulltext-10

- DELUCIA EH, SMITH WK (1987) Air and soil temperature limitations on photosynthesis in Engelmann spruce during summer. *Canadian Journal of Forest Research* 17: 527–533.
- DOUHOVNIKOFF V, DODD RS (2011) Lineage divergence in coast redwood (*Sequoia sempervirens*), detected by a new set of nuclear microsatellite loci. *The American Midland Naturalist* 165 (1): 22–37. doi:10.1674/0003-0031-165.1.22
- ENSMINGER I, BUSCH F, HUNER NPA (2006) Photostasis and cold acclimation: sensing low temperature through photosynthesis. *Physiologia Plantarum* 126: 28–44. doi:10.1111/j.1399-3054.2005.00627.x
- GRABHERR MG, HAAS BJ, YASSOUR M, LEVIN JZ, THOMPSON DA, AMIT I, ADICONIS X, FAN L, RAYCHOWDHURY R, ZENG Q, CHEN Z, MAUCELI E, HACOEN N, GNIRKE A, RHIND N, DI PALMA F, BRUCE WN, FRIEDMAN AR (2013) Trinity: reconstructing a full-length transcriptome without a genome from RNA-Seq data. *Nature Biotechnology* 29 (7): 644–652. doi:10.1038/nbt.1883
- HARFOUCHE A, MEILAN R, ALTMAN A (2014) Molecular and physiological response to abiotic stress in forest trees and their relevance to tree improvement. *Tree Physiology* 34: 1181–1198
- JANSKÁ A, MARŠÍK P, ZELENKOVÁ S, OVESNÁ, J (2010) Cold stress and acclimation - what is important for metabolic adjustment? *Plant Biology* 12 (3): 395–405. doi:10.1111/j.1438-8677.2009.00299.x
- KARGER DN, CONRAD O, BÖHNER J, KAWOHL T, KREFT H, SORIA-AUZA RW, ZIMMERMANN NE, LINDER HP, KESSLER M (2017) Climatologies at high resolution for earth's land surface areas. *Scientific Data* 4, 170122.
- LINDNER M, FITZGERALD JB, ZIMMERMANN NE, REYER C, DELZON S, VAN DER MAATEN E, et al. (2014) Climate change and European forests: What do we know, what are the uncertainties, and what are the implications for forest management? *Journal of Environmental Management* 146: 69–83. doi:10.1016/j.jenvman.2014.07.030
- LORIMER CG, PORTER DJ, MADEJ MA, STUART JD, VEIRS SD, NORMAN SP, et al. (2009) Presettlement and modern disturbance regimes in coast redwood forests: Implications for the conservation of old-growth stands. *Forest Ecology and Management* 258 (7): 1038–1054. doi:10.1016/j.foreco.2009.07.008
- LOVE MI, HUBER W, ANDERS S (2014) Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq2. *Genome Biology* 15 (12): 1–21. doi:10.1186/s13059-014-0550-8
- NARAYAN L, DODD RS, O'HARA KL (2015) A genotyping protocol for multiple tissue types from the polyploid tree species *Sequoia sempervirens* (Cupressaceae). *Applications in Plant Sciences* 3: 1–7. doi:10.3732/apps.1400110
- NEUNER S, KNOKE T (2017) Economic consequences of altered survival of mixed or pure Norway spruce under a dryer and warmer climate. *Climatic Change* 140 (3–4): 519–531. doi:10.1007/s10584-016-1891-y
- OLSON DJ, ROY D, WALTERS G (1990) *Sequoia sempervirens* (D. Don) Endl. Redwood. In R. Burns & B. Honkala (Eds.), *Silvics of North America: Volume 1 Conifers, Agricultural Handbook 654* (Vol. 1, pp. 541–551). Washington DC: USDA Forest Service.
- OKSANEN J, BLANCHET FG, FRIENDLY M, KINDT R, LEGENDRE P, MCGLINN D, MINCHIN PR, O'HARA RB, SIMPSON GL, SOLYMOS P, STEVENS MHH, SZOECZ E, WAGNER H (2019) Vegan: community Ecology Package. R package version 2.5-4.
- PALMER DJ, WATT MS, KIMBERLEY MO, DUNGEY HS (2012) Predicting the spatial distribution of *Sequoia sempervirens* productivity in New Zealand. *New Zealand Journal of Forestry Science* 42: 81–89.
- POMPE S, HANSPACH J, BADECK F, KLOTZ S, THUILLER W, KÜHN I (2008) Climate and land use change impacts on plant distributions in Germany. *Biology Letters* 4 (5): 564–567. doi:10.1098/rsbl.2008.0231
- ROY DF (1966) Silvical characteristics of redwood (*Sequoia sempervirens* [D. Don] Endl.). U.S. Forest Service Research Paper, 28.
- SAKAI A, LARCHER W (1987) *Frost Survival of Plants*. Springer Berlin Heidelberg.
- STRAND M, ÖQUIST G (1985) Inhibition of photosynthesis by freezing temperatures and high light levels in cold-acclimated seedlings of Scots pine (*Pinus sylvestris*). *Physiologia Plantarum* 65 (2): 117–123. doi:10.1111/j.1399-3054.1985.tb02369.x
- URLI M, DELZON S, EYERMANN A, COUALLIER V, GARCÍA-VALDÉS R, ZAVALA MA, PORTÉ AJ (2014) Inferring shifts in tree species distribution using asymmetric distribution curves: A case study in the Iberian mountains. *Journal of Vegetation Science* 25 (1): 147–159. doi:10.1111/jvs.12079
- U.S. Department of Agriculture (USDA) <https://planthardiness.ars.usda.gov/phzmweb/interactivemap.aspx>. 2012. access June 28th 2019.
- WICKHAM H (2016) *ggplot2: Elegant graphics for data analysis*. Springer-Verlag New York.

Autoren

Dr. NATALIE BREIDENBACH, Prof. Dr. OLIVER GAILING, Prof. Dr. KONSTANTIN V. KRUTOVSKY
Büsgen Institut, Abteilung für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Georg-August-Universität Göttingen
natalie.breidenbach@forst.uni-goettingen.de

Prof. Dr. HENNING WILDHAGEN, CELIO BANDURSKI, LAYLA ENGELHARDT, MARLIES BÜTTNER
HAWK Hochschule für Angewandte Wissenschaft und Kunst Hildesheim/Holzminden/Göttingen, Fakultät
Ressourcenmanagement, Göttingen

Robinie - eine Option für den Klimawandel? - Erste Ergebnisse einer Klonprüfung

MARTIN HOFMANN, HELMUT GROTEHUSMANN und VOLKER SCHNECK

Zusammenfassung

Die Robinie stellt nur geringe Anforderungen an den Standort. Mit Ausnahme von sehr dicht gelagerten Böden gedeiht sie auch auf armen und schlechter wasserversorgten Böden. Robinienholz ist hochwertig und kann auch im Außenbereich ohne weitere Holzschutzmaßnahmen eingesetzt werden. Häufig vorkommende Stammkrümmungen und vielfach tief angesetzte Zwiesel machen es im Allgemeinen aber schlecht nutzbar.

Inwieweit die genetische Variation Ansatzpunkte für eine Auslese besonders nutzholztauglicher Robinienklone bietet, steht im Mittelpunkt der hier vorgestellten Versuchsserie. Die Überlegenen Prüfglieder sollen gemäß den Bestimmungen des Forstvermehrungsgutgesetzes (FoVG) als geprüftes Vermehrungsgut zur Wertholzproduktion unter dem Markenzeichen silvaSELECT bereitgestellt werden.

Während einer 5-jährigen Beobachtungsdauer waren die Klone aus ungarischer Züchtung den übrigen Prüfgliedern im Zuwachs und den Formeigenschaften überlegen. Teilweise waren die Ergebnisse überlagert durch eine Infektion mit dem Robinien-Kugelpilz (*Diaporthe oncostoma*), der als Hauptursache für eine ungewöhnlich erhöhte Mortalitätsrate auf zwei Versuchsflächen verantwortlich war.

Diesbezüglich besteht weiterer Forschungsbedarf zur Virulenz des Schadpilzes und den Möglichkeiten zur Stärkung der potenziellen Wirtspflanze. Auf Basis der vorliegenden Ergebnisse kann deshalb noch keine abschließende Einschätzung zur Eignung der Robinie als Alternativbaumart im Klimawandel gegeben werden. Dennoch konnten zuwachsstarke und waldbaulich wertvolle Genotypen identifiziert werden, deren Zulassung als geprüftes Vermehrungsgut nach einer angemessenen weiteren Beobachtungszeit aussichtsreich erscheint.

Schlüsselworte: *Robinia pseudoacacia* L., Klonprüfung, Waldbau, hochwertiges Holz

Abstract

Black locus – an option under climate change? Preliminary results of a clonal trial

Black locust (*Robinia pseudoacacia* L.) makes only low demands on the soil type. With the exception of very dense soils, it also thrives on poor and poorly watered soils. Black locust wood is of high quality and can also be used outdoors without further wood protection measures. Frequent trunk curvature and often deeply set tweezers make it generally difficult to use.

To what extent the genetic variation offers starting points for a selection of especially useful Black locust clones is the focus of the trial series presented here. According to the provisions of the Forest Reproductive Material Act (FoVG), the superior test elements are to be made available as tested reproductive material for the production of valuable timber under the trademark silvaSELECT.

During a 5-year observation period some clones from Hungarian breeding were superior to the other test elements in growth and shape characteristics. The results were partly overlaid by an infection with the robinia spherical fungus (*Diaporthe oncostoma*), which was the main cause of an unusually increased mortality rate on two test plots.

In this regard, there is a need for further research on the virulence of the fungus and the possibilities of strengthening the potential host plant. On the basis of the available results, it is therefore not yet possible to make a conclusive assessment of the suitability of Robinia as an alternative tree species in climate change. Nevertheless, it was possible to identify genotypes with high growth potential and valuable for silvicultural purposes, whose approval as tested propagation material appears promising after an appropriate further observation period.

Keywords: *Robinia pseudoacacia* L., clonal trial, silviculture, high - value timber

Motivation

Seit ihrer Einführung in Frankreich im Jahre 1601 durch den französischen Hofgärtner Robin hat die Robinie in Mitteleuropa ihre standörtlichen Nischen besetzt und ist in manchen Regionen zu einem festen Bestandteil der Landschaft geworden (SCHÜTT 1994). In Deutschland stockt die Robine auf knapp 34.000 ha mit Anbauschwerpunkten in Brandenburg und Sachsen Anhalt (SCHNECK 2010). Der Familie der Leguminosen zugehörig, kann sie mit Hilfe von Wurzelbakterien Luftstickstoff pflanzenverfügbar machen und stellt deshalb im Allgemeinen nur geringe Ansprüche an den Standort. Mit Ausnahme sehr dicht gelagerter Böden gedeiht sie auch auf schwächer mit Nährstoffen versorgten und trockeneren Standorten. Als Waldbaum konnte sich die Robinie in Mitteleuropa nirgends durchsetzen, anders dagegen in Ungarn, wo sie 22,6 % der Waldfläche einnimmt und damit von erheblicher wirtschaftlicher Bedeutung ist (FÜHRER 2005). Weltweit ist die Robinie eine der am häufigsten angebaute Plantagenbaumarten (HANOVER et al. 1991).

Robinienholz ist sehr dauerhaft und kann im Außenbereich ohne chemischen Holzschutz verbaut werden. Im Innenausbau wird es wegen seiner Härte, Farbe und Maserung sehr geschätzt. Leider neigt die Robinie vielfach zu Krümmhaftigkeit, unrunder Stammformen und Zwieselwuchs, weshalb die Schnittholzausbeute im Sägewerk meist nur gering ist (KUHFS 1993). Die große Stammformvariation der Robinie wird seit langem züchterisch genutzt, da man bereits früh die Bedeutung der Sortenwahl beim Anbau erkannt hat (SCHÜLER et al. 2006).

Vor diesem Hintergrund wurde eine Versuchsserie mit vielversprechenden Robinienklonen unterschiedlicher Herkunft mit dem Ziel angelegt, deren Anbaueignung zur Wertholzproduktion zu prüfen. Inwieweit die genetische Variation Ansatzpunkte für eine Auslese besonders nutzholztauglicher Robinienklone bietet, steht im Mittelpunkt des hier vorgestellten Anbauversuches.

Die überlegenen Prüfglieder sollen gemäß den Bestimmungen des Forstvermehrungsgutgesetzes (FoVG) als geprüftes Vermehrungsgut zugelassen und später unter dem Markenzeichen silvaSELECT für die Wertholzproduktion bereitgestellt werden. Nach den geltenden Bestimmungen ist vegetativ erzeugtes Vermehrungsgut nur dann vertriebsfähig, wenn in Vergleichsprüfungen sein verbesserter Anbauwert festgestellt wurde. Dazu muss die Überlegenheit bei mindestens einem wirtschaftlich wichtigen Merkmal gegenüber Standardsorten statistisch nachgewiesen werden, bei weiteren Merkmalen müssen die Ergebnisse mindestens gleichwertig sein. Ersatzweise ist auch ein Vergleich mit dem Versuchsmittelwert möglich.

Gleichzeitig eröffnet die vorgestellte Versuchsserie auf unterschiedlichen Standortstypen in Hessen, Niedersachsen, Sachsen - Anhalt und Brandenburg die Möglichkeit, Leistung und Vitalität der Prüfglieder unter Standortsaspekten auszuwerten. Erste Versuchsergebnisse zeigen eine starke Differenzierung zwischen den Prüfgliedern in Bezug auf Zuwachs und Formeigenschaften und ebenso eine starke Differenzierung nach Versuchsstandorten. Insofern wird eine genauere Kenntnis über die tatsächlichen Anbaumöglichkeiten für leistungsstarke Robinienklone unter veränderten Klimabedingungen erwartet.

Ausgangsmaterial und Versuchsdesign

Die Versuchsserie wurde im Winterhalbjahr 2013/2014 mit zunächst 12 vorausgelesenen Robinienklonen, drei Bestandesabsaaten und zwei Plantagenabsaaten angelegt. In Tabelle 1 finden sich die Prüfglieder und deren Herkunft aufgelistet.

Verwendet wurden einjährige Pflanzen aus der Gewebekultur, die in Rosentöpfen (2 l) angezogen worden waren. Auch die Absaat Kiskunsagi war auf diese Weise kultiviert worden. Bei den beiden Bestandesabsaaten Schöneiche und Cuci wurden zweijährige wurzelnackte Pflanzen verwendet. Nach der Pflanzung wurden sämtliche Pflanzen zurückgeschnitten (gestummelt). Auf der Fläche Welzow wurden im Spätsommer 2014 bei mehrtriebigen Pflanzen die Triebe vereinzelt, auf den übrigen Flächen wurden diese bis zum Sommer 2015 belassen, um ggf. erforderliche Reserven zu erhalten und dann erst auf den besten Trieb vereinzelt. Durch den Schnitt innerhalb der Vegetationszeit wurde ein erneuter Stockausschlag vermieden und die Wuchskraft auf den führenden Trieb gelenkt. Auf der Fläche Welzow war Winterroggen eingesät worden, der im Juni 2014 komplett gemäht wurde.

Tabelle 1: Zusammenstellung der Prüfglieder und deren Herkunft

Prüfglied	Herkunft / erhalten von	Bemerkungen
Bendida	Lignum Bulgarien	
Tangra	Lignum Bulgarien	
Fraport 1	Fraport	ident. 'Nyrségi'
Fraport 2	Fraport	ident. 'Jászkiséri'
Fraport 3	Fraport	ident. 'Zalai'?
Langen	Hexenberg, FA Langen	
Appalachia	Arboretum Habichtsborn	Appalachia 4183
Robert	Bauernwald Hasenholz	
Roger	Bauernwald Hasenholz	
Romy	Buckow	
Rowena	Bollersdorf	
Roy	Waldsiefersdorf	
SP Waldsiefersdorf	SP Waldsiefersdorf	Bestandesabsaat
SP Göritz	SP Göritz	Bestandesabsaat
Kiskunsagi (HU)	TI Waldsiefersdorf	Bestandesabsaat / Prüfstandard
Schöneiche (DE)	TI Waldsiefersdorf	Bestandesabsaat
Cuci (RO)	TI Waldsiefersdorf	Bestandesabsaat

Der Versuch wurde als Blockanlage mit 12 Wiederholungen im Verband 1,5 m x 1,5 m angelegt. Bei einer Größe von 20,25 m² stehen 9 Pflanzen in einer Parzelle.

Die Begleitwuchsregulation erfolgte so, dass die Jungpflanzen zu keinem Zeitpunkt bedrängt waren. Innerhalb der Pflanzparzellen waren je zwei Reservepflanzen mit ausgebracht worden, mit denen bis zu zwei Pflanzenausfälle pro Parzelle kompensiert werden konnten.

Alle im Versuch getesteten Prüfglieder gehen auf besonders wertvolle Ausgangsbäume zurück. In den 1990er Jahren wurden in Brandenburg 33 wüchsige und geradschaftige Robinien-Plusbäume ausgelesen, von denen sechs als Gewebekulturklone etabliert und in den Versuch aufgenommen wurden (alle Klone mit den Anfangsbuchstaben Ro; vgl. Tabelle 1). Die sogenannten „Fraport-Klone“ gelangten Mitte der 1980er Jahre über das Forschungsinstitut für schnellwachsende Baumarten von Ungarn nach Deutschland und waren als höhenbegrenzte Aufforstung am Flughafen Frankfurt gepflanzt worden. Anhand genetischer Untersuchungen konnten zwei der drei Klone den Sorten Nyírségi und Jászkiérsi zugeordnet werden. Bei Fraport 3 steht die Zuordnung noch aus. Hierbei handelt es sich vermutlich um einen Klon aus der Mehrklonsorte Zalai. Von dieser Sorte stand zum Zeitpunkt der genetischen Analyse kein geeignetes Referenzmaterial zur Verfügung.

Die Klone Bendida und Tangra wurden von der Firma LIGNUM in Bulgarien zur Verfügung gestellt. Ein weiterer Klon, Appalachia 4138, wurde im Arboretum Habichtsborn in Escherode erworben. Der Klon Langen wurde bislang noch keiner der bekannten Robinienarten zugeordnet.

Lage der Versuchsflächen und Verteilung der Prüfglieder

Aus Abbildung 1 geht die Lage der vier Versuchsflächen hervor. Die Flächen in den Forstämtern Langen (Hessen), Fuhrberg (Niedersachsen), Anhalt (Sachsen-Anhalt) und im Tagebau Welzow (Brandenburg) decken ein Standortsspektrum von armen Sanden (Anhalt) über laubholzfähige Terrassensande der Untermainebene (Langen) und besser wasser- und nährstoffversorgter Braunerde (Fuhrberg), bis hin zu melioriertem Kippensubstrat mit hohem pH-Wert (Welzow) ab. Die Absaaten Görnitz, Schöneiche und Cuci waren zum Zeitpunkt der Flächenanlage nur begrenzt verfügbar und sind nicht auf allen Flächen vertreten.

Bei den Prüfgliedern aus Gewebekultur konnte die Forderung nach Orthogonalität eingehalten werden (Tabelle 2). Weiterhin ist die Absaat Kiskunsági auf allen Flächen vertreten und kann als Prüfstandard genutzt werden.

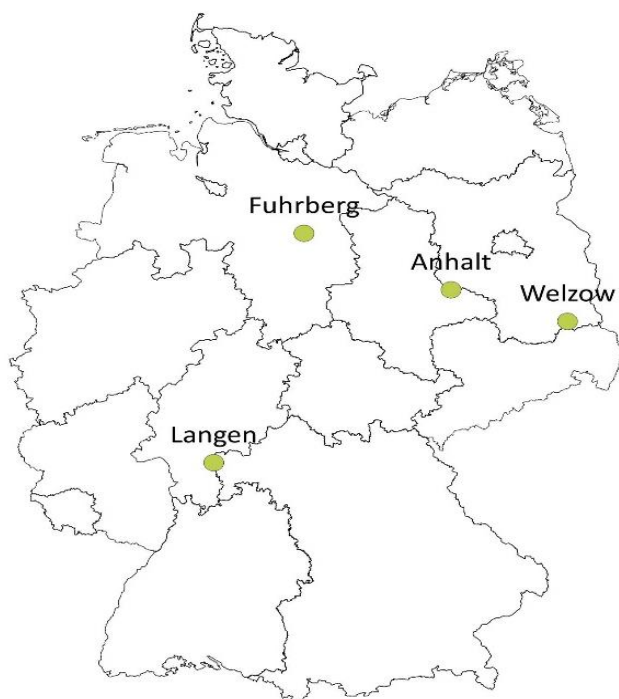


Abbildung 1: Lage der Versuchsflächen

Tabelle 2: Verteilung der Prüfglieder auf die Versuchsflächen

Prüfglied	Versuchsfläche			
	Welzow	Göritz	Langen	Fuhrberg
Bendida	X	X	X	X
Tangra	X	X	X	X
Fraport 1	X	X	X	X
Fraport 2	X	X	X	X
Fraport 3	X	X	X	X
Langen	X	X	X	X
Appalachia	X	X	X	X
Robert	X	X	X	X
Roger	X	X	X	X
Romy	X	X	X	X
Rowena	X	X	X	X
Roy	X	X	X	X
SP Waldsiefersdorf		X	X	X
SP Göritz		X	X	X
Kiskunsagi (HU)	X	X	X	X
Schöneiche (DE)	X			
Cuci (RO)	X			

Datenerhebung und Auswertung

Neben den Zuwachsparemtern Höhe und Brusthöhendurchmesser wurden die in Tabelle 3 dargestellten Merkmale bonitiert. Für die Flächen Fuhrberg und Langen wurden die Boniturnoten zur Wipfelschäftigkeit und Schaftform zu einer Zahl zusammengefasst, während die Ergebnisdarstellung für die Fläche Welzow (vgl. Abbildung 6) zweistufig erfolgt. Erkennbare Schäden wurden nach dem Schadensgrad angesprochen und ebenfalls aufgenommen. Eine Vitalitätsbonitur wurde anlassbezogen nur auf den Flächen Langen und Fuhrberg durchgeführt.

Die varianzanalytische Auswertung für den Einzelversuch erfolgte auf Basis von Parzellenmittelwerten der Prüfglieder mit dem Programmpaket SAS und der Prozedur Proc Mixed. Die Prüfgliedmittelwerte wurden mit dem Versuchsstandard verglichen. Signifikante Unterschiede wurden nach Sidak ($p = 0.95$) bestimmt.

Tabelle 3: Boniturschlüssel der vorgestellten Merkmale

Merkmal	Bonitur	Beschreibung
Kronenform / Wipfelschäftigkeit	1	Schaft durchgehend
	2	Schaft im oberen Viertel auflösend
	3	Schaft ab der Hälfte auflösend
	4	Schaft zwischen Hälfte und unterem Viertel auflösend
	5	von unten aufgelöst, Busch
Schaftform	1	gerade
	2	leichte Krümmungen
	3	leichte bis mittlere Krümmungen
	4	mittlere bis starke Krümmungen
	5	sehr krumm
Vitalität (nur Versuchsflächen Langen und Fuhberg)	1	voll vital
	2	eingeschränkt vital
	3	noch lebend
	4	tot
	5	tot aufgrund externer Einflüsse

Ergebnisse

Bedingt durch den Rückschnitt im Anschluss an die Pflanzung erfolgte der Wiederaustrieb der Pflanzen recht spät, an der Mehrzahl der Pflanzplätze waren ab Anfang Mai frische Austriebe sichtbar, die etwa zur Hälfte sproßbürtig und wurzelbürtig waren. Deren weitere Entwicklung verlief rasch und bis zum Herbst waren die Ausgangshöhen auf den Flächen Langen und Fuhberg wieder erreicht (Abbildung 2), in Welzow deutlich übertroffen.



Abbildung 2: Rückschnittpflanzen nach der zweiten Vegetationsperiode vor der Vereinzelung, Fläche Langen

Überlebensrate

Auf drei von vier Flächen liegen die durchschnittlichen Anwuchsergebnisse in einem Bereich um 90 % und darüber (Welzow). Aber bereits nach der ersten Vegetationsperiode fällt die Fläche im Forstbetrieb Anhalt mit einer Überlebensrate von nur 65 % deutlich aus dem Rahmen. Die anhaltende Frühjahrstrockenheit 2014 in der Region Görzitz konnte auch durch regelmäßige Bewässerung der Pflanzen nicht kompensiert werden. Im Folgejahr 2015 führten wiederum zu geringe Frühjahrsniederschläge zu einer weiter steigenden Mortalität, die eine vergleichende Auswertung der Fläche Anhalt in den Folgejahren unmöglich machte. In Abbildung 3 sind die Überlebensraten der Einzelflächen von drei Aufnahmejahren als Box-Plot-Grafik dargestellt. Der blaue Punkt gibt jeweils den Flächenmittelwert an, das K steht in der Grafik für den Prüfstandard Kiskunsagi.

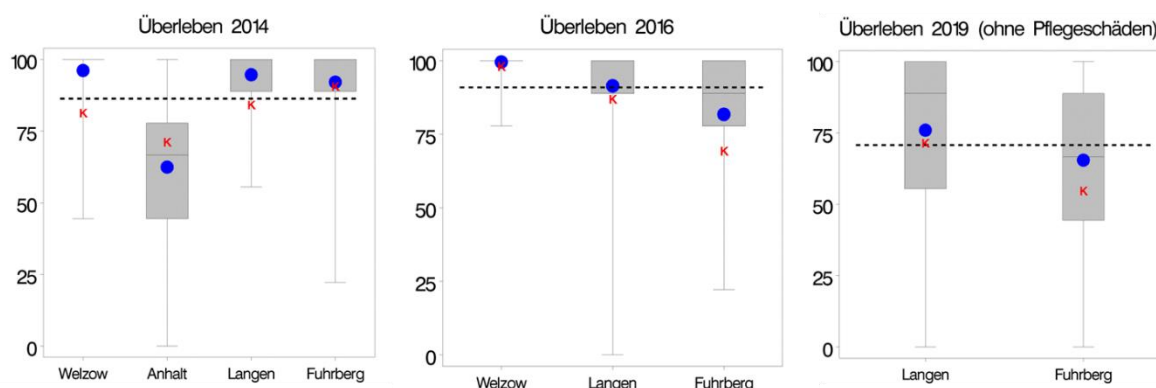


Abbildung 3: Überlebensrate auf den Versuchsflächen (K = Prüfstandard Kiskunsagi)

Mit Blick auf die Folgeaufnahme im Jahr 2016 ist auf der Fläche Welzow zunächst ein rechnerischer Anstieg der Überlebensrate erkennbar, der mit dem Zeitpunkt der Erstaufnahme im laublosen Zustand erklärlich ist. Dann ist nicht immer eindeutig feststellbar, ob eine Pflanze im kommenden Frühjahr wieder austreiben wird. Im Ergebnis ist die Fläche Welzow nach zwei Standjahren zu nahezu 100 % bestockt. Hingegen deutet sich auf den übrigen beiden Flächen bereits jetzt ein Abwärtstrend an, der sich bis zur Aufnahme 2019 ungebremst fortsetzt. Aufgrund regelmäßiger Beobachtungen war hier eine außerplanmäßige Datenerhebung durchgeführt worden, die in Welzow nicht erforderlich war, da hier keine Vitalitätseinbußen des Prüfsortiments festgestellt wurden.

Pilzliche Schaderreger

Als Hauptursache für die ungewöhnlich erhöhte Mortalitätsrate konnte ein Schadpilz identifiziert werden, der wiewohl grundsätzlich bekannt, bislang aber als Folgeschädling eingestuft worden war (LANGER 2019).

Diaporthe oncostoma, der Robinien-Kugelpilz, kommt hauptsächlich an der namensgebenden Robinie vor und wurde bislang in Ungarn (KERESZTESI 1988), Russland (SCERBIN-PARFENENKO 1953) und Griechenland (MICHALOPOULOS-SKARMOUTSOS 1999) als Verursacher von schwerwiegendem Triebsterben und Stammkreben beschrieben. Inzwischen wurde er auch in Nordostdeutschland und Niedersachsen bestätigt. In Abbildung 4 ist der Vitalität der einzelnen Prüfglieder differenziert nach drei Stufen dargestellt. Die einzelnen Prüfglieder sind sehr unterschiedlich betroffen. Besonders in Fuhrberg ist der Prozentsatz an voll vitalen Pflanzen so niedrig, dass ein weiter anhaltender Negativtrend die Aufgabe der Fläche nach sich ziehen müsste. Ein Zusammenhang zwischen der Art der Pflanzenanzucht (Gewebekultur versus Sämling) und der Befallsausprägung konnte nicht festgestellt werden.

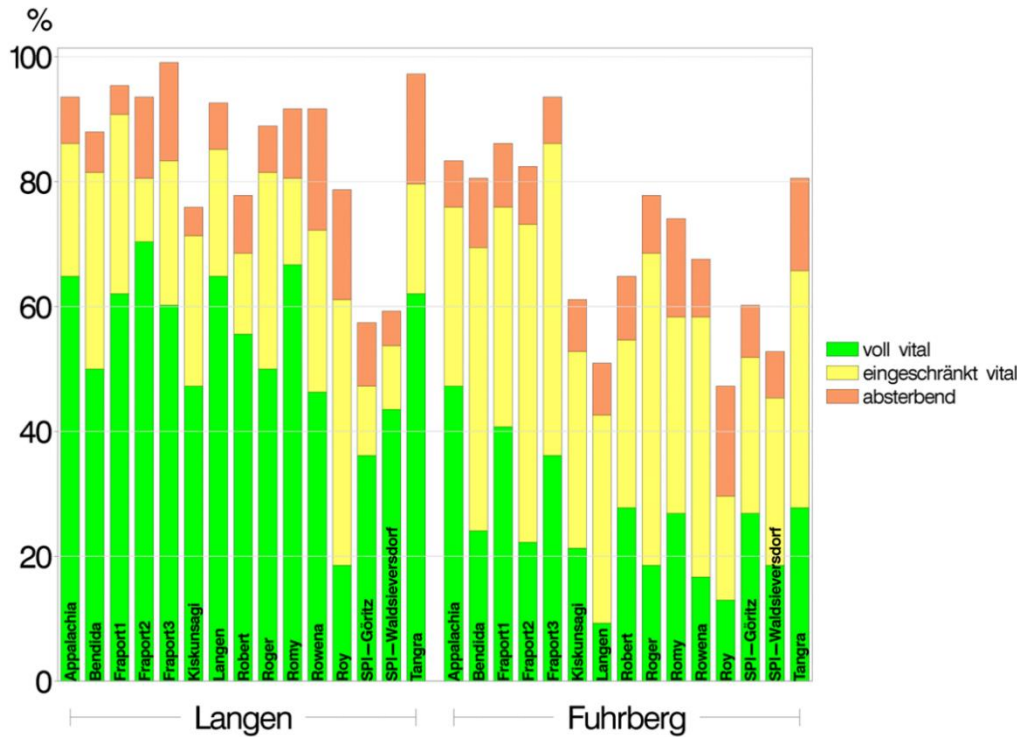


Abbildung 4: Prozentanteile der Vitalitätsstufen der Prüfglieder 2019 auf den Flächen Langen und Fuhrberg

Höhenentwicklung

Bereits im Anlagejahr übertrafen die Zuwächse auf dem Kippsubstrat der Fläche Welzow die übrigen Flächen (Abbildung 5). Die gemessenen Höhen lagen im Durchschnitt bei ca. 140 cm mit Spitzenwerten von 225 cm. Dagegen bewegen sich die Höhenwerte der übrigen Flächen zwischen 30 cm und 70 cm. Da bis ins Aufnahmejahr 2017 zumindest äußerlich erkennbare Schadsymptome einer Pilzinfektion nicht auftraten, wird davon ausgegangen dass diese Ergebnisse die unterschiedliche Flächeneignung für den Robinienanbau widerspiegeln.

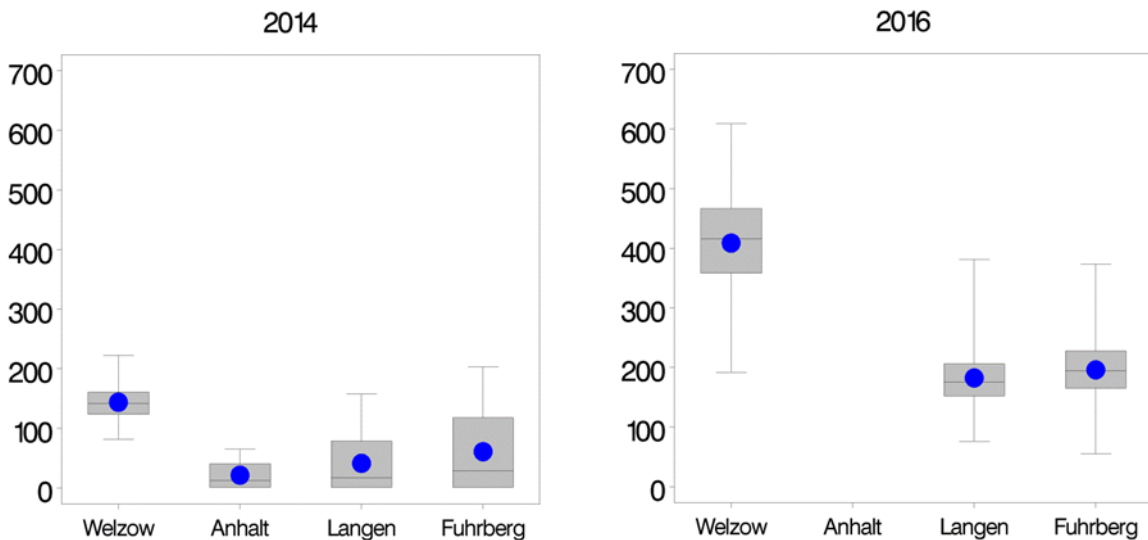


Abbildung 5: Höhenzuwachs auf den Versuchsflächen

In der Folgeaufnahme setzt sich die Wuchsüberlegenheit der Fläche Welzow ungebrochen fort, einhergehend mit einer zunehmenden Differenzierung der Höhenwerte nach Prüfgliedern zwischen 200 cm und 600 cm. Nun wirkt sich das klonspezifische Wuchspotenzial aus.

Formeigenschaften

Trotz der geschilderten Schwierigkeiten durch die Pilzinfektion auf den Versuchsflächen Langen und Fuhrberg ergibt die Auswertung der Boniturdaten ein überraschend einheitliches Bild. In Abbildung 6 sind die Boniturergebnisse für die Fläche Welzow dargestellt.

In den Formeigenschaften ist der ungarische Klon Fraport 3 dem Prüfstandard auf allen drei Flächen signifikant überlegen. In Welzow kommen noch Fraport 1, Fraport 2 und Appalachia (syn. Habichtsborn) als signifikant besser als der Standard hinzu. In Langen sind die übrigen Fraport Klone und Appalachia ebenfalls besser als der Durchschnitt, jedoch ohne statistische Signifikanz.

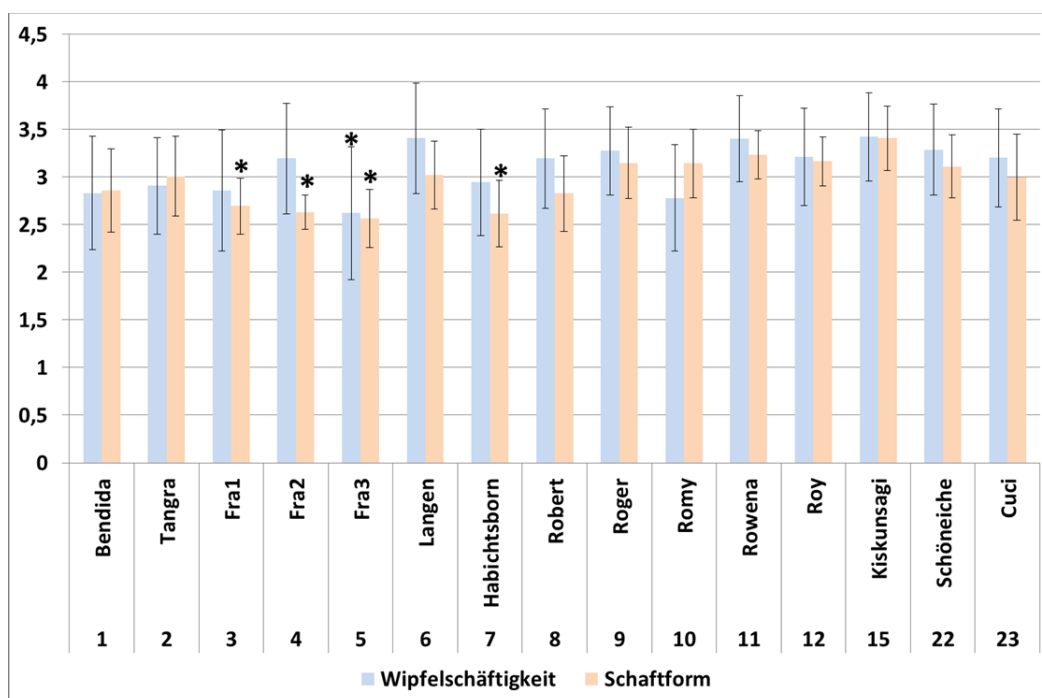


Abbildung 6: Fläche Welzow - Bonitur Wipfelschäftigkeit und Schaftform im Alter 4 (* signifikant besser als das Versuchsmittel, Fehlerbalken=Streuung der Parzellenmittel)

Diskussion

Während einer 5-jährigen Beobachtungsdauer waren die "Fraport – Klone" sowie der Klon Habichtsborn (syn. Appalachia 4183) den übrigen Prüfgliedern im Zuwachs und den Formeigenschaften überlegen. Ein vergleichbares Ergebnis erzielen SCHÜLER et al. (2006) beim Vergleich von ungarischen und österreichischen Klonen im Alter von 17 Jahren. In diesem Versuch waren die ungarischen Sorten Appalachia (syn. Habichtsborn), Jászkiséri (entspricht Fraport 2) und Nyrségi (entspricht Fraport 1) am besten für die Wertholzproduktion geeignet. Zwar erreichten die Plusbaumauswahlen aus Österreich (Tulln) teilweise höhere Stammdurchmesser, in den Qualitätseigenschaften waren sie jedoch signifikant schlechter.

Das ungarische Züchtungsprogramm wurde 1930 begonnen und wird mit einigen Unterbrechungen bis heute fortgeführt. Neben kontinuierlicher Plusbaumauswahl und deren vegetativer Vermehrung werden auch gelenkte Kreuzungen durchgeführt (KERESZTESI 1983; RÉDEI et al. 2008). Ungarische Sorten werden in der Regel als Klonmischungen vertrieben. Dies mag ein Grund dafür sein, dass der Klon Fraport 3 bislang noch nicht eindeutig zugeordnet werden konnte.

Bei der Robinie wird zur Verbesserung des Sproß-Wurzel-Verhältnisses häufig ein Rückschnitt bei der Pflanzung oder kurz darauf empfohlen. Vor allem bei der Pflanzung großer Sämlinge (> 60 cm), bei Beschädigung der Triebspitzen, bei verzweigten Pflanzen oder bei später Pflanzung wird zum Rückschnitt geraten und nicht zuletzt auch auf besonders armen Standorten (RÉDEI & OSVÁTH-BUJTAS 2005).

Durch den Rückschnitt soll auch eine Wuchsstimulation erzielt werden. Meist erreichen die neuen Austriebe größere Höhen als der Ausgangstrieb. Die Versuchspflanzen wurden ebenfalls zurückgeschnitten, auch um das recht differenzierte Pflanzsortiment zu homogenisieren.

Die Ergebnisse anderer Autoren (u. a. MEGGINIS 1940) legen die Vermutung nahe, dass die beschriebene Maßnahme nicht immer ihren Zweck in der gewünschten Weise erfüllt. Megginis hat Rückschnittspflanzen mit solchen verglichen, deren Ursprungstrieb erhalten geblieben war. Bei seinen Untersuchungen auf schwachwüchsigen, erodierten Standorten stellte er fest, dass die Ursprungshöhe während der folgenden zwei bis drei Jahre meist nicht erreicht wurde. Wenn auch vergleichbare Höhen nach bis zu vier Jahren erreicht wurden, so legen die Ergebnisse nahe, dass die Wuchshöhe der nicht zurückgeschnittenen Pflanzen gehalten werden kann, keineswegs aber eine Stimulierung der Höhenwuchsleistung damit verbunden ist.

Ausschlaggebend für den Rückschnitteffekt scheint die Standortsgüte zu sein. Auf schwachen Standorten scheint die Reaktion auf den Rückschnitt ebenfalls schwach ausgeprägt zu sein. In vielen Fällen kam es zudem zu einer unerwünschten Anzahl von Neuausschlägen anstelle eines führenden Leittriebes, oder sogar zu einer erhöhten Mortalitätsrate gegenüber den nicht zurückgeschnittenen Pflanzen. Im vorgestellten Versuch hatte der Rückschnitt deutlich positive Auswirkungen auf die Ausformung der jungen Triebe, die sehr vital waren. Angesichts der später auftretenden Pilzinfektion auf zwei Flächen muss diese Maßnahme dennoch kritisch hinterfragt werden, da alle Arten von Schnittmaßnahmen den Pilz in seiner Ausbreitung begünstigen. Als prädisponierende Faktoren für den Befall werden u. a. Winterschnitt/Astung oder das Entfernen von Trieben im Winterhalbjahr genannt (VAJNA 2002). Möglicherweise erholt sich der verbleibende Bestand aber auch wieder, denn bis in das Jahr 2017 waren keine erkennbaren Pilzschäden registriert worden. Erste Symptome mit Blattwelke und Vergilbungen im Frühsommer wurden im Trockenjahr 2018 und besonders im Folgejahr 2019 gefunden. Insofern hat anhaltender Wasserstress die Pilzinfektion sicherlich begünstigt. Inwieweit eine Trendwende möglich ist muss sich in den weiteren Beobachtungsjahren zeigen.

Diesbezüglich besteht weiterer Forschungsbedarf zur Virulenz des Schadpilzes und den Möglichkeiten zur Stärkung der potenziellen Wirtspflanze. Auf Basis der vorliegenden Ergebnisse kann deshalb noch keine abschließende Einschätzung zur Eignung der Robinie als Alternativbaumart im Klimawandel gegeben werden. Dessen ungeachtet konnte das Hauptziel des Versuches bereits nach einer relativ kurzen Beobachtungsdauer erreicht werden, indem zuwachsstarke und waldbaulich wertvolle Genotypen identifiziert werden konnten, deren Zulassung als geprüftes Vermehrungsgut nach einer angemessenen weiteren Beobachtungszeit aussichtsreich erscheint.

Literatur

- FÜHRER E (2005): Robienwirtschaft in Ungarn. I. Die Robinie im praktischen Waldbau. Forst und Holz 60, 464-466.
HOVER JW, MEBRATHU T, BLOESE P (1991): Genetic improvement of black locust: a prime agroforestry species. Forestry Chronicle 67: 227-231.

- KERESZTESI B (1983): Breeding and cultivation of Black Locust, *Robinia pseudoacacia*, in Hungary. *Forest Ecol. Managem.* 6, 217–244.
- KERESZTESI B (ed.) (1988): *The Black Locust*. Budapest, Hungary: Akadémiai Kiadó
- KUHFULS N (1993): *Robinia pseudoacacia* Teil II. Samen und Pflanzen 12/1993.
- Langer G (201): *Waldschutzberatung NW-FVA Intern*, 13.06.2019
- MEGGINS HG (1940): Effect of Top Pruning on Survival and Early Growth of Black Locust. *Journal of Forestry* Volume 38, 1/1940. Society of American Foresters. Pages 30–36.
- MICHALOPOULOS-SKARMOUTSOS HG, SKARMOUTSOS G (1999): Pathogenicity of fungi affecting Black Locust (*Robinia pseudoacacia*) in Greece. *Phytoparasitica* 27, 233–234.
- RÉDEI K, OSVÁTH-BUJTÁS Z (2005): Züchtung und Vermehrung der Robinie (*Robinia pseudoacacia* L.) *Forst und Holz* 60, 466-468.
- RÉDEI K, OSVÁTH-BUJTÁS Z, VEPERDI I (2008): Black Locust (*Robinia pseudoacacia* L.) improvement in Hungary: a review. *Acta Silv. Lign. Hung.* 4, 127-132.
- SCHNECK V (2010): Robinie – Züchtungsansätze und Begründungsverfahren. *Agrarholz* 2010.
- SACERBIN-PARFENENKO A (1953): *Rakovye i sosudistye bolezni listvennyh porod*. Goslesbumisdat Moskva-Leningrad), 17–47.
- SCHÜLER S, WEIßENBACHER L, SIEBERER K (2006): Robinien für Energie- oder Wertholz – die Sorte macht's! *Forstzeitung* 117 (8): 8-9.
- SCHÜTT P (1994): *Robinia pseudoacacia* LINNÉ, 1753. In: ROLOFF A, WEISGERBER H, LANG UM, STIMM B (Hrsg.) *Enzyklopädie der Holzgewächse - Handbuch und Atlas der Dendrologie*. Begründet von PETER SCHÜTT. Loseblattausgabe in Ordnern, 1994.
- VAJNA L (2002): *Diaporthe oncostoma* causing stem canker of black locust in Hungary. *Plant Pathology* 51, 393.

Autoren

Dr. MARTIN HOFMANN, Dr. HELMUT GROTEHUSMANN
Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Abteilung Waldgenressourcen, Prof. Ölkers Str. 6,
34346 Hann. Münden
martin.hofmann@nw-fva.de

VOLKER SCHNECK
Thünen-Institut für Forstgenetik, Eberswalder Chaussee 3a, 1577 Waldsiedersdorf

Alternativbaumarten im Klimawandel – das bayerische Vorgehen aus forstgenetischer Sicht

MUHIDIN ŠEHO und ALWIN JANĚEN

Zusammenfassung

Bei den Alternativbaumarten (heimisch oder nicht heimisch), die im Klimawandel als Ersatz dienen sollen, muss das Augenmerk auf die Herkunftswahl einer Baumart sowie die Qualität und die nachhaltige Erzeugung des Saat- und Pflanzgutes gerichtet werden. Am Beispiel der eingeführten Baumarten mit einer langen Anbautradition (z.B. Douglasie, Schwarz-Kiefer, Rot-Eiche, Küsten-Tanne, Strobe) kann aufgezeigt werden, dass die Verwendung einer falschen Herkunft zu einer komplett falschen Wahrnehmung der Baumart und in bestimmtem Fall sogar zum Anbauverbot führen kann. Es sollte berücksichtigt werden, dass viele der diskutierten Alternativbaumarten dem Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) unterliegen und die Erzeugung, die Ein- und Ausfuhr und das Inverkehrbringen nur unter Einhaltung der gesetzlichen Vorgaben erfolgen dürfen. Dadurch wird der Verbraucher geschützt. Im Gegensatz dazu ist die Gefahr bei Baumarten, die nicht dem FoVG unterliegen, enorm groß, dass das Saatgut nur von einzelnen Bäumen abstammen kann und dadurch genetisch eingengt ist. Daher bedarf es einer genauen und geordneten Bewertung möglicher Alternativbaumarten und ihrer ökologischen Eigenschaften. Die Schaffung einer Bewertungsgrundlage (Anbau- und Herkunftsversuche), der Erkenntnisgewinn und die Übertragung in die Praxis stellen dabei eine zentrale Aufgabe dar. Praxisanbauversuche werden dabei als Möglichkeit gesehen, schneller zu Empfehlungen zu kommen.

Schlüsselworte: Praxisanbauversuche, Herkunftsversuche, Herkunftsempfehlungen

Abstract

Alternative tree species under climate change conditions- Bavarian approach from forest genetic perspective

For the alternative tree species (native or non-native), which can be used as a substitute under climate change conditions, should be focused at the provenance of a tree species and quality and sustainable production of reproductive material (seed and plants). Using introduced tree species with a long growing tradition (e.g. Douglas fir, black pine, red oak, grand fir, eastern white pine) can be demonstrate that the use of a wrong provenance can lead to a completely wrong perception of the tree species and in some cases even to a cultivation restriction. It should be taken into account that many of the discussed alternative tree species are subject of the Forest Reproductive Material Act (Forstvermehrungsgutgesetz, FoVG) and the production, import, export and marketing may only be carried out in compliance with legal requirements. This act should protect the consumer. In contrast, the risk for tree species those are not subject of this act, and the seed can be collected from only couple of trees which genetic diversity is limited, is quite high. Therefore, an accurate and structured evaluation of possible alternative tree species and their ecological characteristics is needed. The uniform valuation principles (cultivation- and provenance tests), the detailed knowledge and the transfer into the practice represent a central task. Practical trials are an opportunity to give the recommendations for the forest practice more quickly.

Keywords: Practical trial, provenance test, provenance recommendation

Einleitung

Nach den letzten beiden extremen Trockenjahren und der invasionsartigen Ausbreitung von Schadorganismen in den Jahren 2018 und 2019 stehen Fortwirtschaft und Forstwissenschaft vor riesigen Herausforderungen. Zum einen gilt es die Waldbesitzer zu unterstützen, die extrem hohe Mengen an Schadholz aus dem Wald herauszubringen müssen, zum anderen möglichst schnell trocken-tolerante Baumarten und Herkünfte zu identifizieren, mit denen die Schadflächen aufgeforstet werden können. Bei der gesellschaftlichen Aufgabe, den nachfolgenden Generationen einen stabilen und zukunftsfähigen Wald zu übergeben, wird der bayerische Staatswald künftig eine Vorbildfunktion übernehmen. Um dieses Ziel zu erreichen, hat das Bayerische Kabinett im Juli 2019 ein Acht-Punkte-Programm auf den Weg gebracht. Unter anderem sollen in den nächsten fünf Jahren im bayerischen Staatswald 30 Millionen Bäume gepflanzt werden - eine Million Bäume pro Jahr mehr als bislang geplant – und die Forschung nach klimatoleranten Baumarten verstärkt werden. Die große Frage die sich dabei stellt, ist, welche Baumarten und vor allem welche Herkünfte dafür in Frage kommen. Durch die sehr rasche Temperaturzunahme und weitere Auswirkungen des Klimawandels müssen sehr schnell Lösungen erarbeitet werden, mit denen die Waldbesitzer unterstützt werden können.

Langfristiges Ziel ist, durch Mischung von unterschiedlichen Baumarten die Waldpopulationen zu stabilisieren und die Waldfunktionen (Nutz-, Schutz- und Erholungsfunktion) zu erhalten. Dafür muss die Forschung zu wärmeverträglichen Baumarten in unterschiedlichen Fachdisziplinen dauerhaft erhöht werden. Durch die Komplexität der Ursachen und Wirkungsprozesse wird es zu vielen Veränderungen (z. B. Verschiebung der Konkurrenzverhältnisse, Veränderungen der Bodeneigenschaften, Bestäubung und Fruktifikationshäufigkeit) kommen, die zurzeit noch nicht sichtbar sind. Aus forstgenetischer Sicht werden in einem siebenstufigen Vorgehen (ŠEHO und JANBEN 2019) die Baumarten und Herkünfte identifiziert, mit dem der Waldumbau vorangebracht werden soll. Die bisherigen Herkunftsempfehlungen basieren in Bayern auf der Bevorzugung lokaler Herkünfte, die auf den Standorten angepasst sind. Sofern keine abweichenden Ergebnisse aus Herkunftsversuchen vorliegen, soll das auch beibehalten werden. Durch ein genetisches Langzeitmonitoringsystem wurde bereits national und international (z.B. LifeGenMon, GenMon) begonnen, bei ausgewählten Waldpopulationen die genetische Ausstattung (Struktur, Vielfalt und Diversität) zu beobachten, damit die Veränderungen bei diesen Parametern als Frühwarnsystem genutzt werden können. Die Herkunftsempfehlungen sollten nach der Auswertung der bayerischen Herkunftsversuche in den kommenden Jahren angepasst werden.

Material und Methoden

Die Bewertung der Anbauwürdigkeit und Anbaueignung von Baumarten, die sowohl beim heutigen als auch zukünftigen Klima wachsen und die Waldfunktionen sichern, wird einen langfristigen Forschungsschwerpunkt bilden. Besonders wichtig wird dabei sein, die Anpassungsprozesse und Überlebensstrategien einzelner Baumarten zu verstehen. Eine zentrale Rolle werden dabei die unterschiedlichen Eigenschaften spielen, die durch Genetik und Umweltbedingungen bestimmt werden. Es muss ganz detailliert untersucht werden, wie sich einzelne Waldpopulationen an dem neuen Standort ökologisch und ökonomisch in unser Waldökosystem integrieren können. Bei allen Baumarten sollte zuerst das natürliche Verbreitungsgebiet und die möglichen Anpassungen an bestimmte Umweltbedingungen betrachtet werden. Die Herkunft wird eine entscheidende Rolle für den Anbauerfolg spielen, da innerhalb des Verbreitungsgebietes zwischen den Herkünften Unterschiede vorhanden sind und anhand von anpassungsrelevanten Genen/Merkmalen differenziert werden können.

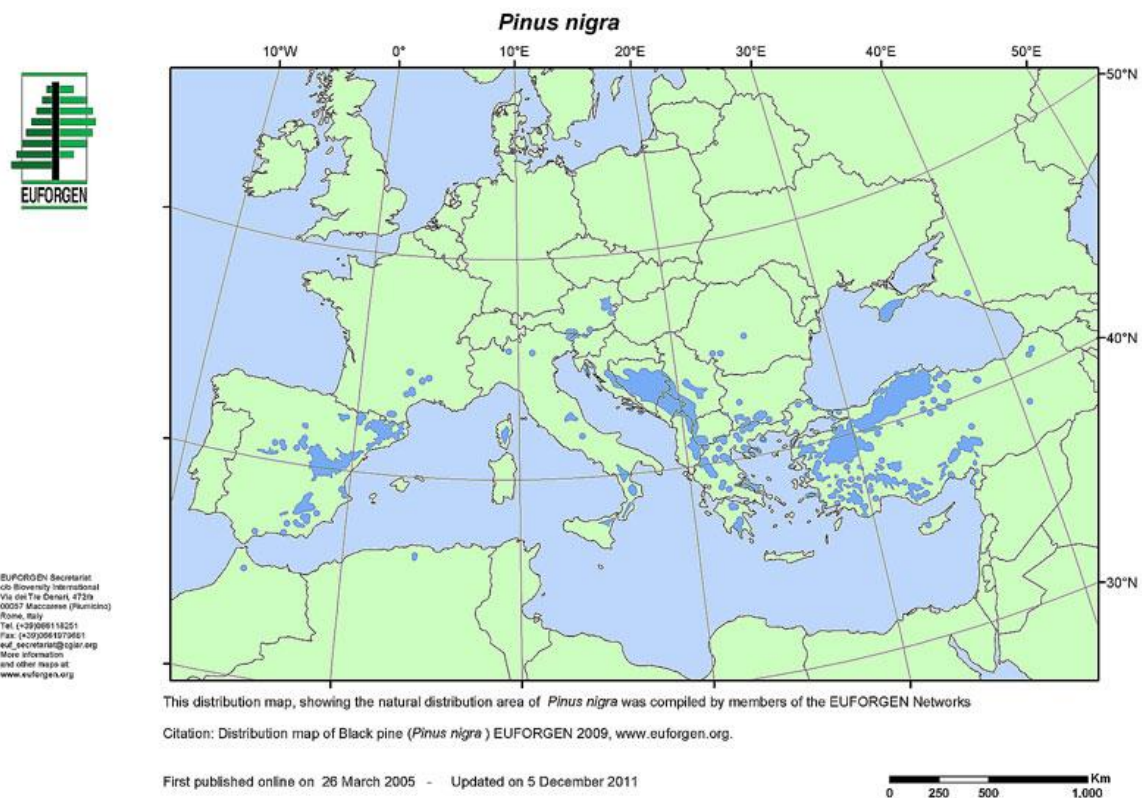


Abbildung 1: Das natürliche Verbreitungsgebiet der Schwarz-Kiefer, EUFORGEN (2011)

Genetische Differenzierung konnte von unterschiedlichen Autoren bei verschiedenen Baumarten nachgewiesen werden (z.B. Elsbeere: BAIER et al. 2017 ŠEHO et al. 2018; Douglasie: ŠEHO & KOHNLE 2014, NEOPHYTOU et al. 2016; Schwarz-Kiefer (Abbildung 1): THIEL et al 2012; ŠEHO 2014, SCOTTI-SAINTAGE et al. 2019). Um das zukünftige Anpassungspotenzial von Alternativbaumarten (heimisch oder nichtheimisch) bewerten zu können, sollte eine Beschreibung sowohl der phänotypischen Eigenschaften als auch der genetischen Strukturen des Bestandes sowie der herrschenden Umweltbedingungen erfolgen. In einem vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft geförderten Projekt (CorCed-Projekt) wurde eine Vorgehensweise angewandt, die die zu untersuchende Baumart erst in ihrem natürlichen Verbreitungsgebiet im Fokus hat, um die spätere Entwicklung in Herkunftsversuchen besser verstehen zu können. Ziel des Projektes war, Herkünfte von Atlas- und Libanon-Zeder sowie Baumhasel in Bayern und Baden-Württemberg auf ihre Anbaueignung zu untersuchen und zu bewerten. Der Aufbau von Herkunftsversuchen soll so geplant werden, dass die Versuchsflächen in beiden Bundesländern so verteilt werden, dass unterschiedliche Umweltbedingungen abgedeckt werden und die Aussagen auf möglichst viele Regionen übertragen werden können. Die gewonnenen Erkenntnisse sollen später für Herkunftsempfehlungen verwendet werden. Das Vorgehen ist ein Teil des siebenstufigen Verfahrens am AWG und soll neben der Festlegung der Priorität bei der Baumartenwahl auch den Forschungsbedarf des Amtes für Waldgenetik aufzeigen. Neben den klassischen Herkunftsversuchen wird wegen der Dringlichkeit dieser Fragestellung eine neue Art von forstgenetischen Versuchen etabliert, die der schnelleren Gewinnung von Erkenntnissen dienen soll. Dabei soll in erster Linie die Beobachtung in den ersten 15 Jahren im Fokus stehen. Das von JANŔEN et al. (2019) definierte Vorgehen wird aus forstgenetischer Sicht wie folgt definiert:

1. Erstellung einer Liste der für Praxisanbauversuche geeigneten alternativen Baumarten (aus Sondierungsstudien)
2. Unterteilung der zu untersuchenden Baumarten in Herkunftszonen

3. Identifikation von Erntebeständen / Saatgutquellen innerhalb der Herkunftszonen
4. Genetische Untersuchungen des Saatgutes und des Erntebestandes
5. Beschaffung von Saatgut aus den identifizierten Erntebeständen
6. Lagerung des Saatgutes bis zur Anzucht
7. Anzucht des Saatgutes
8. Anlage der Praxisanbauversuche
9. Pflege der Praxisanbauversuche
10. Messungen und Auswertung der Praxisanbauversuche
11. Dokumentation der gesamten Handlungskette

Ergebnisse

Die zwei Trockenjahre 2018 und 2019 haben viele heimische Baumarten an ihre Grenzen gebracht. Deutschlandweit weisen Nadel- und Laubholzbestände infolge hoher Temperaturen, Niederschlagsmangel und biotischer Schädlinge immense Schäden auf. Aber auch unter solchen Bedingungen dürfen nicht alle bisherigen Prinzipien über Bord geworfen werden (JANĚN et al. 2019). Nicht jede neue Baumart aus einem wärmeren Klima ist für einen Anbau in Deutschland geeignet. Ziel der aktuellen Einbringung von Alternativbaumarten muss sein, die Baumartenpalette zu erweitern und das Risiko auf mehrere Mischbaumarten zu verteilen. Dafür müssen Baumarten und Herkünfte identifiziert werden, die eine Trocken- und Frosttoleranz aufweisen. Das in Abbildung 2 vorgestellte Vorgehen am AWG verdeutlicht die Bedeutung der heimischen Hauptbaumarten, die auch in der Zukunft das Rückgrat der Forstwirtschaft bilden werden. Vielerorts wird es zu einem Baumartenwechsel innerhalb der heimischen Hauptbaumarten kommen müssen. Die Naturverjüngung kann, je nach Baumart, in bemessenem Umfang einen Teil der Mischbaumarten ausmachen. Es bedarf der Identifizierung klimaplastischer Herkünfte heimischer Baumarten (z. B. Eiche, Buche, Tanne, Kiefer), die in zahlreichen bundesweiten Herkunftsversuchen

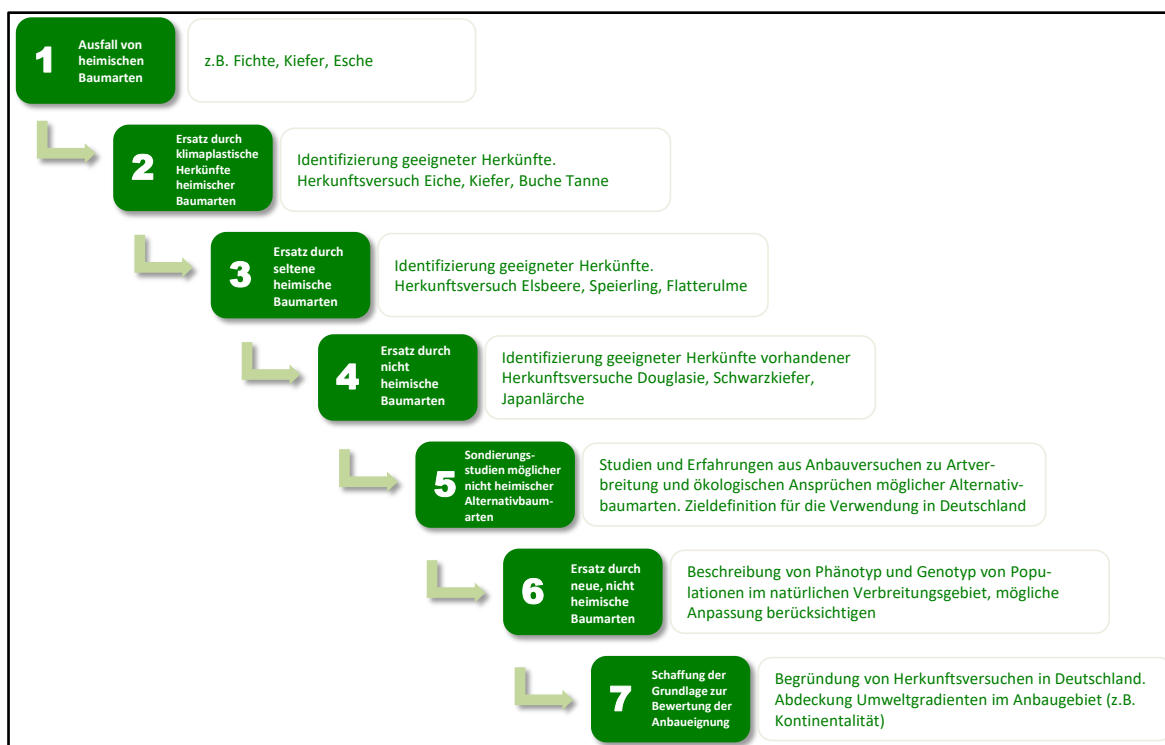


Abbildung 2: Vorgehen bei der Auswahl von alternativen Baumarten und Herkünften im Klimawandel am AWG (ŠEHO und JANĚN 2019).

angebauten wurden. Auf einigen Standorten wird die präsente Population sich nicht weiter anpassen können. In einem zweiten Schritt werden die Bestände durch seltene heimische Baumarten angereichert. Dazu bestehen bereits viele Erkenntnisse aus unterschiedlichen Arbeiten, die das Vorkommen seltener Baumarten sowie den Aufbau der Saatgutversorgung durch Samenplantagen als Schwerpunkt hatten. Im dritten Schritt werden die bereits gut untersuchten nichtheimischen Baumarten (z. B. Douglasie und Rot-Eiche), die nach dem Wissensstand mit den heimischen Hauptbaumarten gleichgesetzt werden, berücksichtigt. Dann erfolgt im vierten Schritt die Bewertung der ökologischen Eigenschaften von möglichen Ersatzbaumarten in Sondierungsstudien. Ziel ist, dabei Baumarten zu identifizieren, die bei der Trockenheits- und Frosttoleranz wesentliche Vorteile bieten und keine Gefährdung für die heimische Flora und Fauna darstellen. Die Baumarten müssen ökologisch und ökonomisch in das bestehende Waldökosystem integrierbar sein. Baumarten, die eine hohe Empfindlichkeit gegenüber Trockenheit und Frost aufweisen, können ausgeschlossen werden. In weiteren Schritten werden die Baumarten, die ein hohes Ersatzpotential aufweisen, detailliert untersucht.

Mögliches Vorgehen im Klimawandel

Praxisanbauversuche

Um der Praxis die Frage nach möglichen Ersatzbaumarten und Herkünften beantworten zu können, wurden aus forstgenetischer Sicht Praxisanbauversuche etabliert. Dabei soll genetisch identisches Material eines ausgewählten Erntebestandes unter möglichst vielen unterschiedlichen Standorts- und Umweltbedingungen getestet werden. Damit ist es möglich, schneller als auf dem üblichen Weg (Anbau- und Herkunftsversuche) Wissen über die Anbaueignung von Erntebeständen zu erhalten. Es zählen auch negative Erfahrungen wie etwa Ausfälle nach Frostereignissen oder biotische Schädigungen. Damit sollen erste Erkenntnisse gewonnen und der Waldbesitzer vor größeren Betriebsrisiken bewahrt werden. Bereits bei der Beschreibung des Phänotyps und Genotyps können nicht geeignete Erntebestände ausgeschlossen werden. So wurden z.B. bei der FoVG-Baumart Atlaszeder nur ausgewählte Saatguterntebestände in Betracht gezogen, die eine hohe genetische Vielfalt aufweisen (Abbildung 3). Das Auflaufergebnis fiel bereits bei der ersten Anzucht sehr gut aus.



Abb. 3: Atlas-Zeder im Mittleren Atlas in Marokko. Phänotypische Bewertung der Saatguterntebestände in Marokko (links) und in der Anzucht bei den Staatsklengen in Nagold (rechts) (Fotos: M. ŠEHO)

Die Praxisanbauversuche wurden über ganz Bayern verteilt und decken relevante Standorte und Klimabedingungen ab. Als Orientierung wurde die Risikobewertung nach KÖLLING et al. (2009) für die Fichte berücksichtigt. Die orange und rot (hohes und sehr hohes Risiko) dargestellten Standorte verzeichnen bereits heute einen sehr hohen Ausfall bei dieser Baumart. Um die Ergebnisse später auswerten und vergleichen zu können, wurden vom AWG Mindestanforderungen an die Waldbesitzer vorgegeben. Dabei erfolgte die Anlage auf Flächen von rund 0,1 ha. So können die ermittelten Werte zur besseren Orientierung auf Hektarwerte hochgerechnet werden. Es sollte jedoch berücksichtigt werden, dass ab einer bestimmten Oberhöhe der Rechenfehler zu groß wird. Da es im ersten Schritt um die Bewertung der Herkunft geht, wurde für alle Flächen ein Standardverband von 2 x 2 m gewählt.

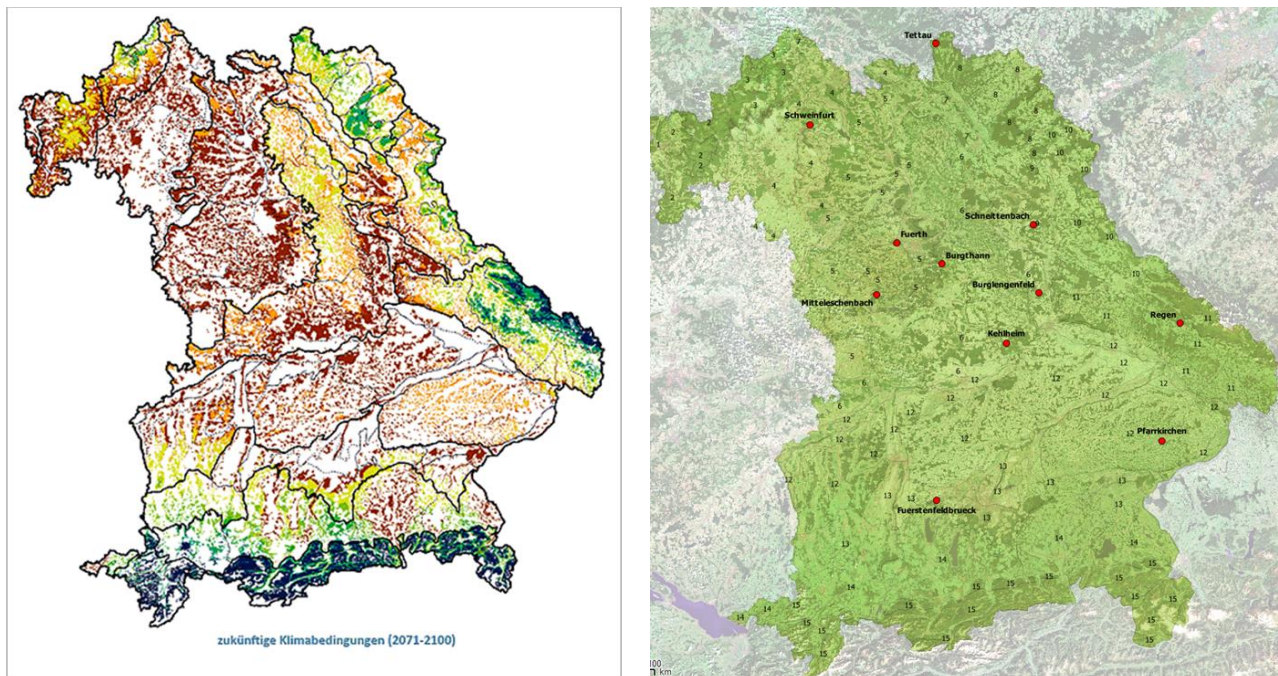


Abbildung 4: Risikokarte für den Fichtenanbau bei mittleren Bodenverhältnissen und künftigen (2071 bis 2100, WETTREG-Regionalisierung, Szenario B1) Klimaverhältnissen, (KÖLLING et al. 2016) Risikoklassen 1-6, 1-Blau: sehr geringes Risiko, 6-Rot: sehr hohes Risiko (links) und Praxisanbauversuch des AWG für Atlas-Zeder in Bayern, Anlage im Rahmen des CorCed Projekts im Frühjahr 2019 (rechts)

Die Frage nach der Standraumgestaltung sollte bei einer möglichen Eignung in Standraumversuchen geklärt werden. Um weitere Einflussfaktoren auszuschließen, wurde eine Zäunung der Fläche vorgegeben. Weitere Voraussetzung war mindestens 600 mm Jahresniederschlag. Die Bewirtschaftung erfolgt durch den Waldbesitzer und bedarf keines zusätzlichen Aufwands. Damit möglichst viele Waldbesitzer bei den Praxisanbauversuchen mitmachen, sollten die Fördertatbestände diskutiert werden. Aus den Ergebnissen lassen sich schnell erste Hinweise ableiten, die eine erste Empfehlung für bestimmte Regionen Bayerns zulassen. Zusätzlich werden weiterhin wissenschaftlich angelegte Herkunfts- und Anbauversuche benötigt. Diese werden ebenfalls die Herkünfte aus den Praxisanbauversuchen enthalten, damit bewertet werden kann, wie die ausgewählten Herkünfte im Gesamtvergleich abschneiden. Es sollte zudem rechtzeitig über die Begründung von Saatguterntebeständen oder Samenplantagen der alternativen Baumarten nachgedacht werden, so dass bei einer zunehmenden Nachfrage die Saatgutversorgung mit herkunftssicherem und qualitativ hochwertigem forstlichen Vermehrungsgut sichergestellt werden kann.

Diskussion

Angepasste und anpassungsfähige Herkünfte heimischer Baumarten sollen auch in der Zukunft das waldbauliche Rückgrat der bayerischen Forstwirtschaft bilden. Daneben wird die Anbauwürdigkeit von Baumarten aus wärmeren/trockeneren Gebieten bewertet, die bei den zu erwartenden Klimabedingungen eine hohe Klimaplastizität aufweisen. Der Anbau von nichtheimischen Baumarten darf nur im Rahmen der rechtlichen Bestimmungen und Zertifizierungen sowie basierend auf fundierten wissenschaftlichen Erkenntnissen erfolgen. Bei Baumarten, die als Alternative empfohlen werden, sollte eine Sicherstellung der langfristigen und herkunftsgesicherten Saatgutversorgung vorangetrieben werden. Nichtheimische Baumarten sollten nur als Beimischung zu heimischen Baumarten und nicht in zu hohen Anteilen eingebracht werden. Um die Bewertung der Anbauwürdigkeit vornehmen zu können, werden folgende Merkmale bewertet:

- ▶ Klima und Standorteignung,
- ▶ Trockenstresssensitivität und Frostempfindlichkeit,
- ▶ genetische Ausstattung (Struktur, Vielfalt und Diversität),
- ▶ Wuchsleistung und Stammqualität (Holzverwendung),
- ▶ Anfälligkeit gegenüber Schadorganismen.

Um neue Baumarten empfehlen zu können, muss möglichst schnell Wissen zu den Eigenschaften dieser Baumarten im Rahmen von wissenschaftlichen Arbeiten erarbeitet werden (z.B. Kurzportraits, Praxishilfen und Steckbriefe). Anhand dieser Grundlagen kann in der Beratung eine fachliche Bewertung vorgenommen und das Risiko für den Waldbesitzer reduziert werden. Viele Eigenschaften von Baumarten und Populationen (Genotyp/Phänotyp) können von Kollegialanstalten im natürlichen Verbreitungsgebiet untersucht und eine Vorauswahl getroffen werden. Daneben sollten die Forstverwaltungen Leitlinien für den Umgang mit alternativen Baumarten erstellen und die Förderrichtlinien anpassen, damit die Waldbesitzer beim Waldumbau unterstützt werden können. Es besteht die Notwendigkeit, im Klimawandel unterstützend und durch Anpassung der Forschungsansätze und –aufgaben lenkend einzuwirken. Am Bayerischen Amt für Waldgenetik werden mittelfristig folgende Themenschwerpunkte bearbeitet:

- Auswahl von Erntebeständen aufgrund Angepasstheit und Anpassungsfähigkeit
- Zusätzliche Ausweisung als Erhaltungsbestand
- Befristete Zulassung von Beständen
- Erweiterung um Nicht-FoVG-Baumarten
- Anlage von Praxisanbau- und Herkunftsversuchen
- Anlage von Samenplantagen und Nachkommenschaftsprüfungen
- Umbenennung der Herkunftsempfehlungen in Verwendungsempfehlungen mit der Festlegung von Verwendungszonen losgelöst von den Herkunftsgebieten nach FoVG
- Produktion von geeignetem Saat- und Pflanzmaterial
- Erweiterung der Zertifizierungssysteme zur Herkunftssicherung mindestens europaweit
- Anlage von Saatguterntebeständen alternativer Baumarten
- Anlage von Samenplantagen alternativer Baumarten

Schlussfolgerung

Aufgrund der Extremereignisse (Trockenheit, Starkniederschläge, Sturm, Ausbreitung von Schadorganismen) bedarf es einer geordneten Vorgehensweise bei der Erarbeitung von Lösungen für die Forstpraxis. Dabei sollten Gesellschaft, Politik und Wissenschaft Prioritäten festlegen, wie die Waldbesitzer unterstützt werden können. Es sollte kein Aktionismus entstehen, der negative Folgen haben kann. Aus wissenschaftlicher Sicht müssen zunächst die bereits etablierten nationalen und internationalen

Versuche und Ergebnisse evaluiert werden. Danach sollte der Bedarf und die Anlage von neuen Versuchsflächen diskutiert werden. Als Grundlage kann dabei das siebenstufige Vorgehen des AWG verwendet werden. Die Genetische Ausstattung von Waldpopulationen sollte intensiv untersucht und beobachtet werden, da dies der wichtigste Maßstab für die Anpassung der Waldpopulationen an sich ändernde Umweltbedingungen ist. Die Erhaltung forstlicher Genressourcen sollte nach dem Prinzip „Schützen und Nutzen“ weiter umgesetzt werden.

Danksagung

Unser Dank gilt dem gesamten AWG-Team.

Literatur

- 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/DerWald 72 (20): 14-18.
- JANĚEN A, ŠEHO M, SCHIRMER R, TRETTER S, PRATSCH S (2019). Praxisanbauversuche: Bewertung alternativer Baumarten in Bayern. AFZ/DerWald 74, 5: 24-27.
- KÖLLING C, DIETZ E, FALK W, MELLERT K-H (2009) Provisorische Klima-Risikokarten als Planungshilfen für den klimagerechten Waldumbau in Bayern. LWF Wissen 63: 31- 39.
- NEOPHYTOU C, WEISSER A-M, LANDWEHR D, ŠEHO M, KOHNLE U, ENSMINGER I, WILDHAGEN H (2016) Assessing the relationship between height growth and molecular genetic variation in Douglas-fir (*Pseudotsuga menziesii*) provenances. Eur. J. For. Res. 135 (3): 465-481.
- SCOTTI-SAINTAGNE C, GIOVANNELLI G, SCOTTI I, ROIG A, SPANU I, VENDRAMIN GG, GUIBAL F, FADY B (2019) Recent, Late Pleistocene fragmentation shaped the phylogeographic structure of the European black pine (*Pinus nigra Arnold*). Tree Genet Genomes 15: 76.
- ŠEHO M (2014) Schwarzkiefer und Douglasie: Wachstum und phänotypische Eigenschaften verschiedener Provenienzen – ein Beitrag zum Potential fremdländischer Baumarten als Ersatzbaumarten im Klimawandel. Dissertation Albert-Ludwigs-Universität Freiburg: 167 S.
- ŠEHO M, KOHNLE U (2014) The international Douglas-fir provenance test 1958: Differences in branch and stem characteristics on trials in south-western Germany. Allg. Forst- und Jagdzeitung 185 (1/2): 27-42.
- ŠEHO M, JANĚEN A (2019). Neue Schwerpunkte und Herausforderungen im Klimawandel. AFZ/DerWald 74 (5): 20-23.
- ŠEHO M, KAVALIAUSKAS D, KLEINSCHMIT J, KAROPKA M, FUSSI B (2018) Elsbeere – Bedeutung und Anlage von Herkunftsversuchen im Klimawandel. Allg. Forst- und Jagdzeitung (3/4): 41-57.
- THIEL D, NAGY L, BEIERKUHNLIN C, HUBER G, JENTSCH A, KONNERT M, KREYLING J (2012) Uniform drought and warming responses in *Pinus nigra* provenances despite specific overall performances. Forest Ecology and Management: 200-208.

Autoren

Dr. MUHIDIN ŠEHO, Dr. ALWIN JANĚEN
Bayerisches Amt für Waldgenetik, Forstamtsplatz 1, 83317 Teisendorf.
poststelle@awg.bayern.de

Das Verbundprojekt GENMON: Einrichtung eines genetischen Langzeit-Monitorings in Buchenbeständen (*Fagus sylvatica* L.)

AKI M. HÖLTKEN, PASCAL EUSEMANN, BIRGIT KERSTEN, HEIKE LIESEBACH, KARINA KAHLERT, MANUEL KAROPKA, RALF KÄTZEL, OLEKSANDRA KUCHMA, LUDGER LEINEMANN, BERND ROSE, UTE TRÖBER, HEINO WOLF, WOLFGANG VOTH, MARCO KUNZ und BARBARA FUSSI

Zusammenfassung

Genetische Vielfalt ist eine wesentliche Grundlage von Waldbaumpopulationen, um sich an Veränderungen der Umweltbedingungen aus eigener Kraft anzupassen. Deshalb sind für die Baumart Buche deutschlandweit insgesamt 14 Monitoringflächen eingerichtet worden, auf denen sowohl der Zustand als auch die räumlichen und zeitlichen Veränderungen genetischer Vielfalt und der dazugehörigen Mechanismen erfasst werden. Damit ist die Basis für ein Beobachtungssystem geschaffen worden, das künftig die Wirkung von Einflussfaktoren auf die Anpassungsfähigkeit von Baumpopulationen abschätzen und bewerten soll.

Die genetische Charakterisierung der Bestände erfolgt mit Hilfe hochvariabler DNA-Marker (Mikrosatelliten). Diese ermöglichen die Berechnung von genetischen Vielfalts- und Differenzierungsparametern in Altbeständen und deren Nachkommenschaften und lassen über die Rekonstruktion der Bestandeshistorie auf Basis räumlich-genetischer Strukturen Rückschlüsse auf anthropogene Einflüsse zu. Weitere Analysen und Datenauswertungen ermöglichen künftig die Beurteilung der Funktionsfähigkeit genetischer Mechanismen, die die Erhaltung, Erzeugung (Neukombination) und Weitergabe (Ausbreitung in Raum und Zeit über Pollen und Samen) genetischer Vielfalt an die nächste Generation gewährleisten.

Im Rahmen des Projekts sollen auch anpassungsrelevante Genmarker entwickelt werden. Da die Spätfrosttoleranz ein entscheidendes Selektionskriterium im Klimawandel darstellt, werden in Ergänzung zu den neutralen Mikrosatelliten mittels genomweiter Analysen SNP-Marker für das Merkmal „Blattaustrieb“ evaluiert. Die Entwicklung solcher Marker und ihre Erprobung hinsichtlich möglicher Korrelationen mit phänologischen Merkmalen sollen künftig wesentlich zur Beurteilung der klimatischen Anpassungsfähigkeit von Waldbeständen beitragen.

Schlüsselworte: *Fagus sylvatica*, Umweltveränderungen, genetisches System, DNA-Marker, Phänologie, Monitoring, Anpassung

Abstract

The joint research project GENMON: Implementation of long-term genetic monitoring in beech stands (*Fagus sylvatica* L.)

Genetic diversity is an essential basis for forest tree populations to adapt to changes in environmental conditions. For this reason, a total of 14 plots have been set up for beech throughout Germany to record both the status and the spatial and temporal changes in genetic diversity including associated mechanisms. This provides the basis for a monitoring system which will in future be used to estimate and evaluate the effect of influencing factors on the adaptability of tree populations.

The genetic characterisation of the stands is carried out using highly variable DNA markers (microsatellites). These enable the calculation of genetic diversity and differentiation parameters in old

stands and their progeny and allow conclusions to be drawn about anthropogenic influences by reconstructing the stand history on the basis of spatial-genetic structures. Further analyses and data evaluation will in future allow the assessment of the intactness (operability) of the genetic mechanisms that ensure the conservation, production (recombination) and transmission (dispersal in space and time via pollen and seeds) of genetic diversity to the next generation.

In addition to the neutral microsatellites, gene markers with adaptive relevance will also be developed in the framework of this project. Since late frost tolerance is a decisive selection criterion in climate change, SNP markers for "leaf flushing" will be evaluated by means of genome-wide analyses. The development of such markers and their testing with regard to possible correlations with phenological traits should significantly contribute to the assessment of climatic adaptability of forest stands in future.

Keywords: *Fagus sylvatica*, environmental changes, genetic system, DNA-marker, phenology, monitoring, adaptation

Hintergrund

Unsere Waldbaumarten unterliegen einer Vielzahl räumlich und zeitlich variierender biotischer und abiotischer Einflüsse (Umweltheterogenität). Aufgrund der Kombination aus Langlebigkeit und Ortsgebundenheit haben sich bei Waldbaumarten im Laufe der Evolution Mechanismen entwickelt, die auf verschiedenen Ebenen die Aufrechterhaltung von genetischer Variabilität gewährleisten (PETIT & HAMPE 2006). Genetische Studien belegen, dass nicht nur Baumarten und -populationen, sondern auch einzelne Bäume eine höhere individuelle genetische Vielfalt (Heterozygotiegrad) aufweisen als z.B. kurzlebige, krautige Pflanzen (HAMRICK und GODT 1989, 1996; MÜLLER-STARCK 1991). Diese Eigenschaft verleiht dem einzelnen Baum Plastizität gegenüber den vielen unterschiedlichen Umweltbedingungen, die während der insgesamt langen Lebensspanne (Ontogenese) auftreten können. So wie die physiologische (plastische) Reaktionsfähigkeit einzelner Individuen an die vorgegebene Umwelt vom jeweiligen Genotyp abhängig ist, ist für die Anpassungsfähigkeit von Waldbaumpopulationen die Erhaltung einer hohen genetischen Vielfalt auf Populationsebene notwendig, um auf großräumige und zeitlich langfristige Klima- und Umweltveränderungen reagieren zu können (BERGMANN & HOSIUS 1996).

Gerade die Reaktions- und Anpassungsfähigkeit der Buche als bedeutendste Laubbaumart in Deutschland wird durch die Dürreperioden der Jahre 2018 und 2019 auf die Probe gestellt. Wenn auch regional sehr unterschiedlich, sind bei der bisher an die mitteleuropäischen Bedingungen besonders gut angepassten Buche vielerorts Vitalitätsschwächen und in der Folge komplexe Schäden und erhöhte Absterbeerscheinungen beobachtet worden (verursacht durch Rindenpilze, teilweise gefolgt von einem Befall von Borken- bzw. Prachtkäfern und anschließendem Befall mit Holzfäulepilzen). Da die Reaktionen der Buche zeitlich entkoppelt zu Witterungsextremen auftreten können, ist davon auszugehen, dass wesentliche Nachwirkungen der Jahre 2018 und 2019 vermutlich erst in den kommenden Jahren festzustellen sind (EICHORN et al. 2019, ROHDE et al. 2019).

Um solche Entwicklungen zu beobachten, ist für die Buche ein deutschlandweites Netz von 14 Monitoringflächen eingerichtet worden. Auf jeder Fläche erfolgten genetische Erhebungen mittels neutraler DNA-Marker an Altbäumen, Naturverjüngung und Samen, die periodisch wiederholt werden sollen. Gleichzeitig werden neue Marker entwickelt, die mit adaptiven phänologischen Merkmalen korreliert sind. Aus den erhobenen Genotypen werden z.B. genetische Vielfalts- und Diversitätswerte berechnet. Darüber hinaus werden jährlich Klimaparameter erhoben und phänologische Beobachtungen durchgeführt. Ziel des genetischen Monitorings ist es, die genetische Variation und den Zustand des genetischen Systems sowie deren räumliche und zeitliche Veränderung zu erfassen, um die Wirkung verschiedener Einflussfaktoren, wie z.B. Klimawandel oder auch verschiedene waldbauliche Verfahren, auf die Anpassungsfähigkeit von Buchenpopulationen abschätzen und bewerten zu können.

Konzept

Der Einfluss verschiedener Umweltfaktoren auf unsere Waldökosysteme wird durch forstliche Monitoring-Programme erfasst, welche kontinuierliche Erhebungen zu Klima, Stoffhaushalt, Waldzustand oder zur Entwicklung der Artenvielfalt beinhalten. Der Zustand und die Veränderungen der genetischen Strukturen sind dabei bislang nur vereinzelt im Rahmen von stichprobenhaften Inventuren zu einem bestimmten Zeitpunkt erfasst worden (FUSSI et al. 2016). Im Gegensatz zum Stoff- und Energiehaushalt von Waldökosystemen wird die genetische Information aber ausschließlich innerhalb von Reproduktionsgemeinschaften, nämlich den Populationen der jeweils beteiligten Arten weitergegeben. Da Anpassungsfähigkeit sowie Anpassungsprozesse der Populationen auf der Existenz und der Ausnutzung genetischer Variation basieren, ist es somit naheliegend, dass der Zustand eines Ökosystems nicht nur durch das Artenspektrum selbst, sondern auch durch den Zustand der Populationen dieser Arten gegeben ist. Deshalb muss der nachhaltige Umgang mit Waldökosystemen im Hinblick auf sich ständig ändernde Umweltbedingungen auch die genetische Vielfalt berücksichtigen.

Anpassungsfähigkeit von Waldbaum-Populationen ist nur dann gegeben, wenn die Funktionsfähigkeit ihres genetischen Systems sichergestellt ist. Das genetische System umfasst

- a. diejenigen Mechanismen, die im Wesentlichen die Neukombination von Genen, deren Vermehrung sowie räumliche und zeitliche Ausbreitung (also Paarungs-, Reproduktions- und Genflusssysteme) gewährleisten, sowie
- b. die Verfügbarkeit genetischer Vielfalt als Selektionsbasis, um Veränderungen der oben genannten Mechanismen zur Erhaltung ihrer Funktionstüchtigkeit auch unter sich ändernden Umweltbedingungen zu ermöglichen (GREGORIUS und DEGEN 2007).

In Abbildung 1 ist die Funktionsweise von Anpassungsvorgängen (adaptives Rückkopplungsprinzip) in Populationen dargestellt. Dabei bilden die Umweltbedingungen die Systemeingaben, welche modifizierend oder auch adaptiv auf die Mechanismen des genetischen Systems einwirken können. Ein Vergleich des Zustands dieser Mechanismen mit den aktuellen Umweltbedingungen zeigt, inwiefern Änderungen ihres derzeitigen Zustandes eine Verbesserung der Überlebensbedingungen gewährleisten oder nicht. Ist ersteres der Fall, so können z.B. Selektionsvorgänge Veränderungen der genetischen Struktur einer Population einleiten und damit zur Optimierung der Funktionsfähigkeit ihrer Mechanismen (Steigerung der Fitness) beitragen.

Es kann aber auch zu einer Überforderung dieses Selbstregulationssystems kommen. Dies ist insbesondere dann der Fall, wenn sich Umweltveränderungen so rasch vollziehen, dass die adaptiven Rückkopplungsraten über die Mechanismen des genetischen Systems eine Optimierung der Strukturen nicht mehr sicherstellen.

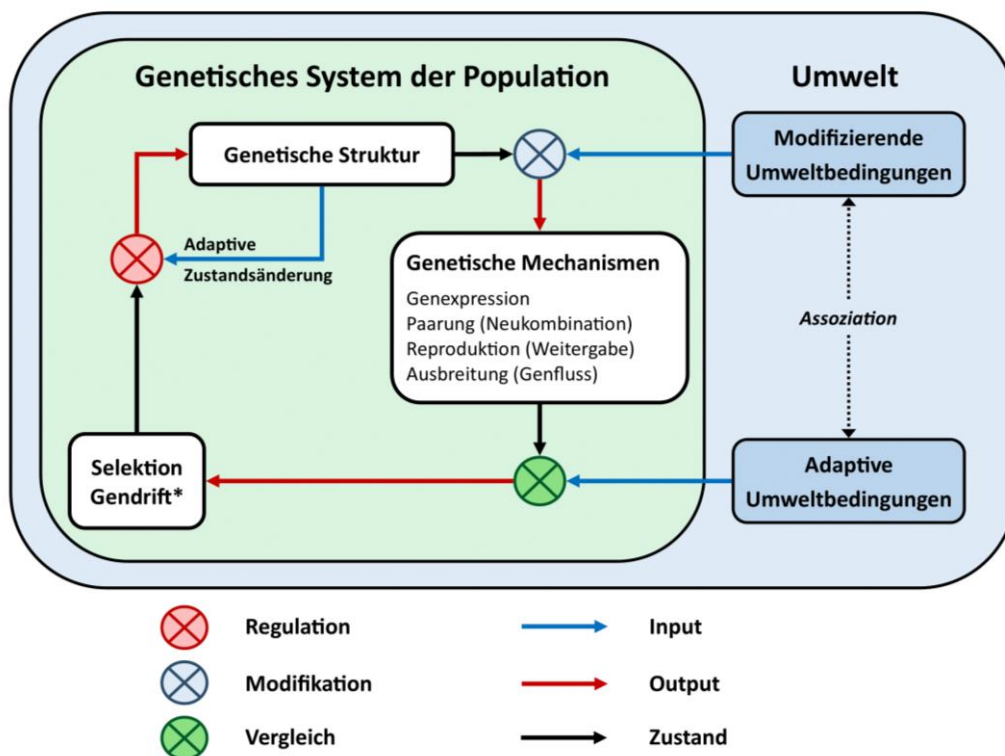


Abbildung 1: Vorgang der Anpassung (Rückkopplungsprinzip) auf der Grundlage der Mechanismen des genetischen Systems und genetischer Prozesse wie z.B. Selektion und Gendrift auf Populationsebene (verändert nach SCHOPPA 2000, GREGORIUS 2001); *Gendrift = zufällige Veränderung der Häufigkeiten von genetischen Varianten (= Allelen) innerhalb des Genpools einer Population

Mit dem genetischen Langzeit-Monitoring wird das Ziel verfolgt, den Zustand und die räumlich-zeitlichen Veränderungen genetischer Systeme in Waldbaum-Populationen zu erfassen. Dazu sind Kriterien, Indikatoren und Verifikatoren festgelegt worden (Abbildung 2). Das Monitoring-Konzept für die Buche verwendet vier Indikatoren: Level genetischer Vielfalt, Veränderung genetischer Vielfalt, Veränderungen im Paarungssystem sowie Genfluss innerhalb und zwischen Populationen (vgl. NAMKOONG et al. 1996, 2002, KONNERT et al. 2011, FUSSI et al. 2016). Verifikatoren (= Feststellungsgrößen) dienen ihrer Quantifizierung. Dazu zählen verschiedene populationsgenetische Indices, räumlich-genetische Strukturen, Parameter zur Pollen- und Samenausbreitung, Keimprozent, Hohlkornanteile etc.

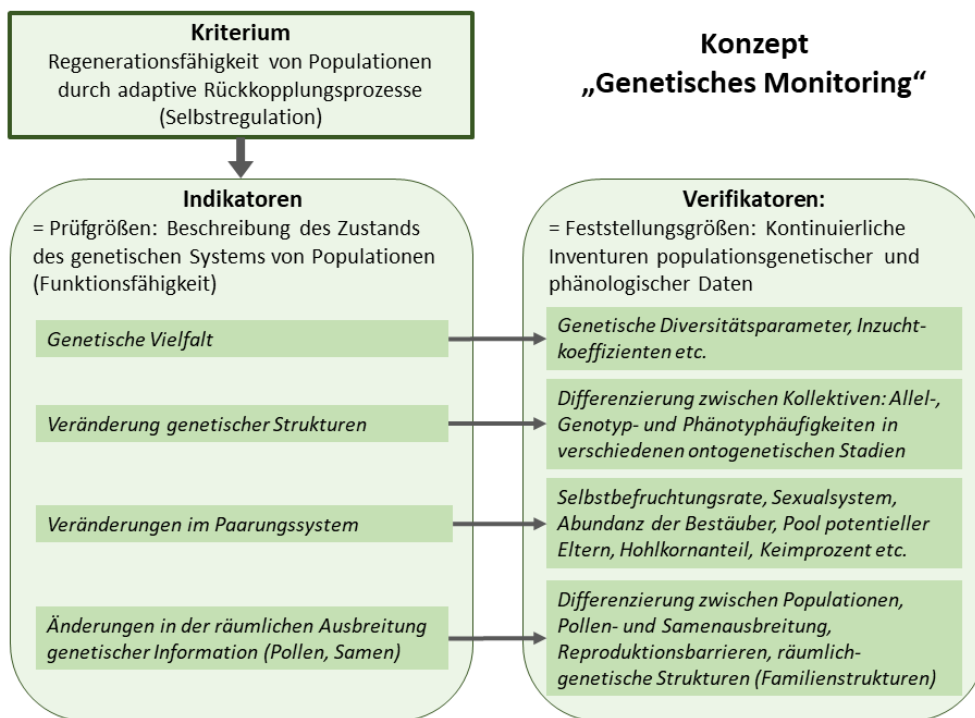


Abbildung 2: Konzept des genetischen Monitorings basierend auf Indikatoren und Verifikatoren zur Beschreibung des Zustands und der Entwicklung genetischer Systeme von Populationen (NAMKOONG et al. 1996, 2002; KONNERT et al. 2011)

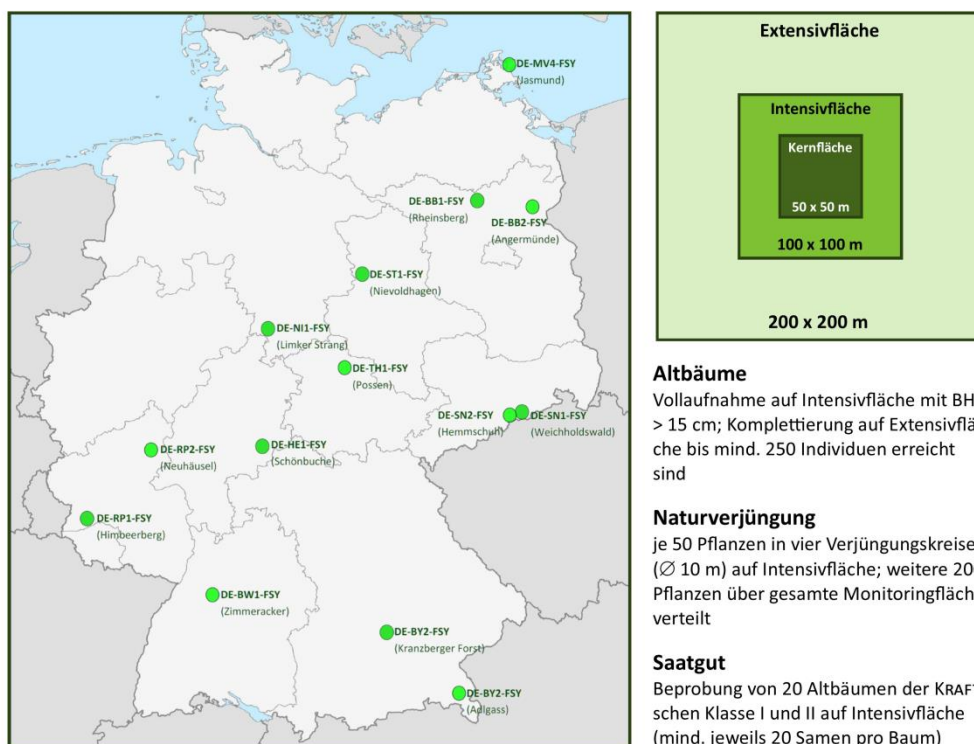


Abbildung 3: Verteilung der Buchen-Monitoringflächen in Deutschland sowie Darstellung des einheitlichen Schemas zur Einrichtung und Beprobung

Flächeneinrichtung und Beprobung

Für die Buche sind deutschlandweit insgesamt 14 Monitoringflächen eingerichtet worden. Aus Gründen der Vergleichbarkeit soll das genetische Monitoring nach einer baumartenspezifisch einheitlichen Methodik erfolgen. Jede dieser Flächen erstreckt sich über eine Gesamtfläche von ca. 4 ha. Innerhalb dieses Flächenbereichs sind drei Zonierungsbereiche abgegrenzt (Abbildung 3):

- Kernfläche (zentraler Bereich von 50 x 50 m [0,25 ha])
- Intensivfläche (Erweiterungsbereich um die Kernfläche von 100 x 100 m [1 ha])
- Extensivfläche (Erweiterungsbereich um die Intensivfläche von 200 x 200 m [4 ha])

Auf jeder Monitoringfläche werden auf einer Fläche mit der Größe von einem Hektar (Intensivfläche) alle Altbäume (Vollaufnahme), 400 Verjüngungspflanzen und 400 Samen (von 20 Altbäumen) beprobt und genetisch analysiert.

Phänologische Beobachtungen

Teil des genetischen Monitorings sind auch phänologische Beobachtungen an ausgewählten Individuen. An 20 Altbäumen wird jährlich der Verlauf des Blattaustriebs bonitiert. Als Beobachtungsbäume wurden diejenigen ausgewählt, an denen eine Saatgutbeprobung stattgefunden hat. Optional wurde auf acht Monitoringflächen zusätzlich der Austriebsverlauf in der Verjüngung bonitiert. Des Weiteren werden jährlich die Blühintensität, die Fruktifikation und die Vitalität erfasst. Anhand lokal aufgezeichneter Wetterdaten lassen sich abiotische Einflüsse aufzeigen (z.B. Spätfröste), die Auswirkungen auf Vitalität und Reproduktionsgeschehen haben können. Darüber hinaus wird in regelmäßigen Abständen das Saatgut der Bestände geprüft (Lebensfähigkeit, Keimprozent, Hohlkornanteil).

Die Frage des Austriebstermins ist von großer Bedeutung bei der Begründung von Waldbeständen. Das Überleben junger Forstpflanzen ist in entscheidendem Maße von ihrer Herkunft und damit von ihrer Anfälligkeit gegenüber Spätfrösten abhängig. Diese Bedeutung wird zukünftig noch zunehmen, wenn Ersatzherkünfte oder Alternativbaumarten aus südlichen Regionen in Deutschland etabliert werden sollen. Es wäre wünschenswert, wenn es dazu genetische Marker gibt, die das genetisch fixierte Merkmal „Austriebszeitpunkt“ sichtbar machen können. Solche Marker sind bisher noch nicht verfügbar. Die in diesem Projekt erhobenen Daten zu früh- und spätreibenden Buchen dienen der Entwicklung solcher Genmarker.

In Abbildung 4 sind die Austriebsverlaufkurven identifizierter Früh- und Spätreiber des hochmontanen Buchenbestandes Adlgass (DE-BY2-FSY) über drei Jahre aufgetragen, deren Austriebsverhalten über den Beobachtungszeitraum von drei Jahren stets gleich verläuft. Anfang Mai 2019 ist ein Spätfrostereignis eingetreten, wovon frühtreibende Individuen in unterschiedlich starkem Ausmaß geschädigt worden sind.

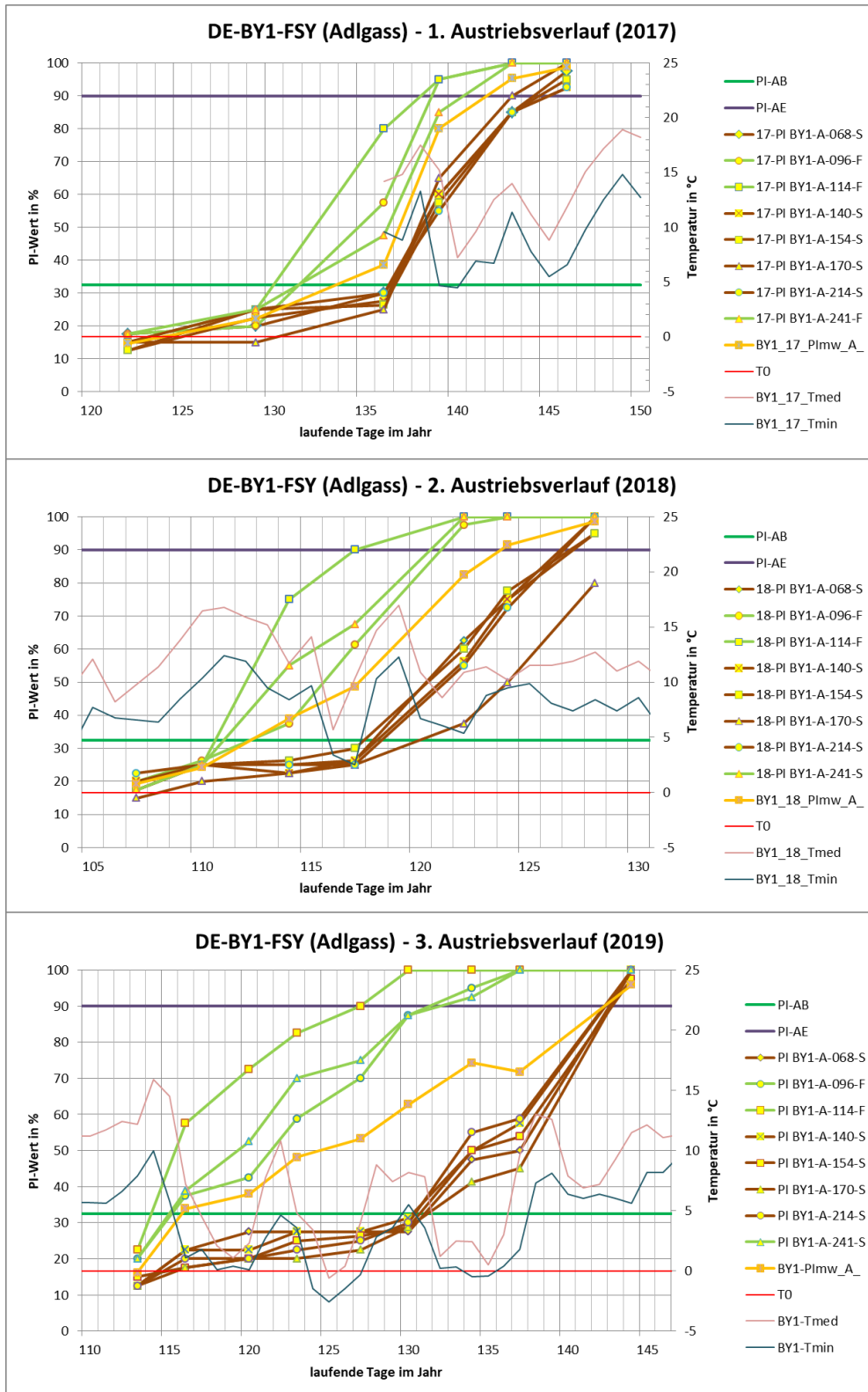


Abbildung 4: Austriebsverlaufkurven (2017 – 2019) von Fröhrtreibern („F“; grün) und Spättreibern („S“; braun) aus dem Altbestands-Kollektiv des Hochlagenbuchenbestandes DE-BY1-FSY (Adlgass) für die Kalenderjahre 2017 bis 2019. PI (Phänologischer Index: kumulierte Frequenz der Austriebsprozente zu einem bestimmten Beobachtungszeitpunkt; AB (Austriebsbeginn) bei PI-Wert = 32,5 („30 % ergrünt“); AE (Austriebsende) bei PI = 90,0 (60 % der Blattmasse im Austriebsendstadium). Auf der Primärachse sind die prozentualen Austriebswerte in Form eines Phänologischen Index (PI-Werte in %), auf der Sekundärachse die Tagesmittel- (Tmed) und Tagesminimum-

(T_{min}) Temperatur in Grad Celsius dargestellt. Im Jahr 2019 gab es ein Spätfrostereignis um den 125. Kalendertag (05. Mai).

Genetische Analytik

Genetische Vielfalt innerhalb und zwischen Buchenbeständen

Zur Genotypisierung werden hochvariable Kern-Mikrosatelliten (SSRs) eingesetzt. Die PCR (= Polymerase-Ketten-Reaktion) sowie die Fragmentlängenanalyse erfolgt routinemäßig in zwei Multiplexen nach EUSEMANN et al. (2017). Um vergleichbare Ergebnisse zwischen verschiedenen Laboren zu erzielen, sind zunächst Ringversuche mit extrahierter DNA ausgewählter Proben der Buche durchgeführt worden. Daraus ist ein für alle Labore anwendbares Routineprotokoll abgeleitet worden. Insgesamt sind 16 SSRs untersucht worden, von denen bis zum jetzigen Zeitpunkt zwölf für populationsgenetische Vergleiche zwischen 13 Beständen ausgewertet sind. In Tabelle 1 sind die wesentlichen Eigenschaften dieser SSR-Marker aufgeführt.

Über die zwölf untersuchten SSR-Loci sind über den gesamten Projektumfang von deutschlandweit über 15.000 Proben bestehend aus Altbäumen, Naturverjüngung und Saatgut insgesamt 196 verschiedene Allele (\emptyset 16,33 Allele pro Locus) detektiert worden. Davon sind eine Reihe von Allelen eher selten (Häufigkeit < 1%) und oft nur innerhalb einzelner Bestände vertreten. Folglich fällt die Anzahl der pro Altbaumbestand gefundenen Allele im Durchschnitt auf 8,84 Allele pro Genort ab (Stichprobeneffekt).

Deshalb ist zusätzlich die effektive Anzahl Allele N_e berechnet worden. N_e wird durch unterschiedliche Stichprobengrößen weniger beeinflusst, da in die Berechnung die relativen Häufigkeiten mit einbezogen werden und somit die Bedeutung seltener Allele geringer wird. Für die Gesamtheit der deutschlandweit analysierten Proben ($N = 15.152$) liegt der Wert bei 3,46 effektiven Allelen pro Locus. Bei Betrachtung der durchschnittlichen Diversität innerhalb der einzelnen Bestände ist der Wert nur geringfügig niedriger. Unter Berücksichtigung aller ontogenetischen Stadien, also aller im reproduktiven Kreislauf befindlichen Individuen (Altbestand, Naturverjüngung und Saatgut) bei Stichprobenzahlen von $N = 1.050$ bis 1.346 pro Bestand, liegt der Wert im Durchschnitt bei 3,35. Bemerkenswert ist, dass dieser Parameter bei ausschließlicher Betrachtung der Altbäume ($N = 250$ bis 546 pro Bestand) sogar nahezu konstant bleibt (im Durchschnitt 3,33 effektive Allele pro Bestand).

Insgesamt variiert die genetische Diversität innerhalb der Altbestände zwischen $N_e = 3,00$ und 3,46. D.h. die genetische Diversität innerhalb der Bestände weicht um maximal -13,3% (Bestände Adlgass im Süden Bayerns und Nievoldhagen in Sachsen-Anhalt) von der deutschlandweit ermittelten Diversität des gesamten Genpools der untersuchten Buchen ab. In anderen Beständen (Schönbuche in Hessen, Limker Strang in Niedersachsen) erreichen die Werte sogar das Niveau des Gesamt-Genpools.

Für eine erste Einschätzung der genetischen Diversität ist auch die genetische Differenzierung zwischen den einzelnen Beständen von Bedeutung. Das in Abbildung 5 verwendete Differenzierungsmaß D_j misst den relativen Anteil an genetischen Varianten (Allelen), durch deren Besitz sich der jeweilige Bestand von den anderen unterscheidet. Im theoretischen Fall von $D_j = 0$ wären die allelischen Profile des jeweiligen Bestands identisch mit dem Gesamt-Genpool, im Fall von $D_j = 1$ wäre vollständige Differenzierung gegeben (GREGORIUS und ROBERDS 1986, GREGORIUS 1988).

Im Mittel beträgt die genetische Differenzierung aller untersuchten Bestände 0,13 (nur Altbestand). D.h. es müssten 13% der genetischen Varianten zwischen den Beständen ausgetauscht werden, um bundesweit einheitliche genetische Strukturen zu bekommen. Entsprechend fallen die Bestände Limker Strang und Schönbuche, welche die höchsten genetischen Diversitätswerte zeigen, durch die geringsten Differenzierungswerte auf (D_j bei ca. 0,09). Diese Bestände repräsentieren den in diesem Projekt erfassten Gesamt-Genpool am besten. Die Bestände Nievoldhagen und Adlgass zeigen die höchsten Differenzierungswerte ($D_j = 0,17$), gleichzeitig aber auch die niedrigsten Diversitätswerte. Der Bestand

Adlgaß liegt auf über 1.000 m Seehöhe und somit an der Verbreitungsgrenze der Buche in den Nord-Alpen. Das könnte die niedrigen Diversitäts – und hohen Differenzierungswerte erklären.

Tabelle 1: Die im GENMON-Projekt bislang ausgewerteten Mikrosatellitenmarker (Bezeichnung, Literaturangabe, Fragmentlängen in Basenpaaren); genetische Vielfaltswerte (Anzahl beobachteter Allele N_a und Anzahl effektiver Allele N_e) für den Gesamtpool der analysierten Proben des GENMON-Projekts (N = 15.152 Proben) und im Durchschnitt pro Bestand (für alle ontogenetischen Stadien im Bestand [Altbäume + Naturverjüngung + Saatgut, N = 1.150 bis 1.346] bzw. nur für die Altbäume innerhalb der Bestände [N = 250 bis 546])

SSR-Locus	Referenz	bp	Proben gesamt (N = 15.152)		Durchschnitt Bestände (Alt + NV + S)		Durchschnitt Bestände (Alt)	
			N_a	N_e	N_a	N_e	N_a	N_e
sfc_0036	Asuka et al. (2004)	93 - 119	14	4,17	10,00	4,09	8,06	4,01
FS1-15	Pastorelli et al. (2003)	82 - 146	28	5,64	19,00	5,26	14,48	5,25
sfc_1143	Asuka et al. (2004)	101 - 147	23	5,14	14,46	4,85	11,86	4,93
csolfagus_29	Lefèvre et al. (2011)	124 - 158	14	1,79	8,08	1,79	6,41	1,76
mfc5b	Pastorelli et al. (2003)	277 - 333	29	10,62	23,62	9,20	18,11	9,11
DUKCT	Lefèvre et al. (2011)	76 - 114	16	2,62	8,77	2,59	7,49	2,61
EEU75	Lefèvre et al. (2011)	88 - 116	15	4,97	11,54	4,66	9,04	4,68
EMILY	Lefèvre et al. (2011)	139 - 185	18	4,11	8,77	3,94	8,70	3,94
EJV8T	Lefèvre et al. (2011)	141 - 163	10	3,33	7,69	3,26	6,07	3,19
ERHBI	Lefèvre et al. (2011)	156 - 192	12	2,31	5,23	2,30	5,46	2,26
DZ447	Lefèvre et al. (2011)	175 - 199	9	3,00	4,85	2,86	4,93	2,90
DES76	Lefèvre et al. (2011)	219 - 240	8	3,20	7,38	3,09	5,42	3,04
Mittel über alle Bestände			16,33	3,46	10,78	3,35	8,84	3,33

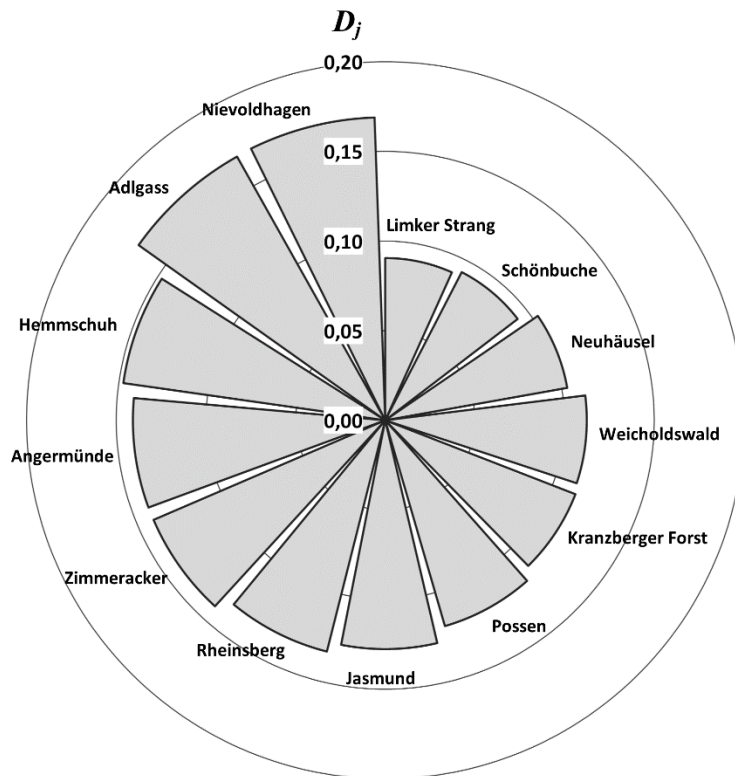


Abbildung 5: Genetische Differenzierung D_j $\{0 \leq D_j \leq 1\}$ aufgrund von Unterschieden in den allelischen Häufigkeitsprofilen (12 Mikrosatelliten) zwischen GENMON-Buchenbeständen (nach GREGORIUS & ROBERDS 1986, GREGORIUS 1988)

Verglichen mit eher seltenen Baumarten bzw. Nebenbaumarten sind die genetischen Unterschiede zwischen den untersuchten Buchenpopulationen aber als eher gering einzuschätzen (geringe Differenzierung bei vergleichsweise konstant hoher genetischer Diversität innerhalb von Beständen). Diese Werte zeigen auf, dass bis zum Zeitpunkt der Probenentnahmen in den Jahren 2016/2017 funktionsfähige Mechanismen die Erhaltung einer hohen genetischen Vielfalt auf Populationsebene sichergestellt haben (Paarungssysteme, Pollen- und Samenausbreitung, Reproduktion etc.). Inwiefern Störungen durch den Klimawandel bzw. die extreme Witterung in den letzten Jahren, die regional zu massiven Vitalitätsverlusten und teilweise sogar flächigen Absterbeerscheinungen geführt haben, diese für die Erhaltung von Anpassungskapazitäten und für Anpassungsprozesse entscheidenden populationsbiologischen Voraussetzungen gefährden, wird erst in den Folgeinventuren im Rahmen des genetischen Langzeit-Monitorings geklärt werden können.

Räumlich-genetische Strukturen innerhalb von Beständen

Der überwiegende Teil aller Wälder in Mitteleuropa ist durch menschliche Nutzung geprägt. Diese kann sich durch unterschiedliche Holznutzungs- oder Verjüngungsverfahren auch auf die genetischen Strukturen sowie die genetische Diversität eines Bestandes auswirken (FINKELDEY und ZIEHE 2004, PIOTTI et al. 2013, RATNAM et al. 2014, SCHABERG et al. 2008). Bei der Untersuchung einzelner Bestände und insbesondere beim Vergleich der genetischen Diversität und Differenzierung zwischen Beständen muss daher die zugrundeliegende Struktur und die historische Entwicklung der Bestände berücksichtigt werden. Insbesondere für alte Bestände liegen weiter zurückreichende Aufzeichnungen häufig nicht vor. Um diese Lücke zu füllen, wird die Bestandshistorie über Verwandtschaftsanalyse und Auswertung räumlich-genetischer Strukturen näherungsweise rekonstruiert.

Verwandtschaftsbeziehungen können mithilfe molekularer Marker analog zum Vorgehen bei Elternschaftsanalysen rekonstruiert werden (JONES et al. 2010). Um Familienstrukturen in den Altbaumbeständen sichtbar zu machen, werden mithilfe der Software Colony (JONES & WANG 2010) Individuen mit einem Verwandtschaftskoeffizienten von mindestens 0,25 identifiziert. Die so erstellten Gruppen bestehen aus Individuen in Verwandtschaftsverhältnissen ersten und zweiten Grades, z.B. Eltern und Nachkommen, Voll- und Halbgeschwistern, Großeltern und Enkeln sowie Onkeln/Tanten und Nichten/Neffen. Zusätzlich werden die Bestände auf das Vorhandensein räumlich-genetischer Strukturen getestet. Hierbei werden die genetische Verwandtschaft und die räumliche Entfernung zwischen verschiedenen Bäumen korreliert und gegeneinander aufgetragen. Diese Analyse gibt Aufschluss darüber, ob verwandte Bäume räumlich gruppiert oder zufällig über die gesamte Fläche verteilt wachsen.

Sowohl die Familienanalyse als auch die Analyse räumlich-genetischer Strukturen zeigte in den bislang untersuchten Populationen eine deutliche räumliche Konzentration verwandter Bäume (Abbildung 6). Dies entspricht dem erwarteten Bild bei natürlicher Verjüngung: Der Großteil der Verjüngung findet nahe der Elternbäume statt. Durch die größere Ausbreitungsfähigkeit des Pollens finden sich einzelne Familienmitglieder auch weiter entfernt vom Zentrum der Familie.

Trotz dieses grundsätzlich einheitlichen Bildes finden sich teils deutliche Unterschiede im Detail. Der Großteil der Bestände zeigt das erwartete Bild langfristig naturverjüngter Wälder mit einer großen Anzahl lokal konzentrierter Familien mit meist nur wenigen Individuen und ausgeprägter Struktur in Bezug auf den Brusthöhendurchmesser (Abbildung 6a+c). Die lokale Gruppierung wird durch einen geringen aber konstanten Anteil fernverbreiteter Individuen ergänzt. Eine bemerkenswerte Abweichung stellt der Bestand Rheinsberg dar. Die ausgeprägte räumlich-genetische Struktur (Abb. 6b+d) bestätigt, dass der aktuelle Altbaumbestand ebenfalls aus Naturverjüngung hervorgegangen ist. Gleichzeitig gehören fast alle Bäume des Bestandes lediglich elf unterschiedlichen, sehr individuenreichen Familien an. Hiermit zeigt dieser Bestand das Bild eines aus einem Großschirmschlag unter Belassung nur weniger Samenbäume hervorgegangenen Bestands. Dieses ursprüngliche Verjüngungsereignis ist mithilfe genetischer Methoden auch im 120-jährigen Bestand noch immer deutlich sichtbar. Keiner der untersuchten Bestände zeigt

Hinweise auf eine künstliche Begründung, die durch das Fehlen räumlich-genetischer Strukturen und einer zufälligen Verteilung verwandter Bäume gekennzeichnet ist.

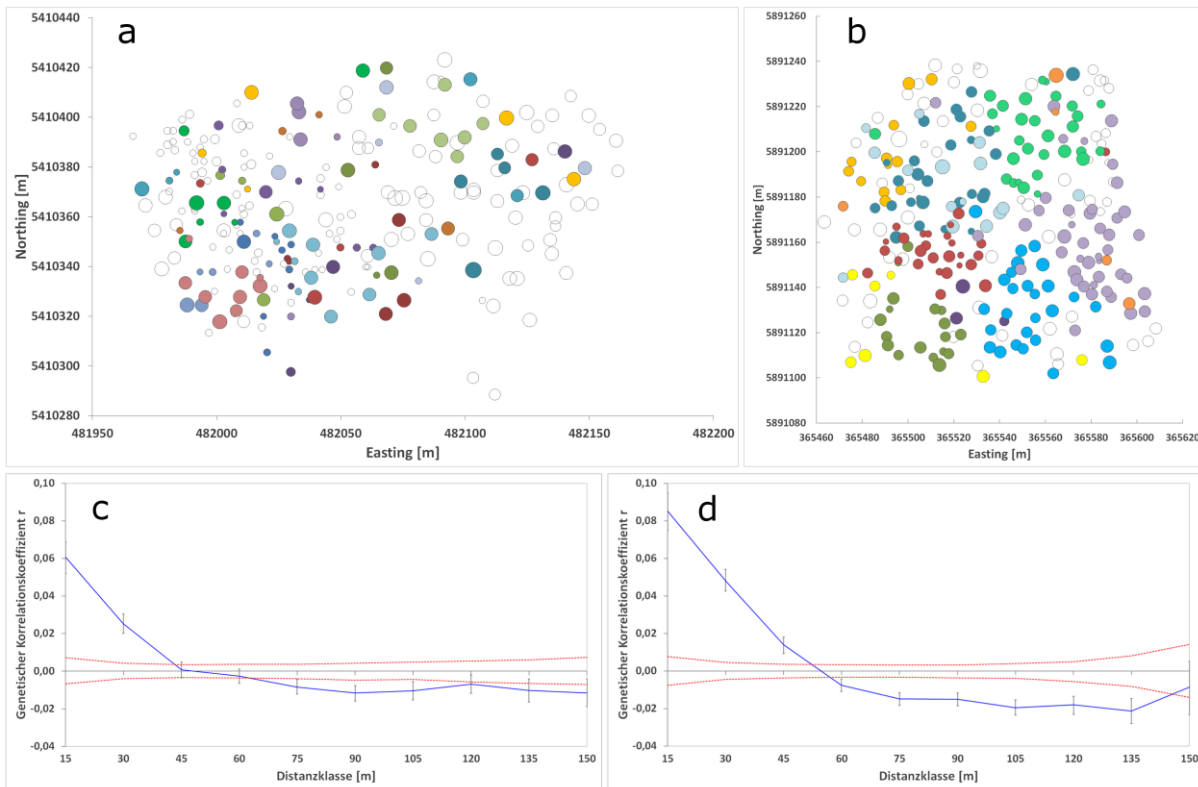


Abbildung 6: Oben: Räumliche Verteilung identifizierter Familien in den Beständen Zimmeracker (a) und Rheinsberg (b). Mitglieder einer Familie sind durch dieselbe Farbe gekennzeichnet. Der Blasendurchmesser kennzeichnet den BHD der jeweiligen Bäume. Unten: Räumlich-genetische Struktur in den Beständen Zimmeracker (c) und Rheinsberg (d). Blaue Linie – Genetischer Korrelationskoeffizient zwischen allen Individuen innerhalb einer Distanzklasse. Rote Linien - Obere und untere Grenze des 95%-Konfidenzintervalls, Korrelationskoeffizienten außerhalb des Konfidenzintervalls sind statistisch signifikant.

Paarungssystem und Ausbreitung genetischer Information

Mithilfe von Elternschaftsanalysen lassen sich Verwandtschaftsbeziehungen zwischen Altbäumen und Saatgut oder Jungpflanzen der Naturverjüngung identifizieren. Durch Einbeziehung räumlicher Koordinaten der Bäume lässt sich so ein umfassendes Bild des Paarungs- und Ausbreitungssystems erstellen. So lassen sich der Anteil potentieller und realisierter Eltern, der reproduktive Erfolg einzelner Elternbäume, Selbstbefruchtungsraten, Familiengrößen, Ausbreitungsdistanzen von Pollen und Samen sowie der Genfluss innerhalb und zwischen Beständen rekonstruieren.

Die bislang vorliegenden Ergebnisse zeigen trotz deutlicher individueller Unterschiede ein konsistentes Bild im Paarungssystem der Buche in allen untersuchten Beständen. Grundsätzlich nimmt nur eine Minderheit der potentiellen Eltern tatsächlich am Reproduktionsgeschehen teil. Der Anteil reproduktiv aktiver Bäume liegt in den verschiedenen Beständen bei durchschnittlich 30 %. Durchschnittlich 75 % der reproduzierenden Bäume produzieren dabei höchstens drei Nachkommen. Lediglich 25 % der Elternbäume stellen mindestens vier Nachkommen. Gleichzeitig stellen diese wenigen aber reproduktiv erfolgreichen Individuen mit fast 60 % der Nachkommenschaft den überwiegenden Teil der gesamten Verjüngung. Dieser Effekt findet sich trotz Schwankungen in der Stärke in allen untersuchten Beständen.

Es lässt sich daher annehmen, dass es sich hierbei um ein generelles Phänomen der Reproduktionsbiologie der Buche handelt.

Weitere Untersuchungen zum Paarungs- und Ausbreitungssystem werden folgen, um ein umfassendes Bild zur Reproduktion der Buche in naturverjüngenden Beständen zu zeichnen.

Entwicklung anpassungsrelevanter Marker

Ein für die Anpassungsfähigkeit im Klimawandel wichtiges Merkmal ist die Spätfrosttoleranz, die im engen Zusammenhang mit dem zum Teil genetisch determinierten Austriebszeitpunkt steht (vgl. u.a. GÖMORY und PAULE 2011). Aus diesem Grund werden in Ergänzung zu den neutralen Mikrosatelliten genetische Marker für das Merkmal „Austriebstermin“ der Buche entwickelt. Da die Erfolgsaussichten, adaptive Marker zu finden, bei dem sogenannten Kandidatengen-Ansatz eher begrenzt sind, sind genomweite Ansätze unter Anwendung von Technologien des „Next Generation Sequencing“ (NGS) zur Entwicklung von Markerkandidaten angewandt worden. In einem ersten Schritt wurden die gepoolte Gesamt-DNA von jeweils 14 extrem früh bzw. extrem spät austreibenden Bäumen aus einem Herkunftsversuch mittels NGS (PoolSeq) sequenziert und die resultierenden DNA-Sequenzen (Reads) gegen ein vorliegendes Referenzgenom der Buche (MISHRA et al. 2018) angeordnet („gemappt“). Basierend auf diesen „Mappings“ konnten viele SNPs („Single Nucleotide Polymorphisms“) identifiziert werden, die durch deutliche Allelhäufigkeitsunterschiede zwischen den Pools „früh“ und „spät“ auffallen. Weitere SNPs, die sich durch signifikante Allel- und/oder Genotypabstände zwischen den „frühen“ und „späten“ Buchen unterscheiden, wurden mittels ddRAD („Double Digest RADseq“) der 28 phänotypisierten Einzelbuchen identifiziert.

Eine erste Auswahl dieser SNPs wurde in einem nächsten Schritt mit weiteren Proben von 26 früh und 33 spät austreibenden Bäumen (Validierungsset) mittels PCR und Sangersequenzierung validiert. Dazu sind vor allem ausgewählte Proben von acht Monitoringflächen eingesetzt worden. Abbildung 7 zeigt exemplarisch ein Zwischenergebnis der umfangreichen Markervalidierungen. Bei einem Teil der bisher geprüften SNPs existieren signifikante Allelhäufigkeitsunterschiede, die eventuell auf eine genetische Kopplung dieser SNPs mit DNA-Regionen verweisen, welche möglicherweise an der Ausprägung des Merkmals Austriebszeitpunkt beteiligt sind (potentiell diagnostische Marker). Da es sich wahrscheinlich um ein komplexes polygenes Merkmal handelt, kann man von der Beteiligung mehrerer DNA-Regionen an der Merkmalsausprägung ausgehen (McKOWN et al. 2018). Eine laufende systematische Genotypisierung aller Buchen des Validierungssets an 500 ausgewählten SNP-Positionen mit SeqSNP wird die Identifizierung weiterer potentiell diagnostischer Markerkandidaten erlauben und damit bereits bekannte Marker (MÜLLER et al. 2017) ergänzen. Erst eine Validierung der neuen Markerkandidaten mit einer Vielzahl weiterer phänotypisierter Buchen wird in zukünftigen populationsübergreifenden Studien genauere Aussagen über die Vorhersagekraft der Marker ermöglichen. Generell werden die Entwicklung genetischer Marker und ihre Erprobung hinsichtlich möglicher Korrelationen mit adaptiven phänotypischen Merkmalen wesentlich zur Beurteilung der klimatischen Anpassungsfähigkeit von Waldbeständen beitragen.

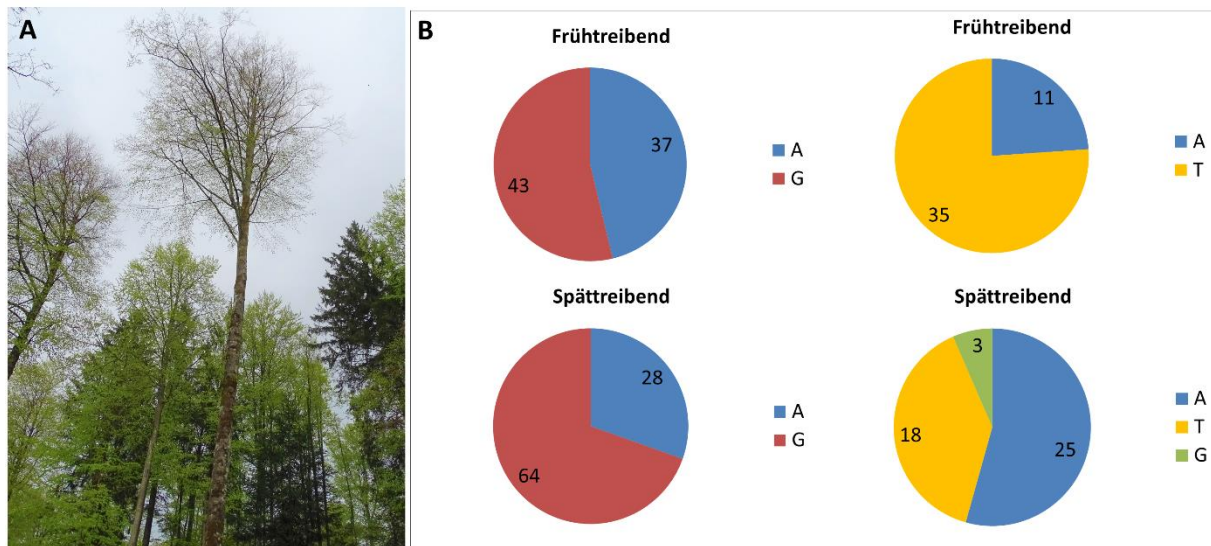


Abbildung 7: Austriebsunterschiede im Buchen-Bergmischwald (A). Signifikante Allelhäufigkeitsunterschiede an einem A/G-SNP im Scaffold1279 und einem A/T-SNP im Scaffold773, getestet an N = 86 bzw. N = 46 ausgewählten Bäumen (B).

Ausblick

Intakte genetische Systeme sind die Voraussetzung sowohl für die Erhaltung genetischer Vielfalt als auch für erfolgreiche Anpassungsprozesse an sich ändernde Umweltbedingungen. Eine langfristige Konzipierung des genetischen Monitorings ermöglicht grundsätzlich den Einsatz bewährter als auch sich stetig neu entwickelnder Methoden und Inhalte, ohne darüber seine Kontinuität zu verlieren (GREGORIUS und DEGEN 2007). Deswegen werden künftig sowohl hochvariable, selektionsneutrale DNA-Marker (Mikrosatelliten) als auch neu zu entwickelnde anpassungsrelevante Marker von Bedeutung sein. Neutrale Mikrosatelliten erlauben eine ständige Überwachung derjenigen Mechanismen des genetischen Systems, welche der Weitergabe und Erzeugung genetischer Information dienen. Sie liefern damit auch Hinweise zu stochastischen Effekten (z.B. Gendrift), die zum Verlust genetischer Vielfalt beitragen (z.B. Änderung der Populationsgrößen und -strukturen und damit auch der Paarungs-, Reproduktions- und Ausbreitungssysteme). Die rasante Entwicklung auf dem Gebiet der Genomforschung wird künftig aber auch molekulare Einblicke in adaptive Merkmale unserer Waldbaumarten ermöglichen. Deshalb werden die DNA-Proben auch langfristig gesichert, um kontinuierliche Zeitreihen sowohl über stochastische als auch adaptive populationsgenetische Vorgänge zu erhalten. So können künftig auch alte Proben von nicht mehr existenten, aber in ihren Eigenschaften beschriebenen Bäumen noch nach Jahrzehnten mit neuen molekulargenetischen Technologien analysiert werden. Entscheidend für den Erfolg eines genetischen Monitorings ist neben der Konzipierung auch dessen Verankerung in bundes- bzw. europaweiten Programmen mit der damit verbundenen Finanzierung, um die langfristige Erhebung und Auswertung der Daten sicherzustellen.

Genetische Aspekte werden gerade im Zusammenhang mit Klimaänderungen von herausragender Bedeutung sein. Vermag sich die Buche auch künftig aus eigener Kraft an veränderte Umweltbedingungen anzupassen oder überfordern die Umweltveränderungen vielerorts das genetische System der Buche? Welche waldbaulichen Verfahren haben stabilisierende oder eher kontraproduktive Auswirkungen auf den Anpassungserfolg? Zu diesen und vielen weiteren entscheidenden Fragestellungen werden künftig im Rahmen eines Risikomanagements bei der Bewirtschaftung unserer Wälder Antworten gefunden werden müssen, für die Buche genauso wie für die ebenfalls im Projekt GENMON bearbeitete Fichte. Die Ergebnisse der Fichtenflächen werden derzeit ausgewertet und sind daher nicht Teil der vorliegenden Arbeit.

Aber auch für andere Baumarten sollte ein genetisches Monitoring eingerichtet bzw. erweitert werden. Das gilt sowohl für weitere Hauptbaumarten als auch für nicht bestandesbildende und eher seltene Baumarten (z.B. *Sorbus torminalis*, *Prunus avium* etc.). Gerade sie könnten im Klimawandel von steigendem Interesse sein. Da diese Baumartengruppen aber deutliche Unterschiede im populationsbiologischen Verhalten aufweisen (räumliche Verteilung, Insektenbestäubung, Selbstinkompatibilität, kombinierte generative und vegetative Vermehrungsstrategien, genetische Introgression aus Kultursorten etc.), ist die Entwicklung modifizierter Monitoringkonzepte ratsam.

Projektförderung

Das Vorhaben wurde aus dem Waldklimafonds mit Mitteln der Bundesministerien für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) und für Umwelt, Naturschutz und nukleare Sicherheit (BMU) (Förderkennzeichen: 22WC4092) auf Grund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages gefördert. Unser Dank gilt der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) sowie der Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e. V. (FNR) als Projektträger und Ansprechpartner.

Literatur

- ASUKA Y, TANI N, TSUMARA Y, TOMARU N (2004) Development and characterization of microsatellite markers for *Fagus crenata* Blume. *Molecular Ecology Notes* 4: 101-103.
- BERGMANN F, HOSIUS B (1996) Genetische Variation innerhalb und zwischen Waldbaumarten: Biochemische und populationsgenetische Determinanten der Isoenzym polymorphismen. In: Müller-Starck (Hrsg.): Biodiversität und nachhaltige Forstwirtschaft. Ecomed-Verlag, S. 26-37.
- EICHHORN J, SUTMÖLLER J, SCHELER B, WAGNER M, DAMMANN I, MEESENBURG H, PAAR U (2019) Auswirkungen der Stürme und der Dürre 2018/2019 auf die Vitalität der Wälder Nordwestdeutschlands. In: Waldzustandsbericht 2019 für die Länder Sachsen-Anhalt, Hessen, Niedersachsen und Schleswig-Holstein.
- EUSEMANN P, PREUSS A, LIESEBACH M, LIESEBACH H (2017) Optimierte Saatgutqualität durch einzelbaumweise Beerntung – Eine Untersuchung an Buche (*Fagus sylvatica* L.). *Forstarchiv* 88 (1):17-23.
- FINKELDEY R, ZIEHE M (2004): Genetic implications of silvicultural regimes. *Forest Ecology and Management* 197: 231-244.
- FUSSI B, WESTERGREN M, ARAVANOPOULOS F, BAIER R, KAVALIAUSKAS D, FINZGAR D, ALIZOTI P, BOSIC G, AVRAMIDOU E, KONNERT M, KRAIGHER H (2016) Forest genetic monitoring: an overview of concepts and definitions. *Environ. Monit. Assess.* 188: 493.
- GÖMÖRY D, PAULE L (2011) Trade-off between height growth and spring flushing in common beech (*Fagus sylvatica* L.). *Ann. For. Sci.* 68 :975-984.
- GREGORIUS HR (1988) The meaning of genetic variation within and between subpopulations. *Theor. Appl. Genetics* 76, 947-951.
- GREGORIUS HR (2001) Sustainable treatment of resources: the genetic basis. In: Genetic Response of Forest Systems to Changing Environmental Conditions (Müller-Starck G & Schubert R, eds.), Band 70, S. 203-222.
- GREGORIUS HR, DEGEN B (2007) Monitoring genetischer Ressourcen - Prinzipien und Methoden. *Agrobiodiversität* (F. Begemann et al., Hrsg.), Bd. 27: Monitoring und Indikatoren der Agrobiodiversität, S. 39-65.
- GREGORIUS HR, ROBERDS JH (1986) Measurement of genetical differentiation among subpopulations. *Theor. Appl. Genetics* 71: 826-834.
- HAMRICK JL, GODT MJ (1989) Allozyme diversity in plant species. In *Plant Population Genetics, Breeding, and Genetic Resources*. Brown, Clegg, Kahler & Weir (eds.); Sunderland, MA: Sinauer, S. 43-63.
- HAMRICK JL, GODT MJ (1996) Effects of life history traits on genetic diversity in plant species. *Philos. Trans. R. Soc. London Ser. B* 351:1291–1298.
- JONES AG, SMALL CM, PACZOLT KA, RATTERMAN NL (2010) A practical guide to methods of parentage analysis. *Molecular Ecology Resources* 10: 6–30.

- JONES OR, WANG J (2010) COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. *Molecular Ecology Resources* 10: 551-555.
- KONNERT M, MAURER W, DEGEN B, KÄTZEL R (2011) Genetic monitoring in forests - early warning and controlling system for ecosystemic changes. *iForest*, 77 – 81.
- KUNZ M, LIESEBACH H, KERSTEN H, MADER M, MÜLLER NA, EUSEMANN P, BECKER F, TRÖBER U, JOCHNER-OETTE S, FUSSI B (2019) Phänotypische Merkmale auf genetischer Ebene sichtbar machen. In: DVFFA: 6. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung "Forstpflanzenzüchtung für die Praxis", Dresden, 16.-18.09.2019, Tagungsband und Exkursionsführer, S. 47.
- LEVÈVRE S, WAGNER S, PETIT RJ, DE LAFONTAINE G (2011) Multiplexes microsatellite markers for genetic studies of beech. *Molecular Ecology Resources* 12: 484-491.
- MCKOWN AD, KLÁPŠTĚ J, GUY RD, EL-KASSABY YA, MANSFIELD SD (2018) Ecological genomics of variation in bud-break phenology and mechanisms of response to climate warming in *Populus trichocarpa*. *New Phytol.* 220: 300-316.
- MISHRA B, GUPTA DK, PFENNINGER M, HICKLER T, LANGER E, NAM B, PAULE J, SHARMA R, ULASZEWSKI B, WARMBIER J, BURCZYK J, THINES M (2018) A reference genome of the European beech (*Fagus sylvatica* L.). *GigaScience* 7(6).
- MÜLLER M, SEIFERT S, FINKELDEY R (2017) Comparison and confirmation of SNP-bud burst associations in European beech populations in Germany. *Tree Genetics and Genomes* 13: 59.
- MÜLLER-STARCK G (1991) Survey of genetic variation as inferred from enzyme gene markers. In: Genetic Variation in European Populations of Forest Trees (Müller-Starck G & Ziehe M, eds.), S. 20-37, J.D. Sauerländers Verlag, Frankfurt a.M.
- NAMKOONG G, BOYLE T, GREGORIUS HR, JOLY H, SAVOLAINEN O, RATMAN W, YOUNG A (1996) Testing criteria and indicators for assessing the sustainability of forest management: genetic criteria and indicators. Centre for International Forestry Research (CIFOR) Working Paper No. 10, Bogor.
- NAMKOONG G, BOYLE T, EL-KASSABY YA, PALMBERG-LERCHE C, ERIKSSON G, GREGORIUS HR, JOLY H, KREMER A, SAVOLAINEN O, WICKNESWARI R, YOUNG A, ZEH-NLO M, PRABHU R (2002) Criteria and indicators for sustainable forest management: assessment and monitoring of genetic variation. *FGR* 37, FAO.
- PASTOTELLI R, SMULDERS MJM, VAN T WESTENDE WPC, VOSMAN B, GIANNINI R, VETTORI C, VENDRAMIN GG (2003) Characterization of microsatellite markers in *Fagus sylvatica* L. and *Fagus orientalis* Lipsky. *Molecular Ecology Notes* 6, 288-295.
- PETIT RJ, HAMPE A (2006) Some Evolutionary Consequences of Being a Tree. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* 37: 187-214.
- PIOTTI A, LEONARDI S, HEUERTZ M, BUITEVELD J, GEBUREK T, GERBER S, KRAMER K, VETTORI C, VENDRAMIN GG (2013) Within-population genetic structure in beech (*Fagus sylvatica* L.) stands characterized by different disturbance histories: Does forest management simplify population substructure? *PLOS One* 8(9): e73391.
- RATNAM W, RAJORA OP, FINKELDEY R, ARAVANOPOULOS F, BOUVET JM, VAILLANCOURT RE, KANASHIRO M, FADY B, TOMITA M, VINSON C (2014) Genetic effects of forest management practices: Global synthesis and perspectives. *Forest Ecology and Management* 333: 52-65.
- ROHDE M, HURLING R, LANGER G, BUßKAMP J, PLASIL P (2019) Insekten und Pilze. In: Waldzustandsbericht 2019 für die Länder Sachsen-Anhalt, Hessen, Niedersachsen und Schleswig-Holstein.
- SCHABERG P, DEHAYES DH, HAWLEY GJ, NIJESOHN SE (2008) Anthropogenic alterations of genetic diversity within tree populations: Implications for forest ecosystem resilience. *Forest Ecology and Management* 256: 855-862.
- SCHOPPA FN (2000) Konsequenzen wald- und forstgeschichtlicher Entwicklungen für die aktuelle genetische Zusammensetzung von Waldbaumpopulationen in Mitteleuropa. Dissertation, Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie, Georg-August-Universität Göttingen.

Autoren

Dr. AKI M. HÖLTKEN

Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Abt. Waldgenressourcen, Prof.-Oelkers-Str. 6, 34346 Hann. Münden
aki.hoeltken@nw-fva.de

Dr. PASCAL EUSEMANN

Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Eberswalder Chaussee 3a, Waldsiefersdorf
pascal.eusemann@thuenen.de

Dr. BIRGIT KERSTEN, Dr. HEIKE LIESEBACH

Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstr. 2, 22927 Großhansdorf
birgit.kersten@thuenen.de, heike.liesebach@thuenen.de

KARINA KAHLERT

Thüringen-Forst AÖR- Forstliches Forschungs- und Kompetenzzentrum, Jägerstr. 1, 99867 Gotha

MANUEL KAROPKA

Forstliche Versuchsanstalt Baden-Württemberg (FVA), Wonnhaldestr. 4, 79100 Freiburg

Prof. Dr. RALF KÄTZEL

Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde (LFE), Alfred-Möller-Str. 1, 16225 Eberswalde,

Dr. OLEKSANDRA KUCHMA, Dr. LUDGER LEINEMANN

ISOGEN, Büsgenweg 2, 37077 Göttingen

BERND ROSE

Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Hauptstr. 16, 67705 Trippstadt

UTE TRÖBER, Dr. HEINO WOLF

Staatsbetrieb Sachsenforst, Kompetenzzentrum Wald und Forstwirtschaft, Bonnewitzer Str. 34, 01796 Pirna

WOLFGANG VOTH

Landesforst Mecklenburg-Vorpommern, Zeppelinstr. 3, 19061 Schwerin

MARCO KUNZ, Dr. BARBARA FUSSI

Bayerisches Amt für Waldgenetik, Forstamtsstr. 1, 83317 Teisendorf
barbara.fussi@awg.bayern.de, marco.kunz@awg.bayern.de;

Genetische Diversität von Douglasiensaatgut aus zugelassenen Erntebeständen und Samenplantagen – Schlussfolgerungen für die Praxis

HEIKE LIESEBACH, JANINE WOJACKI, BIRTE PAKULL und PASCAL EUSEMANN

Zusammenfassung

Die Douglasie (*Pseudotsuga menziesii*) ist mit ca. 2 % der Waldfläche die häufigste fremdländische Forstbaumart in Deutschland. In zahlreichen Saatguterntebeständen und einigen Samenplantagen wird in Deutschland inzwischen so viel Saatgut geerntet, so dass nahezu eine Selbstversorgung mit Douglasiensaatgut besteht.

In einer Studie mit unterschiedlich großen Saatguterntebeständen und mit Samenplantagen wurden Saatgutproben - teilweise einzelbaumweise geerntet - untersucht. Das Saatgut von kleinen Populationen weist hohe Hohlkornanteile bis zu 40 % auf, was auf hohe Selbstungsanteile schließen lässt. Erwartungsgemäß nimmt die genetischer Diversität mit steigender Populationsgröße zu, bis ein Plateau erreicht wird. Die Ergebnisse werden im Zusammenhang mit Mindestanforderungen an Saatguterntebestände der Kategorie „Ausgewählt“ diskutiert. Es wird vorgeschlagen, die Anforderungen für die Zulassung von Saatguterntebeständen der Kategorie „Ausgewählt“ zu aktualisieren. Eine Mindestzahl von 100 Bäumen ohne Fragmentierung wird für alle bestandesbildenden und windbestäubten Baumarten empfohlen.

Schlüsselworte: Forstliches Vermehrungsgut, Mindestanforderungen, *Pseudotsuga menziesii*, Mikrosatelliten-Marker, Elternschaftsanalyse

Abstract

Genetic diversity in Douglas fir seeds from approved seed stands and seed orchard – Conclusions for practice

Douglas fir (*Pseudotsuga menziesii*) is the most frequent non-native forest tree species in Germany, covering about 2% of the forest area. Numerous approved seed stands and several seed orchards supply appropriate amounts of seed for a high level of self-sufficiency in Germany.

In the present study, seed stands of different sizes and seed orchards including their offspring samples were analysed. Seed from small populations show proportions of empty seeds up to 40 %, which suggests large amounts of selfing. As expected, the genetic diversity grows with increasing population size up to a plateau.

The results are discussed in relation to the minimum requirements for the approval of seed stands in the category “Selected”. We propose an update of the national regularities for forest reproductive materials. A minimum population size of 100 adult trees is recommended for all stand-forming and wind-pollinated tree species.

Keywords: Forest reproductive material, minimum requirements, *Pseudotsuga menziesii*, microsatellite markers, parentage analysis

Einleitung und Zielstellung

Die Douglasie (*Pseudotsuga menziesii*) gehört zur Vielzahl der bestandesbildenden Koniferenarten, die im natürlichen Verbreitungsgebiet im Westen Nordamerikas sowohl in Mischung mit anderen Baumarten als auch in Reinbeständen vorkommt.

Die Bestäubungsverhältnisse in natürlichen Douglasienpopulationen wurden in den 1980er Jahren mit Isoenzymmarkern erstmals untersucht, wobei sich Fremdbefruchtungsraten zwischen 86 und 100 % ergaben (EL-KASSABY 1981, NEALE und ADAMS 1985). Selbstbestäubung ist relativ selten, sie kann aber in Samenplantagen, deren Klone mit mehreren Kopien vorhanden sind, bei einzelnen Klonen auf 21 – 44 % ansteigen (SHAW und ALLARD 1982). Nachkommen aus Selbstbestäubung weisen eine deutliche Inzuchtdepression auf. Diese zeigt sich durch geringere Überlebensraten und ein um 29 % geringes Höhenwachstum im Alter 10 im Vergleich zu Nachkommenschaften aus Fremdbefruchtung (SORENSEN und MILES 1982). Selbstbestäubung führt ebenfalls zu einem erhöhten Hohlkornanteil im Saatgut. Die Inzuchtrate, deren verschiedene Levels durch Kreuzungskombinationen hergestellt wurden, korrelierte bei Douglasie streng negativ mit der Anzahl Vollkörner je Zapfen (WOODS und HEAMAN 1989).

Die Einführung der Douglasie nach Europa seit dem 19. Jahrhundert hat in Deutschland zu vielen sehr kleinen und vergleichsweise wenigen größeren Beständen geführt (KOWNATZKI et al. 2011). Viele Douglasienbestände im reproduktiven Alter bringen Naturverjüngungen hervor und werden zur Saatgutgewinnung beerntet. Als Beispiele für Bestandesgrößen seien die Bundesländer Brandenburg und Rheinland-Pfalz genannt, wo 51 % bzw. 44 % der Flächen von zugelassenen Beerntungseinheiten bei Douglasie kleiner als 1 ha sind. Die Populationsgröße (Bestandesfläche und Individuenzahl) und das Vorkommen als Rein- oder Mischbestand sowie die genetische Struktur des Elternbestandes selbst können sich erheblich auf die genetische Struktur des Saatguts und damit auf die Qualität auswirken.

Das in Deutschland überwiegende Vorkommen der Douglasie in kleinen Populationen oder in Mischungen mit anderen Baumarten mit geringerem Mischungsanteil wird als problematisch angesehen. Einerseits kann bei zu geringer Populationsgröße die Anzahl synchron blühender Individuen zu niedrig sein, andererseits kann bei zu kleinem Anteil in Mischbeständen eine freie Bestäubung untereinander durch individuelle räumliche Isolation eingeschränkt sein. In beiden Fällen kann eine Grenze unterschritten werden, bei der ein zu hoher Anteil an Selbstbestäubung auftritt. Der generelle Mangel an Pollen wird neben Selbstbestäubung auch als eine wesentliche Ursache der Entstehung von Hohlkörnern angesehen (KNIGHT et al. 2005).

Der Einsatz von hochvariablen Mikrosatellitenmarkern erlaubt inzwischen weitaus detailliertere Untersuchungen zu Bestäubungsverhältnissen in Beständen und Samenplantagen von Koniferen, als es mit der Methode der Isoenzymanalyse möglich war. Das haben z. B. Untersuchungen an Populationen von *Pinus densiflora* (LIAN et al. 2001), *Thuja plicata* (O'CONNELL et al. 2004) und *Larix occidentalis* (FUNDA et al. 2008) sowie an Douglasien-Samenplantagen (SLAVOV et al. 2005a, EL-KASSABY et al. 2010) gezeigt. Bei einigen Koniferenarten wurden relativ große Inzuchtraten in kleinen Populationen festgestellt, wie bei *Pinus sylvestris* 25 % (ROBLEDO-ARNUNCIO et al. 2004), *Picea sitchensis* 9 – 35 % (MIMURA und AITKEN 2007) und *Abies fraseri* 22 % (POTTER et al. 2008).

Höhere Inzuchtanteile von 21 % wurden im Saatgut bei *Larix occidentalis* (EL-KASSABY und JAQUISH 1996) und ein höherer Hohlkornanteil bei *Picea jezoensis* (TOMITA et al. 2008) gefunden, wenn die entsprechende Baumart nur mit einem geringen Mischungsanteil im Bestand vorkam. Eine geringere Vitalität von Sämlingen aus Beständen geringer Dichte beobachteten ARISTA und TALAVERA (1996) bei *Abies pinsapo*. Generell konstatieren MIMURA und AITKEN (2007) für windbestäubende Arten, dass die Selbstbefruchtungsrate negativ mit der Populationsgröße und -dichte korreliert ist.

Neben den Untersuchungen von Douglasienpopulationen im natürlichen Verbreitungsgebiet gibt es zahlreiche Untersuchungen zu Bestäubungsverhältnissen in amerikanischen und kanadischen Samenplantagen (SLAVOV et al. 2005a, LAI 2009, EL-KASSABY et al. 2010). In europäischen Beständen wurden

dagegen nur wenige Untersuchungen durchgeführt. Der Schwerpunkt deutscher Arbeiten lag bisher auf der genetischen Charakterisierung und Unterscheidung der Küsten- und Inlandsvarietät mit Isoenzymmarkern, die auf eine Arbeit von LI und ADAMS (1989) zurückgeht (HOFFMANN und GEBUREK 1995, LEINEMANN 1996, KLUMPP 1999, KONNERT und RUETZ 2006). Beim Vergleich von Douglasien-Altbeständen und ihrem Saatgut in Frankreich wurden keine wesentlichen Änderungen bei den Allelfrequenzen an Isoenzymgenorten festgestellt, jedoch stieg der Anteil an Homozygoten an, was auf Paarung zwischen Verwandten zurückgeführt wurde (PRAT und ARNAL 1994). Im Saatgut von Douglasienbeständen in der Schweiz wurde ein höherer Inzuchtanteil von 14 – 32 % im Vergleich zu Saatgut aus dem natürlichen Verbreitungsgebiet ermittelt (STAUFFER und ADAMS 1993).

Einen höheren Hohlkornanteil und geringe Keimfähigkeit bei Saatgut aus bayrischen Beständen im Vergleich zu Import-Saatgut aus den USA wurden von KONNERT und RUETZ (2006) beobachtet, was ebenfalls auf erhöhte Inzuchtanteile hinweisen kann.

Es fehlen bisher jedoch detaillierte Daten zu den Bestäubungsverhältnissen sowie zu Fremdbefruchtungs- oder Inzuchtraten in kleineren Populationen, wie sie für diese nichtheimische Baumart in Deutschland typisch sind. Diese Studie soll diese Lücke schließen und aus gut fundierten Analysen Schlussfolgerungen für die praktische Umsetzung in der Saatgutgewinnung in Deutschland sowie zur Aktualisierung der Regularien im Zusammenhang mit dem Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) ableiten. Ziel ist letztendlich die Gewinnung von Saatgut, das für künftige Waldgenerationen besser geeignet ist als das derzeit verfügbare.

Material und Methoden

Charakterisierung der ausgewählten Douglasienpopulationen

Zur populationsgenetischen Analyse des Reproduktionsverhaltens wurden Saatguterntebestände unterschiedlicher Größe (alle der Küstenvarietät zugehörig, *Pseudotsuga menziesii* var. *menziesii*, sog. grüne Douglasie), und Samenplantagen (ebenfalls grüne Douglasie) ausgewählt, wobei die Verfügbarkeit von Saatgut, möglichst aus einzelbaumweiser Beerntung, gewünscht war. Ersatzweise wurden auch Saatgut von Rückstellproben oder Jungpflanzen analysiert, um in jedem Fall Elternschaftsanalysen mit zwei beprobten Generationen durchführen zu können. Bei allen Beständen wurden die Durchmesser der Altbäume ermittelt sowie mit einem LaserAce 1000 Entfernungsmesser ihre räumlichen Positionen über die Messung von Winkel und Entfernung zueinander. Die räumliche Verteilung wird benötigt, um später Bestäubungsdistanzen berechnen zu können. Die Tabelle 1 fasst die wichtigsten Parameter zu den zur Analyse ausgewählten Beständen zusammen.

Drebkau: Saatguterntebestand, 2008 zugelassen in der Kategorie "Ausgewählt", kleinster untersuchter Bestand, der gerade die Mindestanforderungen erfüllt, Mischung mit Kiefer und Fichte, isolierte Lage, aber eine kleine Gruppe von 8 Douglasien befindet sich in ca. 350-400 m Entfernung, Rückstellproben aus den Ernten von 2013 und 2014 waren vorhanden, einzelbaumweise Ernte für Versuchszwecke von 14 Bäumen wurde 2015 durchgeführt

Morschen: Saatguterntebestand, 2006 zugelassen in der Kategorie "Geprüft", nur noch 78 Bäume nach Windwurf, isolierter Bestand, Mischung mit Buche und Fichte, einzelbaumweise Saatgutproben von 24 Mutterbäumen während der kommerziellen Ernte 2016

Romrod: Saatguterntebestand, 2006 zugelassen in der Kategorie "Geprüft", isolierter Bestand, Mischung mit Buche, einzelbaumweise Saatgutproben von 34 Mutterbäumen während der kommerziellen Ernte 2016

Chorin: Saatguterntebestand, 1991 zugelassen in der Kategorie "Ausgewählt", größter untersuchter Bestand mit ca. 500 Bäumen, gemischt mit Kiefer und tlw. Buche, Rückstellprobe aus der Ernte von 2013

war vorhanden, wobei 28 Bäume am südlichen Rand des Bestands beerntet wurden, deshalb wurde die südliche Hälfte des Bestands beprobt

Voigtsdorf: Samenplantage, zugelassen in der Kategorie "Qualifiziert", mit Klonen der Herkunft Humtulips, 85 Bäume beprobt, die zu 16 Klonen gehören, da Saatgut nicht zur Verfügung stand, wurden Proben von Jungpflanzen aus einer Aufforstung im Revier Siedenbollentin verwendet

Niederfinow: Samenplantage, 1991 zugelassen in der Kategorie "Qualifiziert", 37 Klone selektiert aus dem Revier Kiekindemark (Herkunft Humtulips), ursprünglich 365 Pflanzpflanzen auf 2,2 ha, einzelbaumweise Ernte von 30 Bäumen im Jahr 2014

Tabelle 1: Übersicht zu analysierten Douglasienbeständen und Samenplantagen

Art des Bestands	Population (Land)	Größe [ha]	Anzahl Eltern	Dichte	Ca. Alter (Jahre)	Mittl. BHD (cm)	Anzahl Nachkommen
Kleine Erntebestände	Drebkau (BB)	0,3	42	140/ha	82	45 (20-70)	283 Samen (172 aus Rückstellproben + 111 einzelbaumweise)
	Morschen (HE)	0,7	78	111/ha	88	61 (26-89)	240 Samen einzelbaumweise
Große Erntebestände	Romrod (HE)	0,6	169	281/ha	80	49 (17-80)	310 Samen einzelbaumweise
	Chorin (BB)	3,5	253	72/ha	80	48 (17-71)	234 Samen aus Rückstellprobe
Samenplantagen	Niederfinow (BB)	2,2	37 Klone		28		277 Samen einzelbaumweise
	Voigtsdorf (MV)	1,0	16 Klone, 85 Bäume		52		< 50 Jungpflanzen

Methoden zur Genotypisierung und Datenauswertung

Während der Präparation der Embryonen aus dem Saatgut (sowohl einzelbaumweise geerntet als auch bei Mischproben) wurde die Anzahl der vollen und hohlen Körner dokumentiert.

Die DNA-Extraktion aus Nadelproben sowie aus dem präparierten Embryo bei Saatgut erfolgte nach einem modifizierten ATMAP-Protokoll (DUMOLIN et al. 1995). Zur genetischen Charakterisierung der Elternbestände und des Saatguts wurden nukleare Mikrosatelliten eingesetzt, die sich zur Untersuchung von Bestäubungsverhältnissen bei vielen Arten bewährt haben. Für Douglasie standen solche Marker zur Verfügung (SLAVOV et al. 2004, SLAVOV et al. 2005b, KRUTOVSKY et al. 2009). Neun der 22 von SLAVOV et al. (2004) publizierten Mikrosatelliten-Marker konnten erfolgreich in zwei Multiplex-Sets mit sechs und drei Markern etabliert werden. Methodische Details wurden bereits publiziert (WOJACKI et al. 2019).

Nach der Erstellung von Genotypentabellen mit allen analysierten Individuen der Eltern- und Nachkommengeneration der untersuchten Bestände wurden mit Hilfe verschiedener Softwarepakete die benötigten Parameter berechnet (Tabelle 2).

Tabelle 2: Verwendete Software zur Auswertung populationsgenetischer Daten

Ziel	Benutzte Software	Literatur
Beurteilung der Markerqualität	CERVUS	KALINOWSKI et al. (2007)
Elternschaftsanalysen	COLONY	WANG (2004), WANG und SANTURE (2009), JONES und WANG (2010), WANG (2013)
Parameter zur Charakterisierung der genetischen Diversität	GenAlex, COLONY	PEAKALL und SMOUSE (2012)
Abstammungsdiagramme	Pedigree Viewer	KINGHORN und KINGHORN (2015)

Ergebnisse

Beurteilung der Markerqualität

Bei den im Jahr 2004 von Slavov entwickelten Mikrosatellitenmarkern für die Douglasie handelt es sich um „Marker der 1. Generation“, die sich zwar durch eine große Anzahl von Allelen auszeichnen, aber auch große Fragmentlängenbereiche besitzen. Dadurch sind sie grundsätzlich weniger multiplexgeeignet und anfällig für Alleldropouts im langen Fragmentbereich. Wie sich zudem herausgestellt hat, besitzen viele dieser Marker zahlreiche out-of-ladder-Allele und teilweise ausgeprägte Stotterbanden, was eine korrekte Allelidentifizierung erschwert.

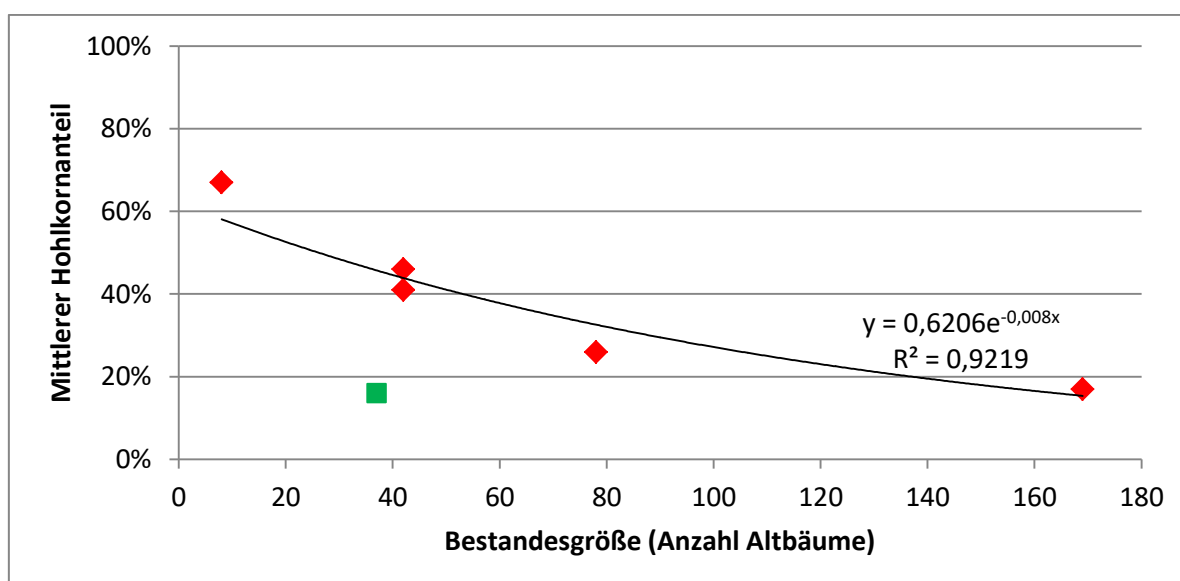
Die hohe Variabilität der verwendeten Markerkombination und ihre sehr gute Eignung für Elternschaftsanalysen zeigt sich in den berechneten Ausschlusswahrscheinlichkeiten bei der Identifizierung von Elternpaaren in vier analysierten Douglasienerntebeständen, die zwischen $1,8 * 10^{-11}$ und $9,6 * 10^{-14}$ liegen. Die ermittelten geringen Fehlerraten zwischen 0,018 und 0,031 basierend auf den Elternschaftsanalysen zeigen, dass eine Auswertung auch schwieriger Marker zuverlässig möglich ist.

Saatgutqualität

In Tabelle 3 werden die mittleren Hohlkornanteile der einzelnen analysierten Saatgutpartien dargestellt. Die Abbildung 1 zeigt die Abhängigkeit des mittleren Hohlkornanteils in nicht gereinigten Saatgutproben in Abhängigkeit von der Populationsgröße der Elterngeneration. Bei zunehmender Populationsgröße sinkt der Hohlkornanteil im Saatgut deutlich ab. Der Zusammenhang zur Selbstungsrate und zum insgesamt vorhandenen Pollen und seiner Durchmischung wird später dargestellt. Abweichend mit einem deutlich unter der Kurve liegenden Hohlkornanteil liegt die Saatgutprobe aus der Samenplantage Niederfinow.

Tabelle 3: Hohlkornanteil von nicht gereinigten Saatgutproben

Population	Ernte-jahr	Anzahl beernteter Eltern	Anzahl präparierte Samen	Mittl. Hohlkorn-anteil	Anmerkung
Drebkau (BB)	2014		185	46 %	Rückstellprobe
Drebkau (BB)	2015	14	263	41 % (0-100)	Einzelbaumweise
Drebkau (BB)	2015	8	179	67 % (17-100)	Kleine Gruppe ca. 350-400 entfernt vom Erntebestand
Morschen (HE)	2016	24	736	26 % (0-97)	Einzelbaumweise
Romrod (HE)	2016	34	528	17 % (0-97)	Einzelbaumweise
SP Niederfinow (BB)	2014	32	435	16 % (0-52)	Einzelbaumweise

**Abbildung 1:** Mittlerer Hohlkornanteil in nicht gereinigten Saatgutproben von Douglasienpopulationen unterschiedlicher Größe (rot: Saatguterntebestände und beerntete kleine Gruppe, grün: Samenplantage mit 37 Klonen)

Genetische Diversität in der Eltern- und Nachkommengeneration

Die Tabelle 4 gibt einen Überblick über einige Parameter der genetischen Diversität als Mittelwerte über die 9 untersuchten Mikrosatellitenmarker.

Es wird deutlich, dass bei allen vier Saatguterntebeständen ein Verlust an genetischer Diversität im Saatgut im Vergleich zur Elterngeneration zu verzeichnen ist, wenn die mittlere oder die effektive Anzahl der Allele betrachtet wird. Die beobachtete und erwartete Heterozygotie bleiben als Charakteristikum der verwendeten Marker über die beiden analysierten Generationen hinweg weitgehend konstant. Eine Ausnahme bildet hier der kleinste Erntebestand Drebkau, bei dem durch einen hohen Selbstungsanteil im Saatgut (s. u.) die beobachtete Heterozygotie ebenfalls abnimmt.

Bei Saatgut aus der Samenplantage Niederfinow dagegen ist keine Abnahme bei der Anzahl der Allele und nur ein leichter Rückgang bei der effektiven Allelzahl zu verzeichnen. Für die Samenplantage Voigtsdorf stand nur die sehr begrenzte Anzahl von weniger als 50 Individuen aus der Nachkommengeneration zur Verfügung. Auf eine Kalkulation populationsgenetischer Parameter wurde deshalb verzichtet.

Tabelle 4: Mittelwerte populationsgenetischer Parameter der Eltern bzw. Nachkommen von 5 Populationen für 9 Marker. N= Probenanzahl, A= Anzahl verschiedener Allele, Ae= Anzahl effektiver Allele, Ho= beobachtete Heterozygotie, He= erwartete Heterozygotie.

	Population	Generation	Populationsgenetische Parameter				
			N	A	Ae	Ho	He
Bestände unterschiedlicher Größe	Drebkau	Eltern	42	26,1	16,2	0,69	0,93
		Nachkommen	283	23,3	9,8	0,61	0,89
	Morschen	Eltern	78	33,3	16,8	0,69	0,93
		Nachkommen	240	31,7	14,2	0,70	0,92
	Romrod	Eltern	169	39,8	15,2	0,67	0,93
		Nachkommen	310	30,1	12,6	0,68	0,92
	Chorin	Eltern	253	39,7	16,8	0,63	0,93
		Nachkommen	234	30,1	12,4	0,63	0,91
Samenplantage	Niederfinow	Eltern	37	23,2	13,5	0,65	0,92
		Nachkommen	277	24,7	11,9	0,66	0,91

Ergebnisse der Elternschaftsanalysen

Von vier unterschiedlich großen Saatguterntebeständen und zwei Samenplantagen wurden jeweils die Eltern- und die Nachkommengeneration genotypisiert, um Elternschaftsanalysen zur Rekonstruktion der Bestäubungsverhältnisse durchzuführen. Dabei wurde die Software COLONY eingesetzt, die sich als am leistungsfähigsten erwiesen hat, wenn es um die Berücksichtigung von Nullallelen und evtl. Genotypisierungsfehlern handelt. Bei der Wiederholung der Analysen mit verschiedenen random seeds zeigte sich eine gute Übereinstimmung der Ergebnisse und damit eine zuverlässige Datenanalyse, die auf ausreichend großen Stichproben und ausreichender Markervariabilität beruht.

Im Ergebnis der Elternschaftsanalyse (Tabelle 5) kann festgestellt werden, dass der Selbstungsanteil im Saatgut mit steigender Bestandesgröße von 13 % auf 1 % abnimmt. Bei den weitgehend isolierten Beständen Drebkau, Morschen und Romrod beträgt der Anteil an Fremdpollen an der Betäubung zwischen 11 und 18 %. Die 8 beprobten Bäume der kleinen Gruppe in der Nähe des Bestandes Drebkau haben nicht zur Bestäubung beigetragen. Bei der Population Chorin wurden 31 % „Fremdpollen“ ermittelt, wobei dieser Pollen wahrscheinlich größtenteils aus der nördlichen, nicht beprobten Hälfte des Bestandes stammt.

Bei der Elternschaftsanalyse des Saatguts aus der Plantage Niederfinow zeigt sich ein weitgehend mit den Erwartungen übereinstimmendes Ergebnis, wobei der überwiegende Teil der Nachkommen aus Bestäubungen innerhalb der Plantage stammt und der Selbstungsanteil sehr gering ist (Tabelle 5).

Tabelle 5: Ergebnisse der Elternschaftsanalysen von vier Douglasien-Saatguterntebeständen unterschiedlicher Größe und einer Samenplantage

Population	Drebkau	Morschen	Romrod	Chorin	SP Niederfinow
Anzahl Eltern/Klone	42	78	169	253	37
Anzahl analysierter Nachkommen	283	240	310	234	286
Nachkommen mit zugeordnetem Elternpaar $p > 0,95$	273 (96,6 %)	237 (98,8 %)	303 (97,6 %)	216 (92,3 %)	280 (97,9 %)
Fremdbestäubte Nachkommen, beide Eltern im Bestand	215 (76,1 %)	201 (83,9 %)	238 (76,9 %)	158 (67,5 %)	193 (67,5 %)
Fremdbestäubte Nachkommen, Pollen von außerhalb des Bestands	32 (11,3 %)	27 (11,3 %)	55 (17,7 %)	73 (31,2 %)	79 (27,7 %)
Nachkommen aus Selbstung	36 (12,7 %)	12 (5,0 %)	17 (5,6 %)	3 (1,3 %)	5 (1,8 %)
Anzahl reproduktiv erfolgreicher Eltern im Bestand	27	52	80	83	32
Geschätzte Anzahl Bestäuber von außerhalb des Bestands	4	18	22	26	11
Bestäubungsdistanz (Median), ohne Selbstungen	17,3 m	25,6 m	13,0 m	29,3 m	-

Die Mediane der Bestäubungsdistanzen für die vier analysierten Saatguterntebestände liegen zwischen 13 und 30 Metern. Je nach Bestand stammen 54 – 90 % der Pollenbeiträge aus einem Umkreis von 50 m um den Mutterbaum (Selbstungen sind hier nicht berücksichtigt). Die Mediane der Bestäubungsdistanzen (kein Mittelwerte wegen leptokurtischer Verteilung) verhalten sich umgekehrt proportional zur Bestandesdichte mit einem Korrelationskoeffizienten von $r = -0,9$. In dichten Beständen sind die Bestäubungsdistanzen deutlich kleiner als in aufgelockerten oder mit Mischbaumarten durchsetzten Beständen. Bestäubungen finden überwiegend von benachbarten Pollenspendern statt, mehr oder weniger unabhängig davon, wie weit diese durchschnittlich entfernt sind. Zu große Entfernungen jedoch führen zur relativen Isolation, und damit sind erhöhte Selbstungsanteile zu erwarten.

Eine graphische Darstellung der Ergebnisse von Elternschaftsanalysen als Abstammungsdiagramm wird in Abbildung 2 gezeigt. Dabei befinden sich in der oberen Zeile die Bäume der Elterngeneration und in der unteren Zeile die untersuchten Nachkommen. Jeder Nachkomme ist durch 2 Linien mit der

Elterngeneration verbunden. Eine rote Linie steht für die mütterliche Abstammung und eine blaue Linie für die väterliche (sichere Unterscheidung der Geschlechter nur bei bekannter Mutter bei einzelbaumweiser Beerntung). Eine grüne Linie symbolisiert Selbstung. Es wird deutlich, dass für das Beispiel des Bestandes Drebkau wenige Elternbäume sehr große Anteile zur Nachkommenschaft beitragen, während die Mehrzahl der Elternbäume genetisch nur wenig in der Nachkommenschaft repräsentiert ist. Besonders hervorzuheben ist der große Anteil des Baums A1 an der Nachkommenschaft (Abb.3). Dieser Baum hat den größten Durchmesser (67 cm) aller Douglasien dieses Bestandes und die größte Krone. Bei der einzelbaumweisen Beerntung zeigte er einen Hohlkornanteil von 47 % und in den insgesamt analysierten Vollkörnern eine Selbstungsrate von 30 %. Offensichtlich hat dieser Baum in den untersuchten Samenjahren eine so starke Pollenwolke ausgebildet, dass andere Bestäuber wenig konkurrenzfähig waren.

Bei den anderen drei untersuchten Beständen sind die genetischen Beiträge der Einzelbäume zur Nachkommenschaft mit zunehmender Bestandesgröße ausgewogener, und sowohl Hohlkornanteil als auch Selbstungsrate nehmen deutlich ab.

Das Abstammungsdiagramm (Abbildung 4) der analysierten Nachkommen der Samenplantage Niederfinow zeigt, dass im einzelklonweise geernteten Saatgut einheitlich große weibliche Beiträge vorliegen, jedoch deutlich unterschiedlich große Pollenbeiträge der Elternklone zu verzeichnen sind.

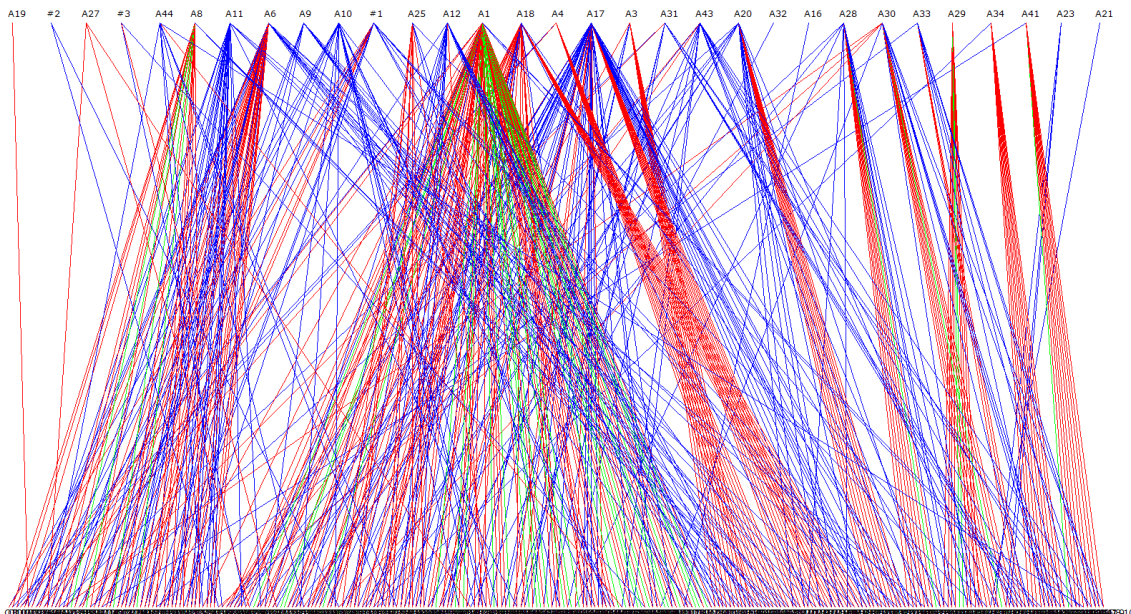


Abbildung 2: Abstammungsdiagramm im Saatguterntebestand Drebkau: Abstammung der meisten Samen von nur sehr wenigen Eltern

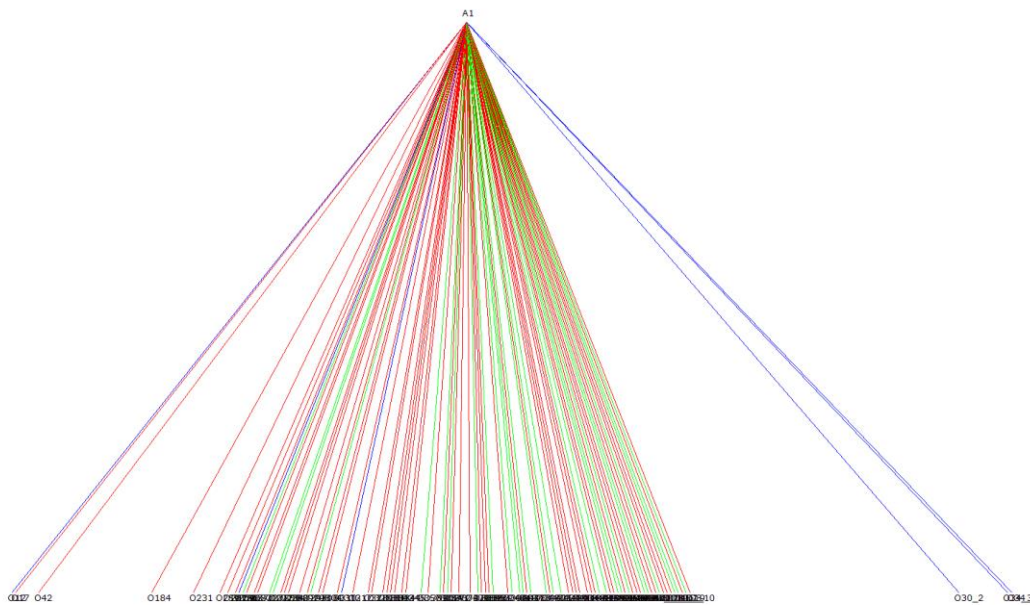


Abbildung 3: Abstammungsdiagramm im Saatguterntebestand Drebkau: Ausschnitt der Nachkommenschaft von Baum A1

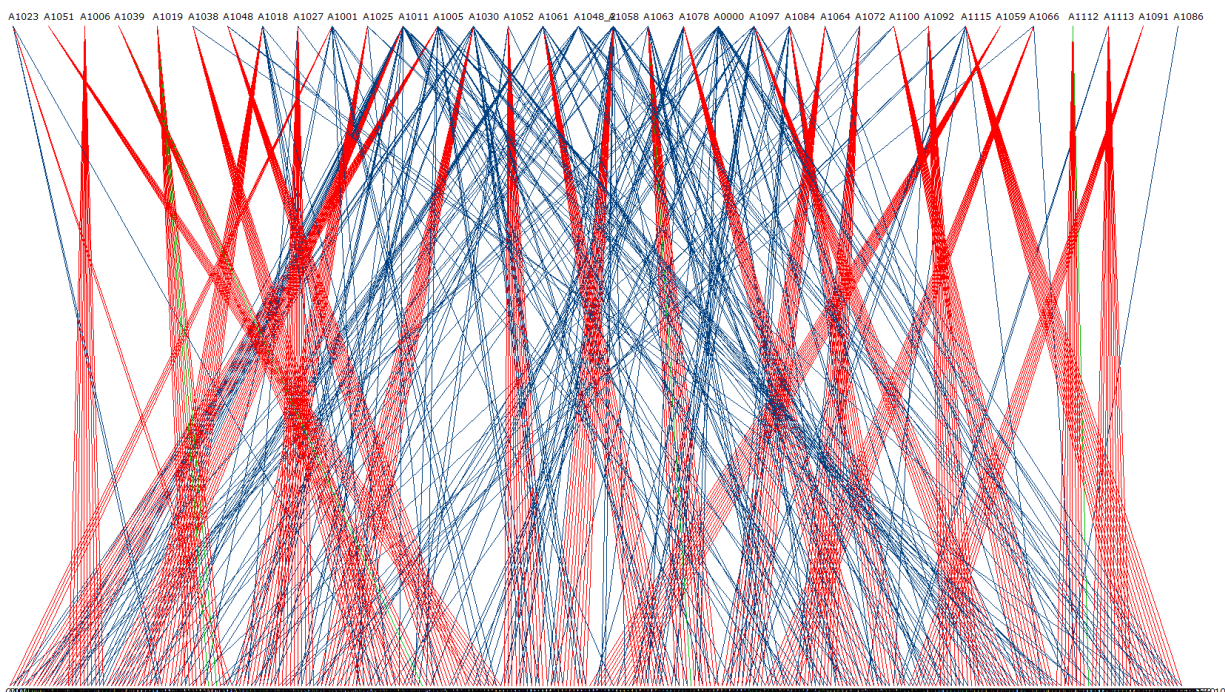


Abbildung 4: Abstammungsdiagramm der Samenpflanzung Niederfinow: einzelklonweise geerntetes Saatgut zeigt einheitlich große weibliche Beiträge im Saatgut, jedoch deutlich unterschiedlich große Pollenbeiträge der Elternklone

Schlussfolgerungen

Die Anzahl der Elternbäume, die genetisch zur Nachkommenschaft beiträgt und die mehr oder weniger ausgewogenen Anteile dieser einzelnen Eltern haben einen großen Einfluss auf die genetische Diversität in

der Nachkommenschaft. Die in der Populationsgenetik üblichen Mittelwerte von Parametern, die über die einzelnen Marker hinweg berechnet werden (Tabelle 4) können hier nur einen Teil der Informationen liefern.

Die Abbildung 5 fasst alle ermittelten Parameter zusammen und bezieht zusätzlich die sog. effektive Populationsgröße mit ein. Auf der x-Achse ist die Anzahl der Bäume des Elternbestands dargestellt, die hier die Werte 42, 78, 169 und 253 für die vier untersuchten Bestände annimmt. Auf der y-Achse sind die Parameter der jeweiligen Nachkommenschaften aufgetragen. In rot dargestellt sind Qualitätseigenschaften des Saatguts als Vollkornanteil und als Fremdbefruchtungsanteil. Sie nehmen mit steigender Größe des Elternbestands zu. Mit blauen Symbolen werden die Mittelwerte der populationsgenetischen Parameter verdeutlicht, die nur vom kleinsten Bestand mit 42 Bäumen zum nächsten mit 78 Bäumen zunehmen und dann ein Plateau erreicht haben. Die effektiven Populationsgrößen (schwarze Symbole) im Saatgut berücksichtigen die Verwandtschaftsbeziehungen der Nachkommenschaftsindividuen untereinander. Je weniger Eltern zum Saatgut beitragen und je ungleichmäßiger deren Anteile verteilt sind, desto enger ist die Verwandtschaft und damit sinkt die effektive Populationsgröße. Dieser Parameter ist zusätzlich zu den Mittelwerten wie Anzahl der Allele oder Heterozygotie zu betrachten und erreicht ein Plateau erst beim dritten Bestand mit 169 Altbäumen.

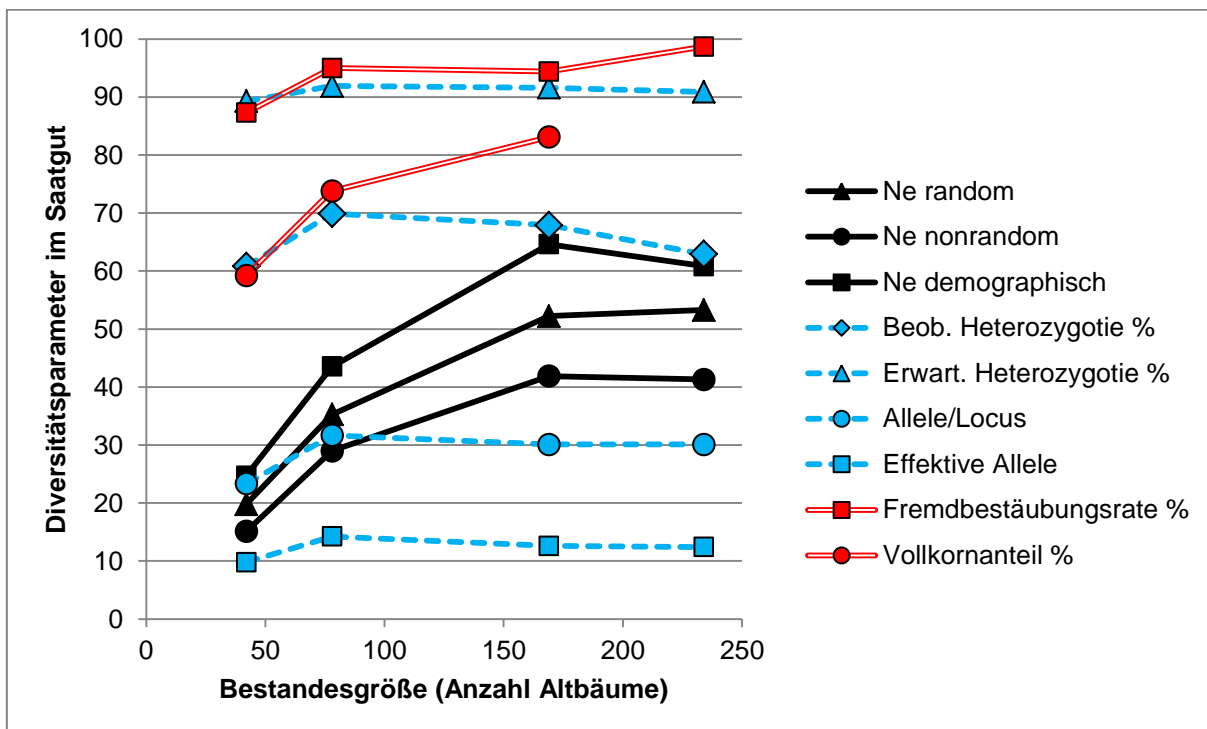


Abbildung 5: Zusammenfassende Darstellung der Saatguteigenschaften (y-Achse) in Abhängigkeit von der Größe des Elternbestands (x-Achse) bei vier untersuchten Douglasiensbeständen, detaillierte Erklärungen im Text

Die bisher vorliegenden Daten zu Elternschaftsanalysen in Douglasiensamenplantagen sind noch zu lückenhaft, um schon gut fundierte Schlussfolgerungen für die Anlage zukünftiger Plantagen abzuleiten. Weitere Untersuchungen sind durchgeführt worden und werden derzeit noch ausgewertet.

Als vorläufiges Ergebnis kann festgestellt werden, dass trotz geringer Klonzahl (kleiner als beim kleinsten untersuchten Erntebestand) insgesamt eine größere Pollenproduktion stattfindet und durch die wiederholte und randomisierte Anordnung der Klone auf der Fläche eine viel bessere Durchmischung

stattfindet. Zu große lokale Pollenwolken eines einzigen Klons werden so eher vermieden und damit sinkt auch die Wahrscheinlichkeit der Selbstbestäubung.

Mit einer relativ gleichmäßigen Beerntung aller Plantagenklone kann eine gut ausgewogene Verteilung der mütterlichen genetischen Beiträge angestrebt werden. Die Pollenbeiträge variieren erwartungsgemäß stärker.

Empfehlungen zur Aktualisierung der Anforderungen für die Zulassung von Saatguterntebeständen in Deutschland

Aus dem Vergleich und der Bewertung der Analyseergebnisse von unterschiedlich großen Saatguterntebeständen und Samenplantagen lassen sich folgende wesentliche Empfehlungen ableiten:

Zugelassene Saatguterntebestände der Douglasie sollen aus mindestens 100 Altbäumen bestehen.

- Die Saatgutqualität (Vollkornanteil, Fremdbefruchtungsanteil) nimmt mit steigender Bestandesgröße zu.
- Die ermittelten Parameter der genetischen Diversität nehmen ebenfalls mit steigender Bestandesgröße zu, wobei ein Plateau erst bei Beständen mit deutlich mehr als 100 Altbäumen erreicht wird.
- Die Mindestzahl von 100 reproduktionsfähigen Bäumen zur Zulassung als Erntebestand wäre ein Kompromiss aus dem Vorteil, den in Deutschland produziertes Saatgut bieten könnte, welches wahrscheinlich schon einen gewissen Anpassungsprozess durchlaufen hat, und einem Mindestmaß an Qualität und genetischer Diversität, um ein Anpassungspotential zu erhalten. Diese Mindestzahl als Zulassungskriterium ist aus populationsgenetischer Sicht **generell für bestandesbildende und windbestäubte Baumarten** zu empfehlen. Bei einheimischen Baumarten dürfte das Erreichen dieser Mindestzahl kein Problem darstellen, bei anderen fremdländischen Baumarten wäre dieses aber ebenso zu berücksichtigen.

Zugelassene Douglasien-Saatguterntebestände sollen eine wirkliche Bestäubungseinheit bilden, d. h. sie dürfen nicht fragmentiert sein.

- Die ermittelten Bestäubungsdistanzen zeigen, dass der überwiegende Anteil des bestäubenden Pollens aus unmittelbarer Nähe kommt und dass die Anteile an Bestäubungen von außerhalb des Bestands (fremdländische Baumart mit ca. 2 % Waldanteil) relativ gering sind. Im Mittel kommen 75 % des Pollens aus einem Umkreis von 50 m um den Mutterbaum.
- Die Zusammenfassung von bis zu 200 m voneinander getrennten Populationen, die allein nicht die Zulassungskriterien erfüllen würden, zu einer Ernteeinheit ist nicht zu empfehlen.

Bei Samenplantagen, die aus selektierten Klonen bestehen und die in mehrfacher Wiederholung auf größerer Fläche angepflanzt sind, gelten andere Kriterien als bei Erntebeständen.

- Die Mindestzahl kann hier deutlich geringer sein als 100 Klone, da hier insgesamt größere Pollenmengen produziert werden und durch die randomisierte Anordnung auf der Fläche eine viel bessere Durchmischung stattfindet. Bei der Beerntung soll auf eine ausgewogene Beerntung aller Plantagenklone geachtet werden.

Danksagung

Die Autoren bedanken sich ganz herzlich beim Waldklimafonds für die Förderung der Verbundprojekte "FitForClim" und "AdaptForClim", bei Frau Diana Ahnert und Herrn Falk Schäfer aus dem Thünen-Institut für Forstgenetik in Waldsiedersdorf für die exzellente Laborarbeit zur Genotypisierung bzw. für die Unterstützung bei der Feldarbeit, bei

Frau Dagmar Schneck von der Landesstelle Forstliches Vermehrungsgut in Waldsiefersdorf für die Bereitstellung von Untersuchungsmaterial sowie bei allen beteiligten Forstämtern und Waldbesitzern für die Zusammenarbeit auf den jeweiligen Flächen und Unterstützung bei der Probenahme.

Literatur

- ARISTA M, TALAVERA S (1996) Density effect on the fruit-set, seed crop viability and seedling vigour of *Abies pinsapo*. *Annals of Botany* 77: 187-192
- DUMOLIN S, DEMESURE B, PETIT RJ (1995) Inheritance of chloroplast and mitochondrial genomes in pedunculate oak investigated with an efficient PCR method. *TAG Theoretical and Applied Genetics* 91 (8): 1253-1256
- EL-KASSABY YA (1981) Estimation of the outcrossing rate of Douglas-fir [*Pseudotsuga menziesii* (Mirb.) Franco] using allozyme polymorphisms. *Silvae Genetica* 30 (6): 182-184
- EL-KASSABY YA, FUNDA T, LAI BSK (2010) Female Reproductive Success Variation in a *Pseudotsuga menziesii* Seed Orchard as Revealed by Pedigree Reconstruction from a Bulk Seed Collection. *Journal of Heredity* 101 (2): 164-168
- EL-KASSABY YA, JAQUISH B (1996) Population Density and Mating Pattern in Western Larch. *Journal of Heredity* 87 (6): 438-443
- FUNDA T, CHEN CC, LIEWLAKSANEYANAWIN C, KENAWY AMA, EL-KASSABY YA (2008) Pedigree and mating system analyses in a western larch (*Larix occidentalis* Nutt.) experimental population. *Annals of Forest Science* 65 (7): 705
- HOFFMANN C, GEBUREK T (1995) Allozyme variation of indigenous Douglas-fir [*Pseudotsuga menziesii* (MIRB.) FRANCO] populations and their descendants in Germany. *Silvae Genetica* 44 (5-6): 222-225
- JONES OR, WANG J (2010) COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. *Molecular Ecology Resources* 10 (3): 551-555
- KALINOWSKI ST, TAPER ML, MARSHALL TC (2007) Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology* 16 (5): 1099-1106
- KLUMPP RT (1999) Untersuchungen zur Genökologie der Douglasie (*Pseudotsuga menziesii* [Mirb.] Franco). 1-242 p Göttingen, Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie der Georg-August-Universität
- KNIGHT TM, STEETS JA, VAMOSI JC, MAZER SJ, BURD M, CAMPBELL DR, DUDASH MR, JOHNSTON MO, MITCHELL RJ, ASHMAN T-L (2005) Pollen limitation of plant reproduction: Pattern and Process. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 36 (1): 467-497
- KONNERT M, RUETZ W (2006) Genetic aspects of artificial regeneration of Douglas-fir (*Pseudotsuga menziesii*) in Bavaria. *European Journal of Forest Research* 125 (3): 261-270
- KOWNATZKI D, KRIEBITZSCH W-U, BOLTE A, LIESEBACH H, SCHMITT U, ELSASSER P (2011) Zum Douglasienanbau in Deutschland - Ökologische, waldbauliche, genetische und holzbiologische Gesichtspunkte des Douglasienanbaus in Deutschland und den angrenzenden Staaten aus naturwissenschaftlicher und gesellschaftspolitischer Sicht. Braunschweig: Johann Heinrich von Thünen-Institut, Bundesforschungsinstitut für Ländliche Räume, Wald und Fischerei, Bundesallee 50, D-38116 Braunschweig, Germany, 67 p, Landbauforschung - vTI Agriculture and Forestry Research
- KRUTOVSKY KV, ST.CLAIR J, SAICH R, HIPKINS VD, NEALE DB (2009) Estimation of population structure in coastal Douglas-fir [*Pseudotsuga menziesii* (Mirb.) Franco var. *menziesii*] using allozyme and microsatellite markers. *Tree Genetics & Genomes* 5 (4): 641-658
- LAI BSK (2009) Pollination dynamic in an advanced generation Douglas-fir seed orchard. Vancouver: The University of British Columbia, 1-59 p
- LEINEMANN L (1996) Genetic Differentiation of Damaged and Healthy Douglas-Fir Stands in Rheinland-Pfalz with Respect to Their Origin. *Silvae Genetica* 45 (5-6): 250-256
- LI P, ADAMS WT (1989) Range-wide patterns of allozyme variation in Douglas-fir (*Pseudotsuga menziesii*). *Canadian Journal of Forest Research* 19 (2): 149-161
- LIAN C, MIWA M, HOGETSU T (2001) Outcrossing and paternity analysis of *Pinus densiflora* (Japanese red pine) by microsatellite polymorphism. *Heredity* 87 (1): 88-98
- MIMURA M, AITKEN SN (2007) Increased selfing and decreased effective pollen donor number in peripheral relative to central populations in *Picea sitchensis* (Pinaceae). *American Journal of Botany* 94 (6): 991-998

- NEALE DB, ADAMS WT (1985) The mating system in natural and shelterwood stands of Douglas-fir. *TAG Theoretical and Applied Genetics* 71 (2): 201-207
- O'CONNELL LM, RUSSELL J, RITLAND K (2004) Fine-scale estimation of outcrossing in western redcedar with microsatellite assay of bulked DNA. *Heredity* 93 (5): 443-449
- PEAKALL R, SMOUSE PE (2012) GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics* 28 (19): 2537-2539
- POTTER KM, FRAMPTON J, JOSSE RAND SA, NELSON CD (2008) Genetic variation and population structure in Fraser fir (*Abies fraseri*): a microsatellite assessment of young trees. *Canadian Journal of Forest Research* 38: 2128-2137
- PRAT D, ARNAL S (1994) Allozyme variation and mating system in three artificial stands of Douglas-fir (*Pseudotsuga menziesii* (Mirb.) Franco) planted in Europe. *Silvae Genetica* 43 (4): 199-206
- ROBLEDO-ARNUNCI O JJ, ALÍA R, GIL L (2004) Increased selfing and correlated paternity in a small population of a predominantly outcrossing conifer, *Pinus sylvestris*. *Molecular Ecology* 13: 2567-2577
- SHAW DV, ALLARD RW (1982) Estimation of outcrossing rates in Douglas-fir using isozyme markers. *TAG Theoretical and Applied Genetics* 62 (2): 113-120
- SLAVOV GT, HOWE GT, ADAMS WT (2005a) Pollen contamination and mating patterns in a Douglas-fir seed orchard as measured by simple sequence repeat markers. *Canadian Journal of Forest Research* 35 (7): 1592-1603
- SLAVOV GT, HOWE GT, GYAUROVA AV, BIRKES DS, ADAMS WT (2005b) Estimating pollen flow using SSR markers and paternity exclusion: accounting for mistyping. *Molecular Ecology* 14 (10): 3109-3121
- SLAVOV GT, HOWE GT, YAKOVLEV IA, EDWARDS KJ, KRUTOVSKY KV, TUSKAN GA, CARLSON JE, STRAUSS SH, ADAMS WT (2004) Highly variable SSR markers in Douglas-fir: Mendelian inheritance and map locations. *TAG Theoretical and Applied Genetics* 108 (5): 873-880
- SORENSEN FC, MILES RS (1982) Inbreeding Depression in Height, Height Growth, and Survival of Douglas-fir, Ponderosa Pine, and Noble Fir to 10 Years of Age. *Forest Science* 28: 283-292
- STAUFFER A, ADAMS WT (1993) Allozyme variation and mating system of three Douglas-fir stands in Switzerland. *Silvae Genetica* 42 (4-5): 254-258
- TOMITA M, SAITO H, SUYAMA Y (2008) Effect of local stand density on reproductive processes of the sub-boreal conifer *Picea jezoensis* Carr. (Pinaceae). *Forest Ecology and Management* 256 (6): 1350-1355
- WANG J (2004) Sibship Reconstruction From Genetic Data With Typing Errors. *Genetics* 166 (4): 1963-1979
- WANG J (2013) An improvement on the maximum likelihood reconstruction of pedigrees from marker data. *Heredity* 111 (2): 165-174
- WANG J, SANTURE AW (2009) Parentage and sibship inference from multilocus genotype data under polygamy. *Genetics* 181 (4): 1579-1594
- 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. *Forest Ecology and Management* 438: 18-24
- 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

Autoren

Dr. HEIKE LIESEBACH, Dr. BIRTE PAKULL
Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf
heike.liesebach@thuenen.de

JANINE WOJACKI, Dr. PASCAL EUSEMANN
Thünen-Institut für Forstgenetik, Eberswalder Chaussee 3 a, 15377 Waldsiedersdorf

Forstpflanzenzüchtung in Deutschland im internationalen Vergleich - Erreichtes, Potentiale und Grenzen

BERND DEGEN

Zusammenfassung

Das Review gibt einen Überblick zu den Rahmenbedingungen der Forstpflanzenzüchtung in Deutschland, zu der zeitlichen Entwicklung des Ernteaufkommens forstlichen Vermehrungsgutes und vergleicht die bisherigen Züchtungsaktivitäten bei den Hauptbaumarten. Es werden Beispiele für erfolgreiche forstliche Züchtungsprogramme im europäischen und außereuropäischen Ausland vorgestellt. Aus der Zusammenschau werden Schlussfolgerungen für die Baumartenwahl, Züchtungsziele und Methoden zukünftiger Züchtungsprogramme in Deutschland abgeleitet.

Schlüsselworte: Forstliches Vermehrungsgut, gelenkte Kreuzung, Herkunftsversuche, Plusbaumauswahl, Samenplantagen

Abstract

Forest tree breeding in Germany in the international context – achievements, potentials and limits

The review gives an overview about the context for forest tree breeding in Germany, about the temporal dynamics of the production of forest reproductive material and the intensity of breeding activities of important tree species. The paper gives examples of successful European and non-European tree breeding programs. Finally conclusions and an outlook for the selection of tree species, breeding objectives and methods in future tree improvement programs in Germany are given.

Keywords: Forest reproductive material, controlled crosses, provenance trials, selection of plus trees, seed orchards

Status quo in Deutschland

Rahmenbedingungen

In Deutschland befinden sich gemäß der letzten Bundeswaldinventur (RIEDEL et al. 2017) 4% der Waldfläche im Bundesbesitz, der Staatswald der Bundesländer macht 29 % aus. Fast die Hälfte des Waldes ist Privatwald (48 %) mit einem sehr hohen Anteil Kleinstprivatwald (< 20 ha) und 19 % der Wälder sind Körperschaftswald.

In Umkehrung der Situation noch vor dreißig Jahren sind gegenwärtig 85% der Jungbestockung aus Naturverjüngung und lediglich 15 % aus Kunstverjüngung hervorgegangen. Die sieben wichtigsten Baumarten sind mit einem Flächenanteil von insgesamt 77 %: Fichte (25 %), Kiefer (22 %), Buche 15 %, Stiel- und Traubeneiche (10 %), Douglasie (2 %) sowie Lärche (3 %). Im Vergleich zur zweiten Bundeswaldinventur hat - bedingt durch den Waldumbau - der Anteil an Nadelholz abgenommen und der Anteil an Laubholz zugenommen. Eine Ausnahme ist die Douglasie, bei der der Anteil ebenfalls leicht zugenommen hat. Die Nadelbaumarten sind deutlich Zuwachsstärker als die Laubbaumarten. Der

durchschnittliche Zuwachs in m³ je Jahr und ha betrug bei Douglasie 18,9; Tanne 16,3; Fichte 15,3; Lärche 10,7; Buche, 10,3 und bei den einheimischen Eichen 8,3.

Der Holzmarkbericht des BMEL für 2018 (<https://www.bmel-statistik.de/fileadmin/daten/FHB-0120005-2018.pdf>) weist einen gegenüber dem Vorjahr um rund 21% gesteigerten Holzeinschlag mit insgesamt 64,5 Mio. m³ auf. Der vermehrte Einschlag in 2018 geht bedingt durch Stürme, Borkenkäferbefall und Trockenheit fast ausschließlich auf Sortimente der Fichte (39,4 Mio. m³) zurück (+36,5 % zu 2017). Der Nadelholzeinschlag (Fichte + Kiefer) betrug insgesamt 51,5 Mio. m³ und der Laubholzeinschlag (Buche + Eiche) 13,5 Mio. m³. Der Stammholzanteil bei der Fichte lag bei 27,9 Mio. m³ und 6,3 Mio. m³ bei der Kiefer. Bei der Buche lag der Stammholzanteil bei 2,9 Mio. m³ von insgesamt 11 Mio. m³. Vom verwertbaren Holz ging bei der Buche mit rund 4 Mio. m³ fast die Hälfte in die Energieholznutzung. Bei der Eiche betrug der Energieholzanteil im Jahr 2018 rund 30 %. Bei Fichte, Kiefer und Tanne lag hingegen der Energieholzanteil bei weniger als 10%. Die deutsche Holzindustrie ist in hohem Maße auf Nadelholz (etwa im Bausektor oder in der Papierindustrie) angewiesen. Ein großer Teil des Laubholzes ging hingegen in die energetische Nutzung. Hier ist aus der Zusammenschau der letzten Jahre auch keine Trendwende in Sicht. Der Waldumbau mit höherem Laubholzanteil passt nicht zur Nachfrage in der Holzindustrie. Die hohe Nachfrage an Nadelholz erklärt sich aus den biologischen Holzeigenschaften (lange Faserlänge für die Papierherstellung, günstige Stabilitäts- und Gewichtseigenschaften für die Verwendung als Bauholz).

Die Ernte und der Handel mit forstlichem Vermehrungsgut werden in Deutschland im Forstvermehrungsgutgesetz von 2002 geregelt (<https://www.gesetze-im-internet.de/fovg/BJNR165800002.html>). Darin werden drei Kategorien von forstlichem Vermehrungsgut unterschieden:

- a) Ausgewähltes Vermehrungsgut => Hierbei handelt es sich um Saatgut, das in extra für diesen Zweck zugelassenen Waldbeständen geerntet wird.
- b) Qualifiziertes Vermehrungsgut => Vermehrungsgut, das in Samenplantagen produziert wird, wobei die Samenplantage (noch) nicht den Status zur Produktion von „Geprüftem Vermehrungsgut“ hat.
- c) Geprüftes Vermehrungsgut => Vermehrungsgut aus Saatgutbeständen oder Samenplantagen, das in einer Vergleichsprüfung bei mindestens einem Merkmal als verbessert gilt.

Aus Sicht der Forstpflanzenzüchtung handelt es sich bei Vermehrungsgut der beiden Kategorien „Qualifiziertes“ und „Geprüftes Vermehrungsgut“ um höherwertiges Vermehrungsgut.

Seit vielen Jahren führt die Bundesanstalt für Ernährung und Landwirtschaft (BLE) Statistiken zum jährlichen Ernteaufkommen und zu den Erntebeständen und Samenplantagen (<https://fgrdeu.genres.de>). Tabelle 1 gibt eine Übersicht zu den Erntebeständen und Samenplantagen wichtigsten Baumarten, die dem FoVG unterliegen

Baumart	Erntebestände				Samenplantagen			
	ausgewählt		geprüft		qualifiziert		geprüft	
	Anzahl	Fläche (ha)	Anzahl	Fläche (ha)	Anzahl	Fläche (ha)	Anzahl	Fläche (ha)
Fichte	2.137	24.648	20	153	29	83	2	13
Douglasie	2.109	4.232	19	45	17	74	1	3
Kiefer	1.496	14.934	19	156	37	119	16	95
Europäische Lärche	959	2.282	3	11	24	50	15	33
Weißtanne	947	6.615			4	12		
Japanische Lärche	300	677			3	6	2	6
Hybrid-Lärche							5	14
Rotbuche	3.864	67.183	14	287	3	7		
Traubeneiche	2.526	30.054	13	243			1	1
Stieleiche	1.954	9.655	3	17	6	14		
Roteiche	453	1.017						

Tabelle 1: Flächen für die Produktion von forstlichem Vermehrungsgut in Deutschland (BLE, Stand 01.07.2013)

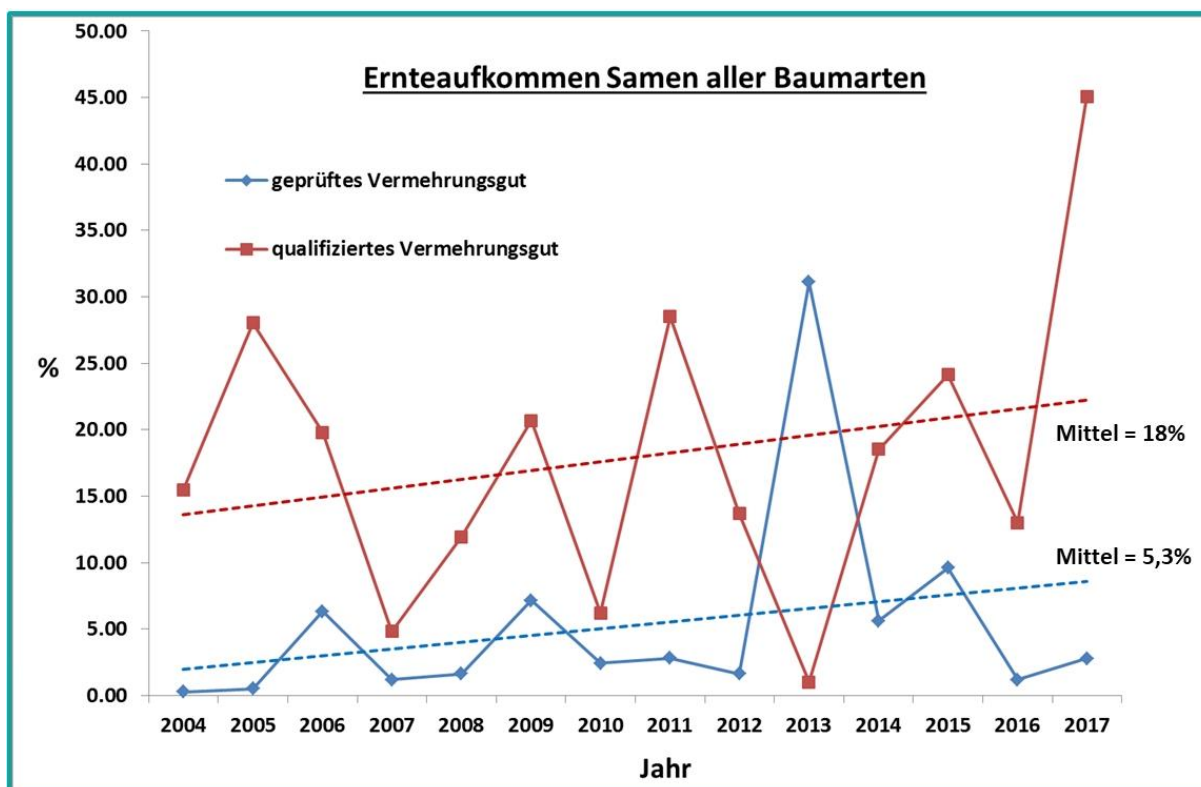


Abbildung 1: Entwicklung des Ernteaufkommens an Samen über alle Baumarten in den beiden Kategorien Geprüftes Vermehrungsgut und Qualifiziertes Vermehrungsgut

Es fällt die extrem hohe Anzahl von insgesamt fast 16.000 Erntebeständen der Kategorie „Ausgewähltes Vermehrungsgut“ in Deutschland auf. Besonders hoch ist die Anzahl an zugelassenen Beständen hierbei für die Buche mit 3.864 Beständen. Allerdings nur wenige dutzende Bestände entsprechen der Kategorie „Geprüftes Vermehrungsgut“. Demgegenüber ist die Anzahl Samenplantagen mit insgesamt 165 gering. Fast alle Samenplantagen sind für Nadelbäume angelegt worden.

Eine Auswertung der Ernteaufkommensstatistiken der BLE für die Jahre 2004 bis 2017 zeigt, dass der Anteil an qualifiziertem Vermehrungsgut im Durchschnitt bei 23 % lag (Abbildung 1). Es gab dabei eine starke Schwankung zwischen den Jahren und eine leicht steigende Tendenz. Bei der Kiefer lag der Anteil hierbei mit über 70 % am höchsten. Bei allen Laubbaumarten lag der Anteil unter 10 %; hier dominierte Vermehrungsgut aus Erntebeständen der Kategorie „Ausgewähltes Vermehrungsgut“.

Bewertung bisheriger Züchtungsaktivitäten wichtiger Baumarten

Die klassische Forstpflanzenzüchtung beinhaltet fortgesetzte Zyklen von Selektion und kontrollierter Kreuzung der selektierten Individuen (ERIKSSON et al. 2001; PÂQUES 2013). Die Selektion erfolgt dabei anhand der Merkmalsausprägung für ein oder mehrere Zielmerkmale. Das Ausmaß der Kontrolle bei der Kreuzung kann unterschiedlich intensiv sein: bei einer vollständigen Kontrolle gibt es ein festes Kreuzungsschema zwischen den einzelnen Individuen; neben kontrollierten Kreuzungen mit Pollenmischungen kommt häufig auch die Produktion von Samen aus freier Abblühte zum Einsatz. In Samenplantagen werden durch die räumliche Isolation von anderen Beständen der gleichen Art sowie durch die Anordnung der Paarungspartner innerhalb der Samenplantage die Pollenbeiträge zumindest teilweise kontrolliert. Bei der Produktion von Saatgut in zuvor ausgewählten Waldbeständen (Ausgewähltes Vermehrungsgut, geprüftes Vermehrungsgut) findet nur eine Kontrolle der mütterlichen Beiträge nicht aber der Pollenzusammensetzung statt. Die extensivste Stufe der Forstpflanzenzüchtung ist die Auswahl geeigneter Herkünfte mit Hilfe von Herkunftsversuchen. Den größten Züchtungsfortschritt erreicht man durch den Anbau von Klonen bzw. Klonmischungen. Wichtige Maßnahmen, ihre Vorteile und Nachteile sind in Tabelle 2 zusammengestellt.

Die Waldkiefer ist die Baumart, die in Deutschland bisher am intensivsten züchterisch bearbeitet wurde (Tabelle 3). Sichtbar ist dies an einem hohen Aufkommen an geprüftem und qualifiziertem Vermehrungsgut (> 70%) zumeist aus Samenplantagen. Die bisherige Verbesserung der Form wird mit 30 % und die des Wachstums mit 15 % angegeben (KOHSTOCK und SCHNECK, 1992; LIESEBACH et al. 2013). Aber auch bei der Kiefer sind wir in Deutschland erst am Anfang eines systematischen Züchtungsprogramms. Die Potentiale im Bereich Wachstum und Klimaanpassung sind nicht ausgeschöpft.

Bei der sowohl im Hinblick auf den Flächenanteil als auch im Hinblick auf den Jahresholzeinschlag bedeutendsten Baumart in Deutschland – der Fichte – waren die bisherigen Züchtungsaktivitäten geringer als bei der Kiefer. Weniger als 21 % des forstlichen Vermehrungsgutes für die künstliche Verjüngung fiel in den letzten Jahren auf die Kategorien „Geprüftes“ und „Qualifiziertes“ Vermehrungsgut. Auch bei dieser Baumart sind wir erst am Anfang eines systematischen Züchtungsprogramms (LIESEBACH et al. 2013). Hervorzuheben sind Bemühungen in Niedersachsen und Hessen bis in die 90er Jahren, den Anbau von Eliteklonen voran zu bringen (KLEINSCHMIT et al. 1973).

Die Douglasie hat zwar noch einen geringen Flächenanteil, gilt jedoch als eine der Zukunftsbaumarten im Klimawandel. Ähnlich, wie bei der Fichte ist das bisherige Aufkommen an verbessertem Vermehrungsgut mit unter 15 % gering. Ähnlich, wie bei der Fichte gibt es noch zu wenige Samenplantagen.

Bei den schwerfruchtigen Laubbaumarten in Deutschland (Buche, Eiche) konzentrierten sich fast alle bisherigen Arbeiten auf die Auswahl von Saatgutbeständen und auf Herkunftsversuche (Tabelle 3). Plusbaumauswahl und der Aufbau von Samenplantagen fand bisher kaum statt und ist wegen der langen Zeiträume bis zur Reproduktionsfähigkeit und der enormen Flächen die hierfür erforderlich wäre auch keine Option.

Maßname	Vorteile	Nachteile
Auswahl von Saatguterntebestände	+ Sofortige Saatgutproduktion + Hohe genetische Vielfalt	- Geringe Verbesserung der Zielmerkmale - Qualitätsvariation zwischen verschiedenen Saatgutjahrgängen
Plusbaumselektion und Anlage von Samenplantagen	+ Deutlichere Verbesserung der Zielmerkmale	- Hoher Zeitbedarf
Züchtungsprogramm mit wiederholter Selektion und kontrollierten Kreuzungen	+ Starke Verbesserung der Zielmerkmale	- Sehr hoher Zeitbedarf - Genetische Vielfalt kann reduziert sein
Selektion und Vermehrung von Eliteklonen	+ Stärkste Verbesserung der Zielmerkmale	- Ggf. Probleme mit Genoty-Umweltinteraktion

Tabelle 2: Wichtige Maßnahmen im Rahmen eines forstlichen Züchtungsprogramms sowie deren Vor- und Nachteile.

Baumart	Zielmerkmale	Herkunftsversuche	Auswahl Saatguterntebestände	Selektion Plusbäume und Anlage von Samenplantagen	Gelenkte Kreuzungen und Nachkommenschaftsprüfungen	Vegetative Vermehrung von Eliteklonen
Wald-Kiefer (<i>Pinus sylvestris</i>)	Volumen Form Vitalität	3	4	4	3	0
Fichte (<i>Picea abies</i>)	Volumen Form Vitalität	4	5	2	1	1
Douglasie (<i>Pseutotsuga menziesii</i>)	Volumen Form Schütte-resistenz	4	5	2	1	0
Buche (<i>Fagus sylvatica</i>)	Volumen Form Vitalität	4	5	1	0	0

Tabelle 3: Bewertung der bisherigen Züchtungsaktivitäten für wichtige Baumarten in Deutschland; die Intensität einer Maßnahme wird mit Zahlen zwischen 0 (= keine Aktivität) und 5 (= sehr viel Aktivitäten) eingeschätzt

Forstpflanzenzüchtung im Ausland

Eine der intensivsten Formen der Forstpflanzenzüchtung findet seit Jahrzehnten bei verschiedenen Eukalyptus-Arten in Brasilien statt (CASTRO et al. 2016; DA SILVA et al. 2019). Das Zellulose-Unternehmen Suzano betreibt dort seit vielen Jahren ein eigenes Züchtungsprogramm (http://ri.suzano.com.br/enu/7468/Suzano%20Day%202019_EN.pdf). Für eine Anbaufläche von über 400.000 ha wird durch intensive Selektion und gelenkte Kreuzungen und anschließender Arthybridisierung der Zuwachs um 1,5 % je Jahr gesteigert. Zur Zeit läuft bereits der 6. Züchtungszyklus. Das Ergebnis der Züchtungsarbeiten ist bemerkenswert: in nur sechs Jahren Umtriebszeit werden über 20 m hohe Bäume produziert.

Aber auch in anderen europäischen Ländern wird für mehrere Baumarten seit Jahrzehnten intensiv Forstpflanzenzüchtung betrieben (PÂQUES 2013). Zu erwähnen sind die Programme für Strand-Kiefer (*Pinus pinaster*) in Frankreich (BOUFFIER et al. 2009), für Fichte in Schweden (ROSVALL et al. 2019) und für die Waldkiefer in Finnland (JANSSON et al. 2017). Das Züchtungsprogramm der Kiefer in Finnland läuft seit 1950. Hierbei wurden 114 Herkunftsversuche, 761 Versuche mit Nachkommenschaftsprüfungen und über 600 ha Samenplantagen angelegt. Für die künstliche Verjüngung stammt inzwischen 60 % des Vermehrungsgutes aus diesen Samenplantagen. Der genetische Gewinn beim Zuchtmerkmal Volumen beträgt bisher 20 %.

Schlussfolgerungen und Ausblick

In Deutschland ist das Aufkommen an höherwertigem Vermehrungsgut je nach Baumart sehr unterschiedlich (Kiefer > 70%, Eiche <5%). Das Vermehrungsgut für die künstliche Verjüngung kommt hauptsächlich aus zugelassenen Beständen (ausgewähltes Vermehrungsgut) und ist daher züchterisch wenig verbessert. In Deutschland gibt es bisher erst ansatzweise konsequente Züchtungsprogramme (meist nicht über F 1,5). Den größten Fortschritt gab es bisher – nicht zuletzt wegen der intensiven Züchtung in der DDR - bei der Wald-Kiefer. Moderne Methoden (Biotechnologie, „Genomic selection“, somatische Embryogenese) kamen bisher nicht zum Einsatz.

Es gibt hingegen zahlreiche Beispiele von erfolgreichen Züchtungsprogrammen im Ausland.

Ein effektives Zuchtprogramm mit deutlicher Verbesserung der Zielmerkmale beinhaltet:

- Selektion von Plusbäumen
- Anlage von Samenplantagen
- Nachkommenschaftsprüfungen
- Steuerung von Verwandtschaft und genetischer Vielfalt

Eine *in situ*-Plusbaumselektion mit anschließender Nachkommenschaftsprüfung stellt eine schnellere Zwischenlösung (bis zur Nutzung von Samenplantagen) zur Bereitstellung von resistenterem Vermehrungsgut etwa bei der Esche gegenüber dem Eschentriebsterben dar.

In Deutschland sind effektive Züchtungsprogramme am ehesten bei Nadelbaumarten und schnellwachsenden Laubbaumarten wie Pappel, Birke, Erle, Esche, Ahorn und Linde sowie bei nichtheimischen Laubbaumarten (z.B. Nussbaum, Tulpenbaum) möglich und sinnvoll.

Bei Buche und Eiche ließe sich mehr geprüftes Vermehrungsgut durch systematische Tests von Bestandesabsaaten bereitstellen. Wichtig dabei sind:

- Tests mit Absaaten aus mehreren Jahren des gleichen Bestandes
- Einheitliche Standards
- Tests unter mehreren sehr unterschiedlichen Umweltbedingungen => einschließlich warmer und trockener Flächen im Ausland

In zugelassenen Erntebeständen sollte das Primat der Forstwirtschaft eindeutig auf der Saatgutproduktion liegen. Die Anzahl potentieller Saatgutbäume darf dort nicht durch die Holzernte oder starke Durchforstungen limitiert werden.

Gelenkte Kreuzungen und Nachkommenschaftsprüfungen sind mit einem hohen Zeitaufwand verbunden. Alternative Ansätze hierzu sind Nachkommenschaften aus freier Abblühte und eine Rekonstruktion der Paarungspartner mit Hilfe von Elternschaftsanalysen. Zeit ließe sich auch in bereits gut strukturierten Züchtungsprogrammen (z. B. Wald-Kiefer) mit dem Einsatz der „Genomic selection“ sparen. Augenmerk sollte zukünftig auf die Automatisierung der Messung von Phänotypen gesetzt werden. Vor dem Hintergrund der Klimaänderungen sollten die Züchtungsziele überdacht werden. Im Bereich der Grundlagenforschung sind auch weiterhin die Potentiale und Risiken der Biotechnologie zu erforschen. Die

Identifizierung merkmalskodierender Gene ist eine sehr wichtige Aufgabe, deren Ergebnisse zukünftig für die Selektion von Individuen in Züchtungsprogrammen genutzt werden können. Schließlich sollte die Erforschung der Bedeutung und die gezielte Nutzung epigenetischer Effekte nicht vernachlässigt werden.

Literatur

- BOUFFIER L, RAFFIN A, ROZENBERG P, MEREDIEU C, KREMER A (2009) What are the consequences of growth selection on wood density in the French maritime pine breeding programme? *Tree Genet. Genomes* 5(1):11-25
- CASTRO CAD, RESENDE RT, BHERING LL, CRUZ CD (2016) Brief history of Eucalyptus breeding in Brazil under perspective of biometric advances. *Cienc. Rural* 46(9):1585-1593
- DA SILVA PHM, BRUNE A, ALVARES CA, DO AMARAL W, DE MORAES MLT, GRATTAPAGLIA D, DE PAULA RC (2019) Selecting for stable and productive families of Eucalyptus urophylla across a country-wide range of climates in Brazil. *Can. J. For. Res.* 49(1):87-95
- ERIKSSON G, EKBERG I, CLAPHAM D (2001) An introduction to forest genetics. Genetic Center, Department of Plant Biology and Forest Genetics, SLU
- JANSSON G, HANSEN JK, HAAPANEN M, KVAALEN H, STEFFENREM A (2017) The genetic and economic gains from forest tree breeding programmes in Scandinavia and Finland. *Scand. J. Forest Res.* 32(4):273-286
- KLEINSCHMIT J, MÜLLER W, SCHMIDT J, RACZ J (1973) Entwicklung der Stecklingsvermehrung von Fichte (*Picea abies* (L.) Karst.) zur Praxisreife. *Silvae Genet* 22(1-2):4-13
- 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
- LIESEBACH M, DEGEN B, GROTEHUSMANN H, JANßen A, KONNERT M, RAU H-M, SCHIRMER R, SCHNECK D, SCHNECK V, STEINER W (2013) Strategie zur mittel-und langfristigen Versorgung mit hochwertigem forstlichem Vermehrungsgut durch Züchtung in Deutschland. Thünen Report7
- PÂQUES LE (2013) Forest tree breeding in Europe. Springer
- RIEDEL T, HENNIG P, KROIHER F, POLLEY H, SCHMITZ F, SCHWITZGEBEL F (2017) Die dritte Bundeswaldinventur (BWI 2012). Inventur-und Auswertungsmethoden [The third National Forest Inventory (BWI 2012). Inventory and analysis methods.]. Johann Heinrich von Thünen-Institut. Braunschweig
- ROSVALL O, BRADSHAW RHW, EGERTSDOTTER U, INGVARSSON PK, MULLIN TJ, WU H (2019) Using Norway spruce clones in Swedish forestry: implications of clones for management. *Scand. J. Forest Res.* 34(5):390-404

Autors

Dr. BERND DEGEN
Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf
bernd.degen@thuenen.de

Anforderungen von Seiten einer Landesstelle an die forstliche Forschung

ULRICH KNICKREHM und ROLF SCHULZKE

Zusammenfassung

Die gemäß § 18 Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) eingerichteten Landesstellen überwachen die Durchführung dieses Gesetzes und der auf Grund dieses Gesetzes erlassenen Rechtsverordnungen, also insbesondere die Zulassung von Ausgangsmaterial zur Erzeugung von forstlichem Vermehrungsgut und dessen Vertrieb. Dabei stößt die Umsetzung immer wieder auf Probleme, deren Ursachen insbesondere auf Informationsdefizite zurückzuführen sind. Die forstliche Forschung kann dazu beitragen diese Lücken zu schließen. Die Forschungsvorhaben müssen natürlich wissenschaftliche Fortschritte berücksichtigen, dabei aber in zunehmendem Maße die aktuellen forstpolitischen Fragen berücksichtigen. Die Projekte müssen nach dem bereits vorhandenen Kenntnisstand und ihrer forstpolitischen Relevanz bewertet werden, um ihre Zukunftsfähigkeit einschätzen zu können. Eine einfache zweidimensionale Entscheidungsmatrix wird vorgestellt.

Schlüsselworte: Forstvermehrungsgutgesetz, Informationslücken, Forstpolitik, Entscheidungsmatrix, Zukunftsfähigkeit

Abstract

Demands on forestry research from the official body's point of view

The official bodies established by the EU member states which are responsible for questions concerning the control of marketing and the quality of the forest reproductive material need science-based decision guidance. Forestry research should close these information gaps that are still existing. However, research projects have to consider the actual questions concerning the forest sector and the level of existing knowledge and therefore have to be classified in this regard. A simple two dimension making matrix is introduced.

Keywords: act on forest reproductive material, information deficit, forest policy, decision matrix, sustainability

Die Beantwortung der Frage, welche Anforderungen von Seiten einer Landesstelle an die forstliche Forschung gestellt werden, erscheint auf den ersten Blick relativ einfach zu sein.

Die Landesstellen benötigen das wissenschaftlich erarbeitete Handwerkszeug um die ihnen gemäß Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) obliegenden Aufgaben erfüllen zu können. Nach § 18 FoVG haben die Landesstellen die Durchführung dieses Gesetzes und der auf Grund dieses Gesetzes erlassenen Rechtsverordnungen zu überwachen.

Die nach Landesrecht zuständige Stelle (Landesstelle) entscheidet gemäß § 4 FoVG über die Zulassung von Ausgangsmaterial zur Erzeugung von forstlichem Vermehrungsgut auf Antrag des Wald- oder Baumbesitzers, des forstwirtschaftlichen Zusammenschlusses oder von Amts wegen. Sie kann sich dabei

zwar durch einen Gutachterausschuss beraten lassen, doch werden klare baumartenspezifische Kriterien benötigt, um die Entscheidung nachvollziehbar und justizierbar treffen zu können. Die Forstvermehrungsgut-Zulassungsverordnung vom 20.12.2002 enthält in den Anlagen 1 und 2 quantitative und qualitative Zulassungskriterien. Diese Kriterien sollten überprüft und dem aktuellen Wissensstand angepasst werden. Insbesondere zur Formulierung von Nebenbestimmungen bei der Zulassung oder bei der vom Gesetz (§ 4 Abs. 5 FoVG) vorgesehenen Überprüfung der Zulassungen, ist es für die Landesstellen unbedingt erforderlich auf wissenschaftlich belastbare Kriterien zurückgreifen zu können.

Sämtliche Bundesländer haben in den vergangenen Jahren trotz allgemein festzustellenden Personalmangels erhebliche Anstrengungen unternommen, die zugelassenen Erntebestände hinsichtlich des (Noch)Vorliegens der Zulassungsvoraussetzungen zu überprüfen. Bei zahlreichen Beständen musste die Zulassung widerrufen werden. Da die Überprüfungen noch nicht überall abgeschlossen werden konnten, können zwar noch keine detaillierten Zahlen präsentiert werden, doch zeigt sich zumindest in Hessen, dass ein massiver Verlust an Saatguterntebeständen zu beklagen ist. Die Gründe für den Wegfall der Zulassungswürdigkeit sind bei Fichte Windwurfereignisse, Käferbefall oder Überalterung, bei Buche nicht nur die fehlende Beerntbarkeit infolge aufgelaufener Naturverjüngung, sondern vor allem der Qualitätsverlust infolge Zielstärkennutzung. Des Weiteren muss auch festgestellt werden, dass wertvolle Saatguterntebestände nicht mehr genutzt werden können, weil sie inzwischen naturschutzfachlichen Restriktionen unterliegen. Im Zuge der Überprüfungen werden natürlich auch neue geeignete Bestände zugelassen und Informationen über zukünftig zulassungsfähige (z.B. Mindestalter noch nicht erreicht) gesammelt.

In Anbetracht der aktuellen waldbaulichen Konzepte (z.B. Bestandsbegründungen mit geringen Pflanzanzahlen, Zielstärkennutzung) und der in den vergangenen Jahren herrschenden Waldschutzsituation (z. B. Eschentriebsterben, Rußrindenkrankheit) müssen diese Kriterien auf den Prüfstand gestellt, hinsichtlich ihrer Gültigkeit hinterfragt und gegebenenfalls neu gewichtet werden, wie beispielsweise die festgelegten Mindestalter oder Mindestflächen. Auch wäre es für das behördliche Handeln hilfreich, wenn Begriffe wie „hoher Anteil“ oder „sehr hoher Anteil“ quantifiziert würden.

Die Kernaufgabe der Landesstellen ist die Überwachung der Erzeugung und des Inverkehrbringens von forstlichem Vermehrungsgut. Den Landesstellen sind durch den Gesetzgeber weitreichende Befugnisse erteilt worden. Sie dürfen eine bestimmte Verwendung oder die Vernichtung von nicht vertriebsfähigem Vermehrungsgut anordnen. Als wesentlicher Aspekt hat sich in der Vergangenheit die Prüfung der Identität des Vermehrungsgutes herauskristallisiert. Dabei sei unterstrichen, dass die Verwendung des Vermehrungsgutes als Kennzeichen der ordnungsgemäßen Forstwirtschaft dem Regelungsinhalt der Forstgesetze unterliegt (z.B. Hessisches Waldgesetz § 4 Abs.2 Satz 4), damit also nicht in die Zuständigkeit der Landesstellen fällt. In deren Zuständigkeit fällt aber ohne Zweifel die Identitätssicherung. Sie soll gewährleisten, dass der Verwender auch das Material bekommt, das er aus verschiedenen Gründen für seinen Betrieb ausgewählt hat. Die Überprüfungen seitens der Landesstellen zeigen, dass nach wie vor Verstöße beabsichtigt oder unbeabsichtigt vorkommen und ein Einschreiten der Landesstellen erfordern.

Für diesen Tätigkeitsbereich benötigen die Landesstellen praktikable, aber gleichzeitig rechtssichere Instrumente, damit die Verfahren mit einem eindeutigen Ergebnis zu Ende geführt werden können. Produzenten und Verbraucher wünschen sich Klarheit. Insbesondere die in der jüngeren Vergangenheit erzielten Fortschritte bei der genetischen Identifizierung haben zu einer deutlichen Erhöhung der Aussagefähigkeit der Ergebnisse geführt (KNICKREHM et al. 2019). Aber auch hier muss darauf hingewiesen werden, dass die Landesstellen eindeutige Aussagen benötigen, um ihre Verwaltungsakte rechtssicher gestalten zu können. Solange eine, wenn auch noch so geringe Möglichkeit zu einem abweichenden Ergebnis besteht, sind die Methoden für den Einsatz im behördlichen Tätigkeitsbereich nicht ausreichend sicher.

Erstes Zwischenfazit: Insgesamt kann festgehalten werden, dass durch die Fortschritte, die von der forstlichen Forschung in jüngster Vergangenheit erzielt worden sind, die Landesstellen mit einem recht

guten Instrumentarium ausgestattet sind, das ihnen zur Wahrnehmung ihrer Aufgaben zur Verfügung steht.

Dieser an sich positive Eindruck wird bei genauerer Betrachtung und die sich angesichts der aktuellen Forschungsergebnisse einstellende Euphorie doch sehr gedämpft.

Hierzu zunächst ein Rückblick: Vor 40 Jahren waren Fichtenstecklingsvermehrung und Anlage von Samenplantagen besonders aktuelle Projekte. Die „vorläufigen“ Herkunftsempfehlungen für das Land Hessen wurden vorgestellt. Das am 26. Juli 1979 verabschiedete Gesetz über forstliches Saat- und Pflanzgut wurde als so wichtig eingestuft, dass es von den Forstreferendaren in einer Hausarbeit zu bearbeiten war. Der Forstsaatgutskandal der 70er Jahre war noch allen präsent und erschütterte die für die Kontrollen zuständigen Stellen, die Forstbetriebe und die Baumschulbranche. Das Thema forstliches Vermehrungsgut war in den Focus forstlichen Handelns gerückt.

Wie sieht es nun heute aus?

Ohne Zweifel haben die Kenntnisse im Bereich Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung eine ungeheure Erweiterung erfahren. Die vorgestellten Ergebnisse sind dafür ein Beleg. Das ist erfreulich.

Nicht erfreulich ist die Situation, wenn die Forschungsstätten verlassen werden und man sich in die Niederungen der verwaltungsmäßigen und betrieblichen Umsetzung begibt. Man sollte davon ausgehen können, dass die Bedeutung der Fachdisziplin angesichts des prognostizierten Klimawandels eher zunehmen wird. Eine Betrachtung der aktuellen Situation, wie sie sich den Landesstellen, den Kontrollbeamten und nicht zuletzt den Pflanzenerzeugern derzeit bietet, stimmt aber eher traurig.

Die nachfolgend beispielhaft aufgeführten Fälle sind im Rahmen der Tätigkeiten der Landesstellen in großem Umfang beobachtet worden. Gleiche oder ähnliche Beobachtungen können sicherlich auch in anderen Bundesländern bestätigt und ergänzt werden.

Es ist manchmal nicht klar, ob es mangelndes Fachwissen oder schlicht eine Folge von Überlastung ist, wenn Fragen der Pflanzenbeschaffung oder des Umgangs mit Forstsaatgutbeständen nicht ernst genommen werden. Es treten immer wieder eklatante Wissenslücken zu Tage, wie

- Unkenntnis über Zertifizierungssysteme für Forstpflanzen („Wir sind doch schon PEFC zertifiziert“),
- Nichtbeachtung von Herkunftsempfehlungen,
- Unkenntnis im Bereich Forstsaatguternte,
- Nachlässigkeiten bei der Pflanzenbeschaffung,
- Unkenntnis über Saatguterntebestände im eigenen Revier (bis hin zum schematischen Harvestereinsatz in einer Samenplantage),
- Unkenntnis über die Vererbungsmechanismen, wenn bei der Überprüfung eines Saatguterntebestandes gegen den Widerruf der Zulassung mit der Argumentation protestiert wird, dass es ja nicht sein könnte, schließlich habe man in den vergangenen Jahren sehr viele Stämme aus diesem Bestand in die Wertholzsubmission gebracht,
- Nichtverstehen forstvermehrungsgutgesetzlicher Regelungen („stellt Euch doch nicht so bürokratisch an“).

Immer wieder wurden von den Landesbetrieben betriebswirtschaftliche Gründe entgegengehalten. Beispielhaft seien erwähnt:

- Das Bemühen bei der Pflanzenbeschaffung möglichst günstig einzukaufen. Hier wird nicht nur der alte Kaufmannsleitsatz „billig gekauft, ist häufig teuer bezahlt“ ignoriert, sondern auch ein langfristig schädlicher, ruinöser Wettbewerb angestachelt.
- Die Weigerung zugelassene Bestände länger im Hinblick auf ihre Saatgutproduktion zu bewirtschaften („der Betrieb muss die aktuelle günstige Situation auf dem Holzmarkt nutzen“).

- Der Verkauf von hochwertigen und aufgrund ihrer Lage seltenen Saatguterntebeständen, um Einnahmen im Rahmen von naturschutzfachlichen Kompensationsmaßnahmen generieren zu können.

Soweit einige Beispiele, die belegen, wie es um das Wissen und um die Berücksichtigung forstgenetischer Aspekte steht. Um nicht falsch verstanden zu werden, es geht nicht um eine pauschalierende Schelte, sondern darum, dass es der Fachdisziplin nicht gelungen ist, die vor mehr als vierzig Jahren erarbeiteten Prinzipien in ausreichendem Maße in die forstbetriebliche Routine zu etablieren.

Es finden sich immer wieder Kolleginnen und Kollegen, die sich dieses Themas engagiert und kenntnisreich annehmen. Doch leider fehlt, soweit die Landesstelle das überblicken kann, die Etablierung auf der großen Ebene. Wie viele Hinweise im Hinblick auf die Situation der Pflanzenversorgung in den nächsten Jahren sind bisher gegeben worden? Man redet zwar über großflächige Wiederbewaldungsprojekte, über EDV gestützte Wiederbewaldungskonzepte und natürlich über einen Förderungsbedarf, doch zumindest in der Wahrnehmung der Landesstellen wird viel zu wenig über das eigentlich grundlegende Thema gesprochen, woher bekommen die Forstbetriebe das den Herkunftsempfehlungen entsprechende, für den jeweiligen Standort beste, identitätsgesicherte Vermehrungsgut? Hier wären deutlich mehr Weitsicht und Planung erwünscht.

Zweites Zwischenfazit: Trotz guter Vorbedingungen ist es uns als Fachdisziplin nicht oder nur unzureichend gelungen, die Bedeutung des forstlichen Vermehrungsgutes und der damit verbundenen Abläufe sowie die Übernahme neuer wissenschaftlich erarbeiteter Ergebnisse im forstbetrieblichen Geschehen mit der nötigen Wertschätzung fest zu verankern. Bei dem Hinweis „uns als Fachdisziplin“ möchte ich die jüngeren Kolleginnen und Kollegen ausdrücklich herausnehmen. Wir älteren Vertreter haben in dieser Hinsicht unsere Aufträge nicht gut genug erfüllt. Im Bereich Kommunikation und Transport der Fachlichkeit in die forstliche Praxis und in die allgemeine Wahrnehmung besteht also Nachholbedarf.

Ein weiterer Blickwinkel eröffnet sich, sobald man sich mit den laufenden Forschungsvorhaben kritisch auseinandersetzt. Man ist beeindruckt von den Ergebnissen und den sich hieraus öffnenden Perspektiven. Aber abgesehen von den vorgenannten Schwierigkeiten, die Ergebnisse im betrieblichen Bereich zu verankern, stellt sich doch bei jedem unter forstlichem Banner durchgeführten Forschungsvorhaben die Frage nach dessen forstpolitischer Relevanz. In Zeiten, in denen Waldbesitzer und Forstverwaltungen um die Deutungshoheit bei Fragen des Umgangs mit unseren Waldökosystemen kämpfen müssen, ist diese Frage unbedingt zu stellen.

Die Frage müsste mehr oder weniger lauten: Welchen Beitrag leistet ein bestimmtes Forschungsvorhaben zu einem allgemein akzeptierbaren Lösungsansatz für ein unter aktuellen Bedingungen bereits vorhandenes oder zukünftig zu erwartendes Problem?

Es ist davon auszugehen, dass man sich in den Forschungseinrichtungen diese Frage natürlich immer gestellt und mit durchdachten, differenzierten Methoden Ergebnisse erzielt hat.

Wenn die allgemeine Wahrnehmung oder besser Nichtwahrnehmung unserer Aktivitäten zum Problem wird, ist zu fragen: Passt das Projekt nicht, oder ist nur die Vermittlung der Bedeutung verbesserungswürdig?

Man sollte daher sämtliche Forschungsaktivitäten immer wieder und vor allem vor Beginn einer Art Portfolioanalyse unterziehen, die zumindest im Zweidimensionalen die Projekte nach forstpolitischer Bedeutung und aktuellem Wissensstand eingruppiert. Bei der Einschätzung der forstpolitischen Bedeutung ist zu bedenken, dass die derzeitige Diskussion mantrahaft von den Begriffen Biodiversität und Klimawandel beherrscht wird. Auch wenn es den Forstbetrieben nicht gefällt, müssen wir, die an der Schnittstelle zwischen Forstwirtschaft, Naturschutz und Allgemeinheit angesiedelt sind und dort arbeiten, festhalten, dass wichtige Aspekte wie Rohstoffherzeugung oder Wasserschutzfunktion (nach wie vor werden Bäume von den Wasserbehörden als Abflusshindernis gesehen) kaum oder gar nicht beachtet werden.

Die Einstufung erfolgt nach subjektiver Betrachtung. Das Verfahren ist bewusst einfach gehalten, um auch Außenstehenden eine Beteiligung zu ermöglichen. Die Aktivität erhält durch ihre zwei Werte eine Position in einem Koordinatensystem. Interessant wird der Vergleich, wenn verschiedene Akteure das gleiche Projekt einschätzen.

Ziel ist, eine Entscheidungshilfe zu bekommen, die eine Priorisierung der Forschungsvorhaben erlaubt. Etwas verallgemeinert wäre die Einstufung wie folgt (Abbildung 1).

Roter Bereich: Aktivitäten wenig praxistauglich >> nicht aufgreifen

Brauner Bereich: Hoher Wissensstand, aber wenig relevant >> nicht weiterverfolgen

Grüner Bereich: Hohe Relevanz, (noch) geringer Wissensstand >> Projekte beginnen, Schwerpunkt der Forschungsarbeiten, was fehlt noch um in den gelben Bereich zu kommen

Gelber Bereich: Hohe Relevanz, bereits vorhandenes Wissen >> Projekte abrunden

Forstpolitische Relevanz	hoch	6				T				
		5						B		
		4								
	mittel	3								
		2								
		1						F		
	niedrig	0		G						
			0	1	2	3	4	5	6	
			wenig			Grundlagen			umfassend	
			Wissensstand							

Abbildung 1: Eingruppierung von Projekten anhand eines zweidimensionalen Modells nach vorhandenem Wissen und aktueller forstpolitischer Relevanz

Dazu vier Beispiele:

- Fichtenstecklingsvermehrung (**F**): umfangreiches Wissen, geringe Chancen zur Etablierung in der Praxis aufgrund aktueller forstpolitischer Situation
- Gentechnische veränderte Forstpflanzen (**G**): noch geringes Wissen, allgemeine Ablehnung

- Weißtanne (**T**): neuerdings große Bedeutung, aber noch große Wissenslücken
- Genetische Variation der Rotbuche (**B**): große Bedeutung, hohes Niveau bei der Erforschung erreicht, aber in wichtigen Fragen noch Klärungsbedarf

Es wäre nun durchaus interessant zu erfahren, welches Muster sich bei der Einbeziehung der im Rahmen der Veranstaltung vorgestellten Projekte ergeben würde.

Es ist nicht bekannt, ob und wie intensiv derartige Positionierungen bereits stattgefunden haben. Die Forschungseinrichtungen wären angesichts der alltäglich gesammelten Erfahrungen gut beraten diese Aspekte ihrer Arbeit zu vertiefen, damit Einsatz und Ergebnisse die verdiente Wertschätzung erhalten.

Drittes Zwischenfazit: Forschungsvorhaben müssen insbesondere im Hinblick auf ihre forstpolitische Relevanz immer wieder auf den Prüfstand gestellt werden. Die forstlichen Forschungseinrichtungen sind gut beraten, ihre Kommunikationsstrategie so zu gestalten, dass auch Außenstehenden klar wird, dass man nicht für die Wissenschaft arbeitet, sondern für das Ökosystem Wald in allen Facetten. Eine gute Öffentlichkeitsarbeit sollte daher für den Erfolg eines erfolgreichen Projektes selbstverständlich sein. Allerdings sind Überschriften wie sie in den Tageszeitungen zu lesen waren, z. B. Züchtung „des Zukunftsbaumes“ eher kontraproduktiv, was die Akzeptanz angeht.

Ausblick

Die Situationsanalyse fällt zugegebenermaßen nicht so positiv aus wie erhofft. Aber, das Tagungsthema lautet „Forstpflanzenzüchtung für die Praxis“, da müssen einige unangenehme Fragen gestellt werden. Um nicht ausschließlich unangenehme Fragen zu stellen, soll nicht versäumt werden, einen Hoffnungsschimmer zu verbreiten. Anlässlich der Tagung im Jahr 1985 in Göttingen war das große Thema: Was kann die Forstpflanzenzüchtung tun, um das luftschadstoffbedingte flächige Absterben der Wälder in Mitteleuropa zu verhindern? Insbesondere von Seiten der Politik wurde der Ruf nach Züchtung resistenter Baumarten laut. Unter den Fachleuten bestand allerdings eine große Übereinstimmung, dass die Bedrohung weitreichender war, als ein bloßer Verlust an Waldfläche. Die forstlichen Genressourcen waren insgesamt bedroht (WEISGERBER et al. 1985).

Nach Vorstellung eines Konzeptes zur Erhaltung der forstlichen Genressourcen wurde nach intensiven Diskussionen das Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik erarbeitet, dessen Umsetzung im Bundesrat einstimmig beschlossen wurde (DRUCKSACHE 573/84, 1985). Die Fachdisziplin kann stolz darauf sein, ist doch dieses Konzept bereits sieben Jahre vor dem Internationalen Übereinkommen über die biologische Vielfalt (ÜBV, Rio de Janeiro 1992) verabschiedet und vor allem im Gegensatz zu vielen Absichtserklärungen und Vereinbarungen auch umgesetzt worden. Diese Aktivitäten sind eine echte Erfolgsgeschichte, an der man sich durchaus ein Beispiel nehmen sollte. Die Gesellschaft sollte daher auch nicht auf die Heilsbringer hören, die sagen, alles wird gut, wenn man nur den Förster aus dem Wald heraushält. Um dem Klimawandel etwas Forstliches entgegenzusetzen zu können, sollte man sich an das unserer Fachdisziplin eigene traditionelle Credo halten, das sagt: Ziel der Forschungsarbeiten und ihrer Umsetzung ist eine Verbesserung der forstlichen Genressourcen in quantitativer und qualitativer Sicht. Das heißt, Erhöhung der Arten-, Populations- und genetischen Vielfalt und Steigerung der Resilienz. Damit wäre man auch gegenüber dem Naturschutz im Vorteil, da dessen Aktivitäten meist die Ebene der Arterhaltung nicht überschreiten.

Stellen wir also unsere Arbeiten auf den Prüfstand. Verschaffen wir uns Gehör sowohl innerhalb der Forstpartie, als auch außerhalb. Es ist schwer einzuschätzen, was leichter sein wird.

Literatur

WEISGERBER H., ALBRECHT J., BOHNENS J., KECHEL H.G., RAU H.M, SCHULZKE R (1985) Bedrohung der genetischen Vielfalt unserer Wälder durch Immissionen – Gegenmaßnahmen der Forstpflanzenzüchtung ; Forst- und Holzwirt 40: 235-238

Konzept zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik aktualisierte Fassung 2010

Drucksache 573/84 Bundesrat 1985

KNICKREHM U, PAUL A, HEWICKER HA (2019) Technoöogien für mehr Herkunftssicherheit bei Forstpflanzen; AFZ – Der Wald 5: 42-44

Autoren

ULRICH KNICKREHM, ROLF SCHULZKE
Regierungspräsidium Kassel, Am Alten Stadtschloss 1, 34117 Kassel
ulrich.knickrehm@rpks.hessen.de

„Variation“ der Herkunftsempfehlungen in einem föderalen Staat

MIRKO LIESEBACH

Zusammenfassung

Das Forstvermehrungsgutgesetz regelt die Erzeugung und das Inverkehrbringen von forstlichem Vermehrungsgut. Für die Verwendung von forstlichem Vermehrungsgut haben die Länder Herkunftsempfehlungen herausgegeben. Diese sind für den Staatswald bindend und für den Privatwald, wenn dieser Förderung in Anspruch nimmt. Die Herkunftsempfehlungen der Länder werden gegenübergestellt. Es gibt Unterschiede bei den erfassten Baumarten, dem Priorisieren von Vermehrungsgut, der Empfehlungseinheit und dem Umgang mit zusätzlichen Baumarten. Daraus werden Möglichkeiten zur Standardisierung der Herkunftsempfehlungen abgeleitet.

Schlüsselworte: FoVG, Deutschland, Herkünfte

Abstract

"Variation" of the provenance recommendations in a federal state

The Act on Forest Reproductive Material regulates the production and marketing of forest reproductive material. The federal states have published recommendations for provenances for the use of forest reproductive material. These are binding for the state forest and for the private forest if it makes use of funding. The states' provenance recommendations are compared. There are differences in the tree species recorded, the prioritisation of propagation forest reproductive material, the unit of recommendation, and the handling of further tree species. From this, possibilities for standardizing the provenance recommendations are derived.

Keywords: FoVG, Germany, provenances

Einleitung

Zwischen den regionalen Vorkommen der Baumarten bestehen Unterschiede in der standörtlichen Anpassungsfähigkeit, die in den Erbanlagen der Bäume fixiert sind. Daher hängt der ökologische und ökonomische Anbauerfolg einer Kulturbegründung entscheidend von der Wahl standortangepasster Herkünfte ab. Vor dem Hintergrund des Klimawandels gilt es ganz besonders, sich über die Bestandesverjüngung Gedanken zu machen. Zu prüfen ist, ob der Ausgangsbestand für eine Übernahme aufkommender Naturverjüngung geeignet ist oder ob ein Wechsel der Herkunft der Baumart oder sogar ein Baumartenwechsel angebracht ist (LIESEBACH & SCHNECK 2016).

Die Erzeugung und der Vertrieb von forstlichem Vermehrungsgut sind auf Bundesebene geregelt. Die Grundlage bildet die Richtlinie 1999/105/EG der Europäischen Gemeinschaft, die im Forstvermehrungsgutgesetz (FoVG) in der Fassung vom 22. Mai 2002 (zuletzt geändert durch Artikel 414 der Verordnung vom 31.8.2015, BGBl. I S. 1474) in nationales Recht umgesetzt ist. In Deutschland ist forstliches Vermehrungsgut (fVG) in drei Kategorien vertriebsfähig (Tabelle 1). In der vierten Kategorie „Quellengesichert“ ist in Deutschland kein Ausgangsmaterial zugelassen, da es keinerlei Auslese unterworfen ist, lediglich Herkunftsgebiet, Lage, Höhenlage und Autochthonie müssen bekannt sein.

Vermehrungsgut dieser Kategorie ist daher nach Ablauf der Übergangsfrist seit dem 1.1.2013 nicht mehr zur Verwendung im Wald zugelassen (HINRICHS 2017).

Das Gebiet der Bundesrepublik Deutschlands weist unterschiedliche natürliche Wachstumsvoraussetzungen auf. Daher wurde Deutschland mit der Forstvermehrungsgut-Herkunftsgebietsverordnung vom 7.10.1994 (geändert durch Art. 1 der Verordnung vom 15.1.2003, BGBl. I S. 238) in Herkunftsgebiete eingeteilt. Bei der Abgrenzung der Herkunftsgebiete im Jahr 1995 wurden in Deutschland verschiedene Kriterien berücksichtigt. Aus den Wuchsgebieten und -bezirken wurden ökologische Grundeinheiten unter Berücksichtigung der Verbreitungsgeschichte, phänotypischer Merkmale (z.B. Frost- und Schneebruchanfälligkeit, Stamm- und Kronenform) sowie genetischer Erkenntnisse (aus Isoenzymanalysen), zusammengefasst (RAU & BROCKHAUS 1995).

Der Klimawandel führt zu geänderten Risikostrukturen in der Forstwirtschaft, das heißt geänderte Standort-Leistungs-Beziehungen (SPELLMANN et al. 2011). Die Klimaprognosen gehen dabei für Deutschland einheitlich von einem Temperaturanstieg und einer geänderten Niederschlagsverteilungen aus (z.B. GERSTENGARBE 2008). Dabei werden deutliche regionale Unterschiede in der Ausprägung prognostiziert, mit denen die Baumarten zu Recht zu kommen haben (GERSTENGARBE & WELZER 2013). Die natürlichen Verbreitungsgebiete werden sich verschieben (KÖLLING 2007). Es liegt nahe, dass sich dieses auch in den Herkunftsempfehlungen wiederfinden muss.

Tabelle 1: Kategorien von fVG und die Art des darin in Deutschland zugelassenen Ausgangsmaterials

Art des Ausgangsmaterials	Kategorie			
	Geprüft	Qualifiziert	Ausgewählt	Quellengesichert
Erntebestand	X		X	
Samenplantage	X	X		
Klon	X			
Klonmischung	X			
Familieneltern	X			

Das FoVG regelt nicht den Anbau, die Verwendung von forstlichem Vermehrungsgut! Die Waldbewirtschaftung der im Zuständigkeitsbereich der Bundesländer. Für die Bewirtschaftung des Landeswaldes haben die Landesforstverwaltungen Waldbaurichtlinien und Herkunftsempfehlungen erlassen. Auf Flächen, auf denen keine Naturverjüngung erfolgen soll oder kann, wird forstliches Vermehrungsgut künstlich eingebracht. Ziel der Wiederbewaldung ist dabei die Schaffung standortangepasster, stabiler Mischbestände. Welches forstliche Vermehrungsgut hierfür verwendet werden soll, ist in den Herkunftsempfehlungen anhand wissenschaftlicher Ergebnisse zusammengestellt.

Die Herkunftsempfehlungen sind

- bindend für Landes-/Staatswald (z.T. auch Kommunalwald),
- bindend bei der Inanspruchnahme von Förderung forstlicher Maßnahmen,
- Orientierungsgrundlage für die Beratung und Betreuung anderer Waldbesitzer,
- bindend für nach PEFC zertifizierten Wald (Standard 4.3),
- eine Erleichterung für die Produktausrichtung von Forstsamen- und Forstpflanzenbetriebe.

In Brandenburg sind sie außerdem bindend

- für die Verwendung von Mitteln aus der Walderhaltungsabgabe und
- für forst- und naturschutzrechtliche Kompensationsmaßnahmen.

Im Folgenden wird das Ergebnis einer Gegenüberstellung der Herkunftsempfehlungen vorgestellt. Dabei wurden folgende Aspekte untersucht: erfasste Baumarten, Rangfolge der Empfehlung, Empfehlungseinheit, Ersatzherkünfte und Berücksichtigung ausländischer Herkünfte.

Analyse der Herkunftsempfehlungen

Für die Gegenüberstellung wurden die im Internet verfügbaren Herkunftsempfehlungen (Tabelle 2) berücksichtigt. Diese liegen für fast alle Flächenbundesländer (außer Saarland) vor. Die Stadtstaaten haben keine Herkunftsempfehlungen erstellt. Die für Schleswig-Holstein aufgeführte Empfehlung ist, auch wenn sie auf einer Ministeriumsseite zu finden sind, nach Aussage der NW-FVA nicht in Kraft getreten. Somit zählt Schleswig-Holstein neben dem Saarland und den Stadtstaaten zu den Bundesländern ohne Herkunftsempfehlungen. Es gibt jedoch Hinweise in den Waldbaurichtlinien dieser Bundesländer, dass örtliches Ausgangsmaterial bei Kunstverjüngungen zu verwenden ist.

Tabelle 2: Zusammenstellung der Herkunftsempfehlungen und deren Fundort im Internet

Bundesland (Abk.)	Stand	Titel Link	(Umfang)
Brandenburg (BB)	1.7.2014	Empfehlungen für forstliches Vermehrungsgut für das Land Brandenburg (74 S.) https://forst.brandenburg.de/cms/media.php/lbm1.a.3310.de/empfermvgut.pdf	
Baden-Württemberg (BW)	Aug. 2019	Herkunftsempfehlungen für forstliches Vermehrungsgut in Baden-Württemberg (83 S.) https://mlr.baden-wuerttemberg.de/fileadmin/redaktion/m-mlr/intern/dateien/publikationen/Wald/ForstBW-Praxis_Herkunftsempfehlungen.pdf	
Bayern (BY)	1.7.2016	Herkunftsempfehlungen für forstliches Vermehrungsgut in Bayern (168 S.) https://www.awg.bayern.de/mam/cms02/asp/dateien/herkunftsempfehlungen_2016.pdf	
Hessen (HE)	26.5.2014	Empfohlene Herkünfte forstlichen Vermehrungsgutes für Hessen (Herkunftsempfehlungen) (97 S.) https://www.nw-fva.de/HKE/src/pdf/hke_hessen.pdf	
Mecklenburg-Vorpommern (MV)	24.6.2003	Herkunftsgebiete für Forstvermehrungsgut zur Verwendung im Land Mecklenburg-Vorpommern (Herkunftsgebietserlass für Forstvermehrungsgut zur Verwendung im Land M-V, S. 25-30) www.wald-mv.de › Dateien › B2_Teil_2_VOundEzumFVMGRecht	
Niedersachsen (NI)	19.10.2018	Empfohlene Herkünfte forstlichen Vermehrungsgutes für Niedersachsen (Herkunftsempfehlungen) (107 S.) https://www.nw-fva.de/HKE/county.jsp?cid=3	
Nordrhein-Westfalen (NW)	Feb. 2011	Baum- und Straucharten für Nordrhein-Westfalen. Herkunftsempfehlungen (94 S.) https://waldbauernverband.de/2016/data/intern/pdf/handbuch_sturm/L11_Herkunftsempfehlungen.pdf	
Rheinland-Pfalz (RP)	Mai 2013	Herkunftsempfehlungen. Empfehlungen für die Auswahl geeigneter Herkünfte von forstlichem Vermehrungsgut in Rheinland-Pfalz (26 + 53 S.) www.wald-rlp.de › nutzen › naturnahe-waldbewirtschaftung › literatur	
Schleswig-Holstein (SH)	Dez. 2004	Empfohlene Herkünfte forstlichen Vermehrungsgutes für Niedersachsen und Schleswig-Holstein (Herkunftsempfehlungen) (106 S.) http://www.ml.niedersachsen.de/download/3030/Empfohlene_Herkuenfte_forstlichen_Vermehrungsgutes_fuer_Niedersachsen_und_Schleswig-Holstein_Herkunftsempfehlungen_Stand_Dezember_2004_.pdf . Nicht in Kraft	
Sachsen (SN)	1.3.2012	Herkunftsempfehlungen. Herkunftsgebiete und Herkunftsempfehlungen für forstliches Vermehrungsgut. (174 S.) https://publikationen.sachsen.de/bdb/artikel/18532	
Sachsen-Anhalt (ST)	8.1.2014	Herkunftsempfehlungen für forstliches Vermehrungsgut für das Land Sachsen-Anhalt (57 S.) https://landeszentrumwald.sachsen-anhalt.de/fileadmin/Bibliothek/Politik_und_Verwaltung/MLU/Waldbau/Forstliches_Vermehrungsgut/Herkunftsempfehlungen/Herkunftsempfehlungen_Forstsaatgut.pdf	
Thüringen (TH)	Aug. 2018	Herkunftsempfehlungen für die Verwendung forstlichen Vermehrungsgutes im Freistaat Thüringen (142 S.) https://www.thueringenforst.de/fileadmin/user_upload/Download/Waldbesitzer/Herkunftsempfehlungen-Thueringen-ThueringenForst.pdf	

Berücksichtigte Arten

In der EU-RRL 1999/105 sind 47 Baumarten erfasst. Diese sind als Anhang 1 ins FoVG übernommen worden. Von den 47 Baumarten (einschließlich Hybridlärche und der Gattung Pappeln) sind 28 für den Wald und die Forstwirtschaft in Deutschland von Bedeutung. Für sie wurden Herkunftsgebiete ausgewiesen, in denen Ernteeinheiten als Ausgangsmaterial zur Erzeugung von forstlichem Vermehrungsgut zugelassen werden können (Tabelle 3). Die restlichen 19 Arten sind als für Deutschland nicht relevant gekennzeichnet, für die keine Herkunftsgebiete und somit auch keine Ernteeinheiten ausgewiesen werden. Zu letzteren zählen unter anderem Baumarten wie *Cedrus atlantica*, *C. libani*, *Fraxinus angustifolia*, *Quercus cerris* und *Q. pubescens*, die derzeit in Zusammenhang mit dem Klimawandel als Ersatz- oder Ergänzungsarten in Erwägung gezogen werden.

Die Liste der 28 Baumarten haben acht Bundesländer komplett übernommen. Wobei sich die Herkunftsempfehlungen von Sachsen bei der Sitka-Fichte auf den Hinweis beschränken, die Baumart sei für den Anbau im Freistaat nicht geeignet. Drei Bundesländern (Nordrhein-Westfalen, Rheinland-Pfalz und Sachsen-Anhalt) haben die Liste um eine Art, die Hybridlärche, und ein Bundesland (Mecklenburg-Vorpommern) um 2 Arten (Hybridlärche und Pappeln) reduziert.

Tabelle 3: Anzahl der dem FoVG unterliegende Baumarten in den Herkunftsempfehlungen der Bundesländer

Bundesland	FoVG	Lb	Nd	Nicht enthalten
Brandenburg	28	18	10	
Baden-Württemberg	28	18	10	
Bayern	28	18	10	
Hessen	28	18	10	
Mecklenburg-Vorpommern	26	17	9	Pappeln, Hybridlärche
Niedersachsen	28	18	10	
Nordrhein-Westfalen	27	18	9	Hybridlärche
Rheinland-Pfalz	27	18	9	Hybridlärche
Schleswig-Holstein	28	18	10	
Sachsen	27 (+1)	18	9 (+1)	(Sitka-Fichte, da nicht geeignet)
Sachsen-Anhalt	27	18	9	Hybridlärche
Thüringen	28	18	10	

Acht Bundesländer behandeln in den Herkunftsempfehlungen zusätzlich zwischen 7 und 19 nicht FoVG-Baumarten (Tabelle 4). Bei den zusätzlichen Baumarten handelt es sich um Feld-Ahorn (*Acer campestre* in HE, NI, RP, SH, SN, TH), Schindelborkige Hickory (*Carya ovata* in TH), Schwarznuss (*Juglans nigra*, HE, NI, NW, RP, SH), Walnuss (*Juglans regia* in HE, NI, NW, SH), Holz-Apfel (*Malus sylvestris* in HE, NI, RP, SH), Wild-Birne (*Pyrus pyraster* in HE, NI, RP, SH), Weiden (*Salix* spp. in NW), Mehlbeer (*Sorbus aria* in NW, RP), Vogelbeere (*S. aucuparia* in BW, HE, NI, RP, SH, SN), Speierling (*S. domestica* in BW, HE, NI, NW, RP, SH), Breitblättrige Mehlbeere (*S. latifolia* in TH), Elsbeere (*S. torminalis*, BW, HE, NI, NW, RP, SH, TH), Berg-Ulme (*Ulmus glabra* in BW, HE, NI, RP, SH, SN, TH), Flatter-Ulme (*U. laevis* in BW, HE, NI, NW, RP, SH, SN, TH), Feld-Ulme (*U. minor* in BW, HE, NI, RP, SH, TH), Hybridbirken (*Betula* xsp. in SH), Nordmanns-Tanne (*Abies nordmanniana* in NW), Edel-Tanne (*A. procera* in HE, NI, NW, RP, SH), Schimmel-Fichte (*Picea glauca* in SN), Serbische Fichte (*P. omorika* in HE, NI, SH), Latschen-Kiefer (*Pinus mugo* in SN), Rumelische Kiefer (*P. peuce* in SN), Weymouths-Kiefer (*P. strobus* in HE, NI, SH), Riesenmammutbaum (*Sequoiadendron*

giganteum in HE, NI, SH), Gewöhnliche Eibe (*Taxus bacata* in BW, HE, NI, NW, SH, SN, TH), Riesen-Lebensbaum (*Thuja plicata* in HE, NI, SH) und Westamerikanische Hemlocktanne (*Tsuga heterophylla* in HE, NI, SH). In den Herkunftsempfehlungen von vier Bundesländern (HE, NI, RP, SH) sind auch zwischen 6 und 23 Straucharten enthalten.

Tabelle 4: Anzahl an Baumarten und Sträuchern, die nicht den Regeln des FoVG unterliegen

Bundesland	Weitere BA	Lb	Nd	Sträucher
Brandenburg	-	-	-	
Baden-Württemberg	7	6	1	
Bayern	-	-	-	
Hessen	18	11	7	Sträucher (6)
Mecklenburg-Vorpommern	-	-	-	
Niedersachsen	18	11	7	Sträucher (6)
Nordrhein-Westfalen	10	7	3	
Rheinland-Pfalz	12	11	1	Sträucher (23)
Schleswig-Holstein	19	12	7	Sträucher (7)
Sachsen	8	4	4	
Sachsen-Anhalt	-	-	-	
Thüringen	8	7	1	

Gehölzarten, die nicht dem FoVG unterliegen und in eigenständigen Verordnung oder Erlassen geregelt sind, werden in der vorliegenden Gegenüberstellung nicht betrachtet. So hat z.B. Brandenburg im „Erlass zur Sicherung gebietsheimischer Herkünfte bei der Pflanzung von Gehölzen in der freien Natur“, der bei der Anlage von Waldrändern zu berücksichtigen ist, weitere Arten erfasst. Hierunter fallen Feld-Ahorn, Wild-Apfel, Traubenkirsche, Wild-Birne, 8 Weidenarten, Eberesche, Elsbeere, 4 Ulmen- und 16 Straucharten.

Rangfolge der Empfehlung

Die Herkunftsempfehlungen beinhalten auch eine Rangfolge des zu verwendenden Vermehrungsguts (Tabelle 5). Hierbei wird in sieben Empfehlungen Vermehrungsgut der Kategorie „Geprüft“ der Vorrang vor solchem der Kategorie „Qualifiziert“ und dem der Kategorie „Ausgewählt“ gegeben. Der Züchtungsfortschritt wird hierbei in den Vordergrund gestellt. Auch die nicht in Kraft getretenen Herkunftsempfehlungen von Schleswig-Holstein hätten diesen Vorrang enthalten.

Vier Bundesländer setzen auf das Örtliche. So heißt es in MV und ST, dass forstliches Vermehrungsgut zu nehmen ist, das aus dem Herkunftsgebiet stammt, in dem die Verjüngungsfläche liegt. In Nordrhein-Westfalen sollen Ursprungsort und Anbauort ähnliche Bedingungen aufweisen, und SN empfiehlt vorrangig Vermehrungsgut aus regional bewährtem Ausgangsmaterial.

Tabelle 5: Rangfolge der Empfehlung

Bundesland	Rangfolge der Empfehlung
Brandenburg	„Geprüft“ vor „Qualifiziert“ vor „Ausgewählt“
Baden-Württemberg	bevorzugt „Geprüft“ vor „Qualifiziert“ vor „Ausgewählt“, aber nicht zwingend
Bayern	„Geprüft“ vor „Qualifiziert“ vor „Ausgewählt“
Hessen	„Geprüft“ vor „Qualifiziert“ vor „Ausgewählt“
Mecklenburg-Vorpommern	fVG aus Herkunftsgebiet in dem Verjüngungsfläche liegt
Niedersachsen	„Geprüft“ vor „Qualifiziert“ vor „Ausgewählt“
Nordrhein-Westfalen	Ursprung und Anbau ähnliche Bedingungen
Rheinland-Pfalz	„Geprüft“ vor „Qualifiziert“ vor „Ausgewählt“
Schleswig-Holstein	möglichst hochwertiges fVG zur Anwendung bringen
Sachsen	vorrangig fVG aus regional bewährtem Ausgangsmaterial
Sachsen-Anhalt	fVG aus Herkunftsgebiet in dem Verjüngungsfläche liegt
Thüringen	„Geprüft“ vor „Qualifiziert“ vor „Ausgewählt“

Empfehlungseinheit

Hinsichtlich der Empfehlungseinheit gibt es eine hohe Übereinstimmung zwischen den Herkunftsempfehlungen der Bundesländer (Tabelle 6). Am häufigsten ist das Herkunftsgebiet auch die Einheit der Empfehlung. Dieses ist 10 Mal der Fall. In Bayern ist dies überwiegend der Fall, aber teilweise wird auch auf Wuchsgebiete zurückgegriffen. Sachsen gibt seine Empfehlungen für Wuchsgebiete/-bezirke. In Baden-Württemberg sind die Empfehlungseinheiten die ökologischen Grundeinheiten, die die Grundlage für die Herkunftsgebiete darstellen.

Tabelle 6: Zusammenstellung der Empfehlungseinheit

Bundesland	Empfehlungseinheit
Brandenburg	Herkunftsgebiet
Baden-Württemberg	Ökologische Grundeinheit
Bayern	Herkunftsgebiet, tw. auch Wuchsgebiet
Hessen	Herkunftsgebiet
Mecklenburg-Vorpommern	Herkunftsgebiet
Niedersachsen	Herkunftsgebiet
Nordrhein-Westfalen	Herkunftsgebiet
Rheinland-Pfalz	Herkunftsgebiet
Schleswig-Holstein	Herkunftsgebiet
Sachsen	Wuchsgebiet/-bezirk
Sachsen-Anhalt	Herkunftsgebiet
Thüringen	Herkunftsgebiet

Empfehlung Ersatz-/Austauschherkünfte

Sollte das empfohlene Vermehrungsgut nicht verfügbar sein, empfehlen die Länder die Verjüngungsmaßnahme zurückzustellen oder weisen Ersatz- bzw. Austauschherkünfte aus (Tabelle 7). Sechs Bundesländer (BB, BY, MV, SN, ST, TH) geben neben den empfohlenen Herkünften auch Ersatz-/Austauschherkünfte an. In Mecklenburg-Vorpommern ist dieses für 15 Baumarten der Fall. In Hessen und Niedersachsen gibt es bis zu sechs Ränge je Baumart. Dieses System war auch in den Herkunftsempfehlungen von Schleswig-Holstein vorgesehen, jedoch nur mit bis zu drei Rängen.

In Nordrhein-Westfalen werden nur bei drei Baumarten (Rot-Buche, Stiel-Eiche und Douglasie) und in Rheinland-Pfalz nur bei der Douglasie Ersatzherkünfte benannt. Baden-Württemberg empfiehlt ausschließlich gebietseigene Herkünfte und lässt keine Ersatzherkünfte zu.

Tabelle 7: Ersatz- bzw. Austauschherkünfte

Bundesland	Ersatz-/Austauschherkünfte
Brandenburg	empfohlen – Austauschherkünfte
Baden-Württemberg	gebietseigene Herkünfte, keine Ersatzherkünfte
Bayern	empfohlen - Ersatzherkünfte
Hessen	bis 6 Ränge je Baumart
Mecklenburg-Vorpommern	bevorzugte Herkunft –Ersatzherkünfte
Niedersachsen	bis 6 Ränge je Baumart
Nordrhein-Westfalen	empfohlen –Ersatzherkünfte (bei 3 Baumarten)
Rheinland-Pfalz	Empfohlen - Ersatzherkünfte (nur bei Douglasie)
Schleswig-Holstein	2 (3) Prioritäten je Baumart
Sachsen	empfohlen - Ersatzherkünfte
Sachsen-Anhalt	empfohlen - Austauschherkünfte
Thüringen	empfohlen - Ersatzherkünfte

Empfehlung ausländischer Herkünfte

In sechs Herkunftsempfehlungen sind unter den empfohlenen Arten auch Herkünfte aus dem Ausland, bei dem Ersatzherkünften sind es acht (Tabelle 8). Mit Ausnahme von Luxemburg sind aus allen an Deutschland angrenzenden Staaten Herkünfte in den Herkunftsempfehlungen zu finden. Darüber hinaus werden aber auch Herkünfte aus Ungarn (HU), der Slowakei (SK) und Rumänien (RO) sowie Kanada (CA) und den Vereinigten Staaten (US) empfohlen. Vier Bundesländer (BB, BW, MV, ST) empfehlen keine Herkünfte aus dem Ausland.

Mit Ausnahme von 3 Baumarten (Grau-Erle, Sommer-Linde, Pappeln) werden von 25 der 28 FoVG-Baumarten auch ausländische Herkünfte empfohlen. Die Herkunftsempfehlungen enthalten weiterhin von 9 nicht dem FoVG unterliegenden Arten ausländische Herkünfte. Es sind dieses: Schwarznuss, Walnuss, Elsbeere, Edel-Tanne, Weiß-Fichte, Serbische Fichte, Riesenmammutbaum, Riesen-Lebensbaum und Westamerikanische Hemlocktanne.

Tabelle 8: Länder aus denen fVG empfohlen bzw. als Ersatzherkunft aufgeführt ist

Bundesland	Empfohlen	Ersatz-/Austausch
Brandenburg	-	-
Baden-Württemberg	-	-
Bayern	DK, HU,	AT, FR
Hessen	-	HU, PL, SK
Mecklenburg-Vorpommern	-	-
Niedersachsen	BE, DK, NL, PL, RO, SK, US	BE, DK, HU, NL, PL, RO, SK, US
Nordrhein-Westfalen	BE	BE, FR, NL
Rheinland-Pfalz		BE, FR
Schleswig-Holstein	BE, CA, DK, FR, IT, US	CA, CH, DK, FR, RS, US
Sachsen	CA, US	CZ, SK
Sachsen-Anhalt	-	-
Thüringen	-	RO, SK

Schlussfolgerungen

Die Gegenüberstellung der Herkunftsempfehlungen zeigt eine hohe Variation bei den analysierten Attributen.

Die von vielen Bundesländern vorgenommene Erweiterung der Artenliste legt nahe, dass hier auch bei den nicht dem FoVG unterliegenden Gehölzarten Interesse an herkunftsgesichertem Vermehrungsgut besteht.

Bezüglich der Rangfolge der Empfehlungen zeigen sich zwei Ausrichtungen: (1) Die Mehrheit der Bundesländer (8 von 12) setzen die Ergebnisse der Herkunftsforschung und Forstpflanzenzüchtung gezielt um, in dem Vermehrungsgut der Kategorie „Geprüft“ der Vorrang vor solchem der Kategorie „Qualifiziert“ und dem der Kategorie „Ausgewählt“ gegeben wird. (2) Ein Drittel der Bundesländer favorisiert das „Örtliche“, in dem Vermehrungsgut zu verwenden ist, das aus dem Herkunftsgebiet stammt, in dem die Verjüngungsfläche liegt. Hier besteht noch ein Potenzial zur Steigerung der Leistungsfähigkeit der Wälder und damit der CO₂-Bindung.

In der Mehrzahl der Herkunftsempfehlungen (10 von 12) wird das für die Erzeugung von forstlichem Vermehrungsgut eingeführte Herkunftsgebiet auch in den Empfehlungen genutzt. Unter den regional unterschiedlichen Auswirkungen des Klimawandels wird man jedoch bei Baumarten mit wenigen (großen) Herkunftsgebieten bei einer Aktualisierung der Herkunftsempfehlungen an Grenzen stoßen. Eine Dynamisierung der Empfehlungen, das heißt eine schrittweise Verschiebung der Anbauggebiete, ist unter Beibehaltung der Herkunftsgebiete als Empfehlungseinheit nicht möglich.

Abhilfe könnten hier kleinere, für alle Baumarten identische Herkunftsgebiete (Erzeugungsgebiete), wie sie von LIESEBACH und SCHNECK (2016) vorgeschlagen werden, schaffen. Die Umkehrung, wie sie in den Herkunftsempfehlungen von Baden-Württemberg oder Sachsen erfolgen, die die Anbauggebiete über Ökologische Grundeinheiten bzw. Wuchsgebiete/-bezirke definieren, kann hier nur als ein aus einer Not geborener Kompromiss gewertet werden.

In jüngster Zeit wird auch von einer „Dynamisierung“ der Herkunftsempfehlungen gesprochen. Damit ist die Verschiebung von Anbauregionen zu verstehen. Auch für „dynamische“ Anbauempfehlungen sind kleinere (für alle Baumarten einheitliche) Herkunftsgebiete sinnvoll. Befürchtungen, die Herkunftsempfehlungen könnten laufend nach wenigen Jahren aktualisiert werden, dürften übertrieben

sein. Die Daten der Veröffentlichung der derzeit gültigen Herkunftsempfehlungen stehen einer raschen Folge von Neuauflagen entgegen.

Auch wenn mancherorts derzeit ein ungewohnter Aktionismus zu verzeichnen ist, dürfen die Standards der Herkunftssicherheit nicht gesenkt werden (WEZEL & REIS 2020). Sie sind auf alle Baumarten anzuwenden (KNICKREHM & PAUL 2020).

Zwei Drittel der Bundesländer (8 von 12) berücksichtigt in seinen Herkunftsempfehlungen auch forstliches Vermehrungsgut aus anderen EU-Staaten und Drittländern. Die vorangestellten Ausführungen geben die Ergebnisse der Analyse stark verkürzt wieder. Die Vielzahl der Länder täuscht, da häufig nur eine oder wenige Baumarten aus einem Land empfohlen werden. Ein Blick in das europäische Informationssystem über forstliches Vermehrungsgut FOREMATIS lässt hier durchaus weitere Empfehlungen erwarten.

Die Ergebnisse zahlreicher Herkunftsversuche, die bislang überwiegend zur Empfehlung von Ausgangsmaterial zur Erzeugung von Vermehrungsgut der Kategorie „Geprüft“ genutzt wurden, zeigen, dass auch ausländische Prüfgliedern unter anderen Standortbedingungen eine gute oder sogar bessere Wuchsleistung aufweisen.

Ein Grund für die Zurückhaltung in der Empfehlung ausländischer Herkünfte können Zweifel in der Herkunftssicherheit sein. Hier gilt es, die Kontrollsysteme zu verbessern.

Es bleibt auch zu überlegen, ob eine sprachliche Trennung zwischen dem Bereich der Produktion und dem Vertrieb von forstlichem Vermehrungsgut auf der einen Seite und dessen Verwendung auf der anderen Seite vollzogen werden soll. Derzeit wird der Begriff Herkunftsgebiet für beide Bereiche genutzt und umfasst neben Vermehrungsgut aus Beständen auch solches aus Samenplantagen oder von Familieneltern sowie Klone oder Klonmischungen. Die Komponenten einer Samenplantage stammen nicht zwingend aus einem Herkunftsgebiet. Die Ergebnisse des Verbundvorhabens FitForClim zeigen, dass sich die Zuchtzonen aller bearbeiteten Arten über mehrere Herkunftsgebiete erstrecken (z. B. LIEPE & LIESEBACH 2017, LIESEBACH et al. 2018, HARDTKE & STEINER 2020).

Bei Familieneltern und Klonen ist neben deren Zulassung und den Ausgangs-/Urpflanzen und den Produktionsflächen zu unterscheiden, die in unterschiedlichen Herkunftsgebieten liegen können. Hier sollte schon jetzt besser von Verwendungszonen/-gebieten gesprochen werden.

Eine Vereinheitlichung der Herkunftsempfehlungen kann insbesondere für Forstsaat- und Baumschulbetrieben, die über Bundeslandesgrenzen hinweg arbeiten, sowie Waldbesitzern nicht nur in Zeiten des Klimawandels hilfreich sein.

Literatur

- GERSTENGARBE F-W (2008) Der Klimawandel – Ursachen und Veränderungen. Gartower Gespräche. Eigenverlag: 12-22.
- GERSTENGARBE F-W, WELZER H (Hrsg.) (2013) Zwei Grad mehr in Deutschland. Wie der Klimawandel unseren Alltag verändern wird. Fischer Taschenbuch: 320 S.
- HARDTKE A, STEINER W (2020) Eichenplusbäume und deren Verwendung. Thünen Rep. 76: 9-22.
- HINRICHS T (2017) Forstliches Vermehrungsgut. Informationen für die Praxis. BLE/BZL 1164: 71 S.
- KNICKREHM U, PAUL A (202) Herkunftssicherheit beachten. AFZ-DerWald 75 (5): 41.
- KÖLLING C, 2007: Klimahüllen für 27 Waldbaumarten. AFZ-DerWald (23): 1242-1245.
- LIEPE K, LIESEBACH M (2017) Verwendungszonen für Vermehrungsgut von Douglasie auf Basis von Klimadaten und Herkunftsversuchen. Beiträge aus der NW-FVA (16): 39-54.
- LIESEBACH M, LIEPE KJ, SCHNECK V, VOTH W (2018): FitForClim – Forstpflanzenzüchtung im Klimawandel. Mitteilungen aus dem Forstlichen Versuchswesen Mecklenburg-Vorpommern 11: 42-48.
- LIESEBACH M, SCHNECK V (2016) Ist die Einteilung der forstlichen Herkunftsgebiete in Deutschland noch zeitgemäß? Thünen Rep 45, 15-20.

RAU H-M, BROCKHAUS R (1995) Die neue Verordnung über Herkunftsgebiete für forstliches Vermehrungsgut AFZ/Der Wald 50: 315-319.

SPELLMANN H, ALBERT M, SCHMIDT M, STUMÖLLER J, OVERBECK M (2011) Waldbauliche Anpassungsstrategien für veränderte Klimaverhältnisse. AFZ-DerWald 66 (11): 19-23.

WEZEL G, REIS J (2020) Tipps für eine erfolgreiche Pflanzung. AFZ-DerWald 75 (5): 34-36.

Autor

Dr. MIRKO LIESEBACH

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

mirko.liesebach@thuenen.de

Gründung der Expertengruppe Gehölzphysiologie

Gehölzphysiologen intensivieren Zusammenarbeit

Im Rahmen der 6. Sektionstagung Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung im DVFFA in Dresden (16.09.19) schlossen sich mehr als 30 Veranstaltungsteilnehmer zu einer Expertengruppe „Gehölzphysiologie“ zusammen. Hintergrund der Gründung ist unter anderem ein zunehmender Informationsbedarf zu den Grenzen der Anpassungskapazität einer Vielzahl von Baumarten unter sich ändernden Umweltbedingungen sowie der notwendige Informationsaustausch zwischen verschiedenen, zumeist hochspezialisierten Arbeitsgruppen.

Die Expertengruppe „Gehölzphysiologie“ bietet eine Plattform für die Zusammenarbeit zwischen Wissenschaftlern der Forstlichen Versuchsanstalten der Länder, Forschungseinrichtungen des Bundes und der Universitäten für die Grundlagen- und anwendungsorientierte Forschung vielfältiger Teildisziplinen der Gehölzphysiologie, unabhängig davon, ob die untersuchten Gehölze im Wald, in der Stadt oder im Obstbau verwendet werden. Ziel ist es vor allem, Kompetenzen und Infrastruktur zu bündeln, um beispielsweise forstgenetische Ergebnisse in Beziehung zu dem jeweiligen Phänotyp (Phenotypisierung) stellen zu können. Vor diesem Hintergrund sahen es die Teilnehmer des Treffens als besonders dringend an, Methoden und Versuchsansätze zu vereinheitlichen und ggf. zu standardisieren.

Die Initiatoren des Zusammenschlusses Prof. Dr. DORIS KRABEL (TU Dresden) und Prof. Dr. RALF KÄTZEL (LFE Eberswalde und HU Berlin) wurden als Sprecher der Expertengruppe gewählt. Als nächste Schritte sind eine Inventur der Forschungsressourcen zur Gehölzphysiologie in Deutschland und die Vorbereitung eines Workshops im Frühjahr 2020 geplant.



Teilnehmer und Teilnehmerinnen beim Gründungstreffen der Expertengruppe „Gehölzphysiologie“ in Dresden (Foto: M. LIESEBACH)



Aus dem Kreis der 86 Teilnehmerinnen und Teilnehmer der 6. Tagung der Sektion Forstgenetik / Forstpflanzenzüchtung im DVFFA vom 16. bis 18. September 2019 in Dresden wurde die folgende gemeinsame Erklärung verabschiedet:

Forstliches Vermehrungsgut für den Wald im Klimawandel

Anlass

Die Wälder und das Landschaftsbild werden sich in den nächsten Jahrzehnten stark ändern. Dies wird sich auch auf die Ökosystemdienstleistungen der Wälder auswirken. Die zunehmende Dynamik des Klimawandels und das sich erhöhende Schadensausmaß durch Sturm, Dürre und Schadorganismen fordern Waldbesitzende und Forstleute weit über das normale Maß. Selbst Baumarten, die als Hoffnungsträger für den Waldumbau gelten, bekommen zunehmend Probleme und fallen teilweise aus. Der Wald ist für die Gesellschaft von unschätzbarem Wert und von großer Bedeutung, was an seinen vielen Funktionen erkennbar wird: als Boden- und Wasserschützer, Luftfilter, CO₂-Speicher, Arten- und Biotopreservoir und Erholungsort sowie unverzichtbare Quelle nachwachsender Rohstoffe. Der Wald, den wir von unseren Vorfahren übernommen haben und den wir unseren Kindern intakt übergeben wollen, ist in Gefahr.

Ausmaß, räumliche und zeitliche Verteilung sowie Geschwindigkeit des Klimawandels werden die natürliche Anpassungsfähigkeit unserer Waldbestände vielerorts überfordern.

Forstleute und Waldbesitzende in Deutschland und ganz Europa bekommen die Auswirkungen des Klimawandels zunehmend unmittelbar zu spüren. Allein der immense Schadholzanfall in den Jahren 2017, 2018 und 2019 mit einer geschätzten Schadfläche von etwa 180.000 ha wird bei einer Wiederaufforstung mindestens 500 Millionen Forstpflanzen erfordern.

Handlungsbedarf

- **Überprüfung der Verjüngungsart**

Die BWI3 weist mit 85 % Flächenanteil die Naturverjüngung als die überwiegende Verjüngungsart im deutschen Wald aus. Vor dem Hintergrund des sich ändernden Klimas ist eine kritiklose Übernahme jeglicher Naturverjüngung kontraproduktiv. Auf einem großen Teil der Fläche sind der Pflanzung und der Saat unter Verwendung von hochwertigem, herkunftsgesichertem und besser klimaangepasstem Vermehrungsgut ein höherer Stellenwert beizumessen.

- **Baumarten- und Herkunftswahl**

Die Suche nach weiteren geeigneten Baumarten und Herkünften muss sowohl bei den heimischen Baumarten als auch bei nichtheimischen Baumarten verstärkt werden. Dies erfordert arbeits- und

zeitaufwendige Forschungsansätze. Zusätzliche Herkunftsversuche sind die Grundlage, um aus deren Ergebnissen fundierte Empfehlungen abzuleiten.

- **Forstgenetisches Monitoring und Erhaltung der genetischen Vielfalt**

Die mit Extremereignissen einhergehende Zunahme der Mortalität von Bäumen reduziert die genetische Vielfalt. Die Abschätzung der Risiken für die genetischen Prozesse in Wäldern bedarf der Überführung des genetischen Monitorings von der derzeitigen temporären Projektphase zu einer permanenten Aufgabe der forstlichen Umweltbeobachtung. Dem Verlust an genetischer Vielfalt entgegenzuwirken, erfordert gleichfalls verstärkte Anstrengungen zur Erhaltung forstgenetischer Ressourcen als Grundlage von Biodiversität und Züchtung.

- **Personalausstattung und Wissenserhalt**

In den letzten 30 Jahren ist die Zahl der bei den Landes- und Bundeseinrichtungen Beschäftigten sowie den Bildungseinrichtungen, die sich mit Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung befassen, auf etwa die Hälfte zurückgegangen. In manchen Bundesländern gibt es inzwischen keine hierfür zuständige Institution mehr. Herkunftsforschung und Forstpflanzenzüchtung sind jedoch Daueraufgaben, die kontinuierliche Bearbeitung und, aufgrund der langen Generationszyklen unserer Waldbaumarten, langfristige Versuchsansätze erfordern. Die verstärkte Forschung in Drittmittelprojekten ist keine Lösung, wenn nach Projektende die Erfahrungen des zeitlich befristet eingestellten Personals verloren gehen.

- **Versorgung mit Saat- und Pflanzgut**

Seit 2004 hat sich die Zahl der Forstbaumschulen etwa halbiert und die Anzuchtfläche von 2.600 ha um 800 ha auf etwa 1.800 ha verringert. Auch hier hat die Personalgewinnung und das Halten der Expertise zukünftig hohe Priorität. Die Verlagerung von Teilschritten ins Ausland macht die kontrollierte Anzucht schwierig. Zertifizierungssysteme müssen daher über Staatsgrenzen hinaus etabliert werden.

Dresden, 17.09.2019

Dr. MIRKO LIESEBACH und UTE TRÖBER

(Leitung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung)

Thünen Report

Bereits in dieser Reihe erschienene Hefte – *Volumes already published in this series*

1 - 55	siehe http://www.thuenen.de/de/infotehek/publikationen/thuenen-report/
56	Frank Offermann, Martin Banse, Florian Freund, Marlen Haß, Peter Kreins, Verena Laquai, Bernhard Osterburg, Janine Pelikan, Claus Rösemann, Petra Salamon Thünen-Baseline 2017 – 2027: Agrarökonomische Projektionen für Deutschland
57	Hans-Dieter Haenel, Claus Rösemann, Ulrich Dämmgen, Ulrike Döring, Sebastian Wulf, Brigitte Eurich-Menden, Annette Freibauer, Helmut Döhler, Carsten Schreiner, Bernhard Osterburg Calculations of gaseous and particulate emissions from German agriculture 1990 - 2016 Berechnung von gas- und partikelförmigen Emissionen aus der deutschen Landwirtschaft 1990 – 2016
58	Anja-Kristina Techen Reduzierung von landwirtschaftlichen Stickstoffeinträgen in Gewässer: die Wirksamkeit von Beratung am Beispiel der hessischen WRRL-Beratung
59	Katja Oehmichen, Susann Klatt, Kristin Gerber, Heino Polley, Steffi Röhling, Karsten Dunger Die alternativen WEHAM-Szenarien: Holzpräferenz, Naturschutzpräferenz und Trendfortschreibung Szenarienentwicklung, Ergebnisse und Analyse
60	Anne Margarian Strukturwandel in der Wissensökonomie: Eine Analyse von Branchen-, Lage- und Regionseffekten in Deutschland
61	Meike Hellmich Nachhaltiges Landmanagement vor dem Hintergrund des Klimawandels als Aufgabe der räumlichen Planung - Eine Evaluation im planerischen Mehrebenensystem an den Beispielen der Altmark und des Landkreises Lüchow-Dannenburgs -
62	Bernd Degen, Konstantin V. Krutovsky, Mirko Liesebach (eds.) German Russian Conference on Forest Genetics - Proceedings - Ahrensburg, 2017 November 21-23
63	Jutta Buschbom Exploring and validating statistical reliability in forensic conservation genetics
64	Anna Jacobs, Heinz Flessa, Axel Don, Arne Heidkamp, Roland Prietz, René Dechow, Andreas Gensior, Christopher Poeplau, Catharina Riggers, Florian Schneider, Bärbel Tiemeyer, Cora Vos, Mareille Wittnebel, Theresia Müller, Annelie Säurich, Andrea Fahrion-Nitschke, Sören Gebbert, Rayk Hopfstock, Angélica Jaconi, Hans Kolata, Maximilian Lorbeer, Johanna Schröder, Andreas Laggner, Christian Weiser, Annette Freibauer Landwirtschaftlich genutzte Böden in Deutschland – Ergebnisse der Bodenzustandserhebung
65	Jörn Sanders, Jürgen Heß (Hrsg.) Leistungen des ökologischen Landbaus für Umwelt und Gesellschaft
66	Patrick Küpper, Jan Cornelius Peters Entwicklung regionaler Disparitäten hinsichtlich Wirtschaftskraft, sozialer Lage sowie Daseinsvorsorge und Infrastruktur in Deutschland und seinen ländlichen Räumen



- 67 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 – 2017
Berechnung von gas- und partikelförmigen Emissionen aus der deutschen Landwirtschaft 1990 – 2017
- 68 Alexandra Purkus, Jan Lüdtkke, Georg Becher, Matthias Dieter, Dominik Jochem, Ralph Lehnen, Mirko Liesebach, Heino Polley, Sebastian Rüter, Jörg Schweinle, Holger Weimar, Johannes Welling
Evaluation der Charta für Holz 2.0: Methodische Grundlagen und Evaluationskonzept
- 69 Andreas Tietz
Bodengebundene Einkommensteuern in einer strukturschwachen ländlichen Gemeinde
- 71 Thomas Schmidt, Felicitas Schneider, Dominik Leverenz, Gerold Hafner
Lebensmittelabfälle in Deutschland – Baseline 2015 –
- 72 Friederike Mennicke, Martin Ohlmeyer, Vera Steckel, Jörg Hasener, Julia Borowka, Joachim Hasch
Entwicklung einer Prüfmethode für die schnelle Bestimmung von VOC aus Holzprodukten zur frühzeitigen Ableitung des langfristigen Emissionsverhaltens und Qualitätskontrolle bei der Herstellung von Holzwerkstoffen
- 73 Thomas Schmidt, Sandra Baumgardt, Antonia Blumenthal, Bernhard Burdick, Erika Claupein, Walter Dirksmeyer, Gerold Hafner, Kathrin Klockgether, Franziska Koch, Dominik Leverenz, Marianne Lörchner, Sabine Ludwig-Ohm, Linda Niepagenkemper, Karoline Owusu-Sekyere, Frank Waskow
Wege zur Reduzierung von Lebensmittelabfällen - Pathways to reduce food waste (REFOWAS)
Maßnahmen, Bewertungsrahmen und Analysewerkzeuge sowie zukunftsfähige Ansätze für einen nachhaltigen Umgang mit Lebensmitteln unter Einbindung sozio-ökologischer Innovationen - Volume 1
- 73 Thomas Schmidt, Sandra Baumgardt, Antonia Blumenthal, Bernhard Burdick, Erika Claupein, Walter Dirksmeyer, Gerold Hafner, Kathrin Klockgether, Franziska Koch, Dominik Leverenz, Marianne Lörchner, Sabine Ludwig-Ohm, Linda Niepagenkemper, Karoline Owusu-Sekyere, Frank Waskow
Wege zur Reduzierung von Lebensmittelabfällen - Pathways to reduce food waste (REFOWAS)
Maßnahmen, Bewertungsrahmen und Analysewerkzeuge sowie zukunftsfähige Ansätze für einen nachhaltigen Umgang mit Lebensmitteln unter Einbindung sozio-ökologischer Innovationen - Volume 2 (Anhang)
- 74 Jan T. Benthien, Susanne Gäckler, Martin Ohlmeyer
Entwicklung eines Verfahrens zur Bestimmung der Durchtrittbeständigkeit von Pferdebox-Ausfachungsbohlen sowie Entwicklung von Alternativen zu derzeit verwendeten Ausfachungsmaterialien für den Bau von Pferdeboxen
- 75 Sophie Drexler, Gabriele Broll, Axel Don, Heinz Flessa
Standorttypische Humusgehalte landwirtschaftlich genutzter Böden Deutschlands
- 76 Mirko Liesebach (ed.)
Forstpflanzenzüchtung für die Praxis : 6. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung vom 16. bis 18. September 2019 in Dresden : Tagungsband



THÜNEN

Thünen Report 76

Herausgeber/Redaktionsanschrift

Johann Heinrich von Thünen-Institut

Bundesallee 50

38116 Braunschweig

Germany

www.thuenen.de

ISBN 978-3-86576-209-2

